



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CEVADA IRRIGADA  
NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA**

**BRASÍLIA/DF  
MARÇO/2018**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CEVADA IRRIGADA  
NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**ORIENTADOR: FÁBIO GELAPE FALEIRO  
COORIENTADOR: RENATO FERNANDO AMABILE**

**TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA**

**PUBLICAÇÃO: 03/2018**

**BRASÍLIA/DF  
MARÇO/2018**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CEVADA IRRIGADA  
NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO  
EM AGRONOMIA DA FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA  
VETERINÁRIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, COMO PARTE DOS  
REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE DOUTOR EM  
AGRONOMIA, LINHA DE PESQUISA EM MELHORAMENTO VEGETAL.**

**APROVADA POR:**

---

Fábio Gelape Faleiro, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 739.634.706-82,  
fabio.faleiro@embrapa.br (Orientador)

---

Nara Oliveira Silva Souza, D.Sc., Universidade de Brasília, CPF: 033.300.726-36,  
narasouza@unb.br (Examinadora interna)

---

Carlos Roberto Spehar, Ph. D., Universidade de Brasília, CPF: 061.253.086-85,  
spehar@unb.br (Examinador interno)

---

Leo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF:  
737.004.440-, leo.carson@embrapa.br (Examinador externo)

---

Walter Quadros Ribeiro Júnior, Ph. D., Embrapa Cerrados, CPF: 906.075.388-72,  
walter.quadros@embrapa.br (Examinador externo)

**BRASÍLIA/DF, 13 de março de 2018.**

## FICHA CATALOGRÁFICA

---

A479c Sayd, Ricardo Meneses.

Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no Cerrado / Ricardo Meneses Sayd. – Brasília, 2017.

135 p. : il.

Orientação de Fábio Gelape Faleiro; coorientação de Renato Fernando Amabile.

Tese (Doutorado) – Universidade de Brasília / Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2017.

1. *Hordeum vulgare* L. 2. Variabilidade genética.

3. Recursos genéticos. 4. Herdabilidade. 5. Melhoramento genético.

I. Faleiro, Fábio Gelape. II. Amabile, Renato Fernando. III. Título.

---

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

SAYD, R. M. **Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2017, 135 p. Tese de Doutorado.

## CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Ricardo Meneses Sayd

TÍTULO DA TESE DE DOUTORADO: Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no Cerrado.

GRAU: Doutor ANO: 2018

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta tese de doutorado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada a fonte.

---

**Ricardo Meneses Sayd**

CPF: 012.657.211-90

AE 04, Lote I/J, Torre 3, ap 1307

Guará 2. Brasília/DF - Brasil

CEP: 71.070-640

Tel: (61) 98173-8890

ricardo\_sayd@hotmail.com

## AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, aos pioneiros agricultores por terem domesticado a cevada, proporcionando a todos nós a oportunidade de consumir essa bebida especial que é a cerveja.

Agradeço a minha filha Luísa por me proporcionar conhecer o maior amor que uma pessoa pode ter, além de ser a força que me move a ser uma pessoa melhor.

À minha mãe, que incondicionalmente esteve ao meu lado em todos os momentos e a quem devo responsabilizar por me encaminhar até aqui.

À Giselle, minha companheira, por quem tenho maior admiração, e por ter dedicado seu amor durante toda essa jornada.

Ao meu pai, por contribuir na construção do meu caráter, pelos conselhos, exemplos e direcionamento.

A minha irmã, que devota a família, me ensinou o valor do estudo e também participou ativamente na minha educação.

Ao meu irmão, que possui disciplina ímpar, e me inspirou por diversas vezes a seguir o caminho mais trabalhoso porém recompensador.

Minha afilhada Helena, por ser iluminada, e alegrar minha vida.

Ao Bernardo, por sempre me instigar em relação a ciência e pelo seu companheirismo.

Ao meu grande amigo e conselheiro, Renato Amabile, por acreditar em mim, me cobrar, me tutorar e proporcionar o convívio com a cultura da cevada.

Ao meu orientador Fábio Faleiro, por toda paciência na construção desse trabalho, sempre com palavras positivas incentivando e contribuindo com conhecimento ímpar.

Ao amigos e colaboradores Amilton da Silva Pires, Levi Botelho, Antônio Oliveira, Wanduir Siqueira e Pernambuco. Essa tese tem contribuição imprescindível do trabalho de vocês.

À equipe de trabalho e bagunça nomeados de desorientados (Ana Paula, Pedro Ivo, Felipe Brige, Mateus Santin e Adriano).

A toda equipe do Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados e, em especial ao João Batista dos Santos e, as amigas Kênia, Jamile e Susan pela ajuda com as análises dos marcadores genético-moleculares.

Aos professores da UnB José Ricardo Peixoto, Nara Souza, Michelle Vilela, Carlos Spehar, Ricardo Carmona e Marcio Pires pelos ensinamentos e dedicação durante essa longa jornada de aprendizado.

Aos meus amigos de longa data e às amizades construídas ao longo dessa jornada.

À São Jorge, meu protetor!

## RESUMO

A demanda por cultivares de cevada cervejeira adaptadas ao cultivo irrigado no Cerrado tem crescido de forma constante. Cultivares oriundas da região Sul do país têm sido introduzidas e avaliadas na região a fim de suprir essa demanda instantânea. Com o objetivo de fornecer melhores condições de cultivo ao sistema produtivo do Cerrado, esse trabalho propôs estimar os parâmetros genéticos em diferentes anos e locais a fim de subsidiar uma seleção criteriosa dos genótipos mais aptos a essas condições e analisar a variabilidade genética existente entre eles com base em dados agronômicos e moleculares. Primeiramente foram avaliadas seis características agronômicas (rendimento de grãos, classificação comercial de grãos, peso de mil sementes, altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento) de 113 genótipos de cevada cervejeira em dois ambientes no Cerrado do Distrito Federal com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos (valores de  $F$ , herdabilidade em sentido amplo, coeficiente de variação ambiental, genotípico e relativo e as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais). A partir dos dados desse primeiro trabalho, foram selecionados 69 genótipos utilizando as características avaliadas. Em um segundo momento, foram avaliados os parâmetros genéticos dos 69 genótipos considerando três anos de avaliações utilizando as mesmas características agronômicas com intuito de verificar a influência dos anos agrícolas no comportamento dos genótipos. Baseado nos dados obtidos nos cinco ensaios realizados, os genótipos foram selecionados por um método proposto pelo melhorista (Seleção Combinada) que foi comparado a quatro índices de seleção (índice livre de pesos e parâmetros, índice dos ganhos desejados, soma de ranks e genótipo-ideótipo). Foram gerados índices de frequência de seleção e os métodos foram comparados em relação ao ganho de seleção em % para cada experimento. Foram selecionados 20 genótipos de alto rendimento agronômico além de quatro genótipos a serem utilizados como genitores em blocos de cruzamentos por apresentarem uma ou duas características importantes para o melhoramento de cevada. Foram realizados estudos de diversidade genética agronômica e molecular dos 24 genótipos selecionados acrescidos de cinco cultivares de cevada recomendadas para o Cerrado. Os dados agronômicos foram obtidos em dois locais do Distrito Federal utilizando a distância de Mahalanobis. Para a análise de diversidade genética molecular os dados foram obtidos utilizando marcadores moleculares RAPD, SSR e ISSR. A partir dos dados obtidos foram gerados dendrogramas e gráficos de dispersão tanto para a diversidade agronômica como para os dados moleculares, possibilitando através das análises indicar os cruzamentos que possam ter maior efeito heterótico. Os resultados indicaram a

existência de variabilidade entre os acessos avaliados, assim como efeito da interação G x A tanto na comparação de locais como em anos. Os genótipos de origem colombiana mostraram-se mais aptos em relação aos demais. Verificou-se que é possível a seleção de acessos de cevada com alto rendimento e ciclo de espigamento precoce simultaneamente, fator decisivo no processo de escolha de genótipos a seguirem em futuros experimentos. No estudo de diversidade observou-se a baixa correlação entre as distâncias genéticas, e que os marcadores ISSR correlacionou-se positivamente com as distâncias agronômicas. É necessário a realização de estudo de diversidade complementar entre características agronômicas e marcadores moleculares para indicação dos melhores cruzamentos através de genótipos com a maior variabilidade possível.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., variabilidade, recursos genéticos, herdabilidade, marcadores moleculares.

## ABSTRACT

A demand for breeding barley cultivars adapted as irrigated Cerrado conditions is constant. Cultivars from the southern area of the country have been tested in the Cerrado region aiming to supply this immediate demand. With the purpose of providing better conditions for this production system, this work proposes to estimate genetic parameters in different years and environments in order to promote a careful selection of more suitable genotypes to these conditions and to analyze the existing genetic variability among them based on agronomic and molecular data. First, six agronomic characteristics (grain yield, plumpness kernel, thousand seed weight, plant height, lodging degree and days to heading) of 113 brewery barley genotypes were evaluated in two environments in the Cerrado of the Distrito Federal, focusing on estimating the genetic parameters (F values, heritability in broad sense, environmental, genotypic and relative variation coefficients). Based on the data from the first trial, 69 genotypes were selected based on the evaluated characteristics. In a second experiment, the genetic parameters of the 69 genotypes were evaluated considering three years of evaluations using the same agronomic characteristics. Based on the data obtained in the five experiments, the genotypes were selected by a method proposed by the breeder and compared to four selection indices (free index of weights and parameters, desired earnings index, rankings sum and genotype-ideotype) that served as basis for the accomplished selection. Frequency indices of selection were generated, and methods were compared to the selection gain for each experiment. Twenty genotypes of high agronomic yield were selected, as well as four genotypes to be used as parents in crossbred blocks since they presented one or two important traits for barley breeding. Genetic diversity studies were carried out for the 24 selected genotypes plus five barley cultivars recommended for the Cerrado, based on agronomic data from two locations in the Federal District, using Mahalanobis distance. For the analysis of molecular genetic diversity, the data was obtained using molecular markers RAPD, ISSR and SSR. From the obtained data were generated dendrograms and dispersion graphs for both agronomic diversity and for the molecular data, allowing, through the analysis, to indicate the crosses that could have greater heterotic effect. The results indicated the existence of variability among the accessions, as well as the interaction effect G x E in both location and year comparisons. The genotypes of Colombian origins were more apt in relation to the others. It was verified that the selection of accessions of barley with high yield and early breeding cycle simultaneously is possible, which is a decisive factor in the process

of choosing genotypes to survey in future experiments. The diversity study detected a low correlation between genetic distances, and that ISSR markers correlated positively with the agronomic distances. Based on the controls, ISSR markers were more efficient in quantifying variability in barley. It is necessary to carry out a study of complementary diversity between agronomic traits and molecular markers to indicate the best crosses through genotypes with the greater variability.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., variability, genetic resources, heritability, molecular markers.

## LISTA DE FIGURAS

### Capítulo II

Figura 1. Dados climatológicos médios de temperatura mínima (Tmin), temperatura média (Tmed), temperatura máxima (Tmax), umidade relativa do ar mínima (UmMin), umidade relativa do ar média (UmMed), umidade relativa do ar máxima (UmMax), velocidade do vento (VV) e precipitação pluviométrica (Prec.) anos de 2012, 2013 e 2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF..... 74

### Capítulo III

Figura 1. Gráfico de frequência de seleção dos 69 genótipos de cevada através de quatro índices de seleção em cinco ambientes. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF..... 94

### Capítulo IV

Figura 1. Dendrograma e gráfico de dispersão obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares RAPD. .... 113

Figura 2. Dendrograma e gráfico de dispersão obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares ISSR. .... 114

Figura 3. Dendrograma e gráfico de dispersão obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares SSR. .... 115

Figura 4. Dendrograma e gráfico de dispersão obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em características agronômicas avaliadas no ambiente CPAC. .... 116

Figura 5. Dendrograma e gráfico de dispersão obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em características agronômicas avaliadas no ambiente SPM..... 117

## LISTA DE TABELAS

### Capítulo I

- Tabela 1.** Análise de variância e parâmetros genéticos para rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), acamamento de plantas (Acam), ciclo de maturação (Ciclo), avaliados em 113 acessos de cevada nos ambientes CPAC e SPM..... 45
- Tabela 2.** Coeficientes de correlação (fenotípico, genotípico e ambiental) entre as características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), acamamento de plantas (Acam), ciclo de maturação (Ciclo) em 113 acessos de cevada nos ambientes CPAC e SPM..... 46
- Tabela 3.** Médias dos 113 acessos de cevada das características Rend, Class1, PMS, Altura, Acam e Ciclo do ambiente CPAC. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF..... 47
- Tabela 4.** Médias dos 113 acessos de cevada das características Rend, Class1, PMS, Altura, Acam e Ciclo do ambiente SPM. Embrapa Produtos e Mercado, Riacho Fundo, DF..... 49

### Capítulo II

- Tabela 1.** Resultados da análise química do solo da área experimental na profundidade de 0-10, 10-20, 20-30 e 30-40 cm nos anos de 2012, 2013 e 2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. .... 65
- Tabela 2.** Análise de variância, média e parâmetros genéticos das características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam), ciclo de espigamento (Ciclo), avaliadas em 69 acessos de cevada durante os anos 2012, 2013 e 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. .... 66
- Tabela 3.** Coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre os caracteres de rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) em 69 acessos de cevada durante os anos de 2012, 2013 e 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF..... 67

<b>Tabela 4.</b> Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2012 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	68
<b>Tabela 5.</b> Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2013 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	70
<b>Tabela 6.</b> Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	72

### Capítulo III

<b>Tabela 1.</b> Média de rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1) e acamamento (Acam) e país de origem (Origem) e número de fileira de grãos por espiga (NFG) de 69 genótipos cevada avaliados em cinco ambientes. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	90
<b>Tabela 2.</b> Estimativas de ganhos com a seleção (GS%), herdabilidade em sentido amplo ( $h^2$ ) e média dos 69 genótipos ( $X_0$ ) obtidos para seis caracteres por meio de cinco índices de seleção em cinco ambientes no Distrito Federal, nos anos agrícolas de 2012/2013/2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	92
<b>Tabela 3.</b> Média dos 21 genótipos selecionados por meio da Seleção Combinada (SC). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	93
<b>Tabela 4.</b> Número de genótipos selecionados pelos índices de seleção simultaneamente nos ambientes. ....	93
<b>Tabela 5.</b> Índice de coincidência entre os índices de seleção e a Seleção Combinada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.....	93

### Capítulo IV

**Tabela 1.** Genótipos de cevada utilizados para estudo de diversidade genética, país de origem (Origem) e número de fileira de grãos (NFG). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. .... 110

## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	x
LISTA DE TABELAS.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	2
2.1. A Cevada.....	2
2.2. A cevada no Brasil.....	6
2.3. Interação Genótipo x Ambiente.....	7
2.4. Parâmetros Genéticos.....	8
2.5. Índices de Seleção.....	11
2.6. Diversidade genética.....	13
2.7. Marcadores Moleculares.....	16
2.7.1. RAPD.....	17
2.7.2. ISSR.....	18
2.7.3. SSR.....	19
2.8. Recursos Genéticos e Melhoramento.....	20
3. OBJETIVOS.....	22
3.1. Objetivo Geral.....	22
3.2. Objetivos Específicos.....	22
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	22
CAPÍTULO I - PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS DE CEVADA DE ALTA PRODUTIVIDADE IRRIGADA NO CERRADO.....	35
1. RESUMO.....	35
AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF HIGH-YIELDING IRRIGATED BARLEY ACCESSIONS IN THE CERRADO.....	36
2. ABSTRACT.....	36
3. INTRODUÇÃO.....	37
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	38
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	39
6. CONCLUSÕES.....	44
7. TABELAS.....	45
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	51
CAPÍTULO II - PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO.....	54
1. RESUMO.....	54
GENETIC PARAMETERS AND AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF ELITE BARLEY GENOTYPES UNDER IRRIGATION IN THE SAVANNA.....	55

2. ABSTRACT.....	55
3. INTRODUÇÃO.....	56
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	57
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	58
6. CONCLUSÕES.....	64
7. TABELAS E FIGURAS.....	65
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75
CAPÍTULO III - COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO PARAMÉTRICOS E NÃO PARAMÉTRICOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CEVADA CERVEJEIRA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO .....	
1. RESUMO.....	78
COMPARISON OF PARAMETRIC AND NON-PARAMETRIC SELECTION INDICES IN GENETIC BREEDING OF MALTING BARLEY UNDER IRRIGATION IN THE BRAZILIAN SAVANNA .....	
ABSTRACT.....	79
2. INTRODUÇÃO.....	80
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	81
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	83
5. CONCLUSÕES.....	89
6. TABELAS E FIGURAS.....	90
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	95
CAPÍTULO IV - DIVERSIDADE GENÉTICA MOLECULAR E AGRONÔMICA ENTRE GENÓTIPOS DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO.....	
1. RESUMO.....	97
MOLECULAR AND AGRONOMIC GENETIC DIVERSITY BETWEEN BARLEY GENOTYPES UNDER IRRIGATION IN THE BRAZILIAN SAVANNA .....	
2. ABSTRACT.....	98
3. INTRODUÇÃO.....	99
4. MATERIAL E MÉTODOS .....	100
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	104
6. CONCLUSÕES.....	109
7. TABELAS E FIGURAS.....	110
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	118

## 1. INTRODUÇÃO

Espécie de importância mundial, a cevada por muito tempo se posiciona como quarto cereal mais produzido no mundo, atrás do milho, trigo e arroz (FAOSTAT, 2017). A proeminência da cevada pode ser constatada através da interpretação do nome dado ao seu gênero, *Hordeum*, que deriva da palavra pela qual os gladiadores romanos eram conhecidos, "hordearii" ou "homens da cevada", por comerem cevada para conseguir mais força e resistência nas lutas (PERCIVAL, 1921 apud ULLRICH, 2011).

No Brasil, principalmente cultivada na região Sul, cultivares adaptadas as condições irrigadas do Cerrado brasileiro são cada vez mais demandadas. A região do Cerrado brasileiro apresenta vantagens de produção em relação a região Sul, como ausência de dormência pós colheita, e sementes limpas, sem a presença de fungos (AMABILE, 2007), o que a torna uma opção interessante para a indústria e para os produtores no seu sistema de rotação e sucessão de culturas.

A espécie, *Hordeum vulgare* L., é uma gramínea e a espécie de grãos de cereais mais amplamente adaptada, com tolerância à climas secos, frios e a salinidade do solo. Tem demonstrado potencial agrônomo para as condições de Cerrado irrigado no decorrer dos últimos 30 anos. Na busca por fornecer ao produtor novas opções, que apresentem vantagens em relação às cultivares existentes, relativas à estabilidade produtiva e qualidade industrial, torna-se essencial estimar e interpretar os parâmetros genéticos em diferentes locais e anos. Dessa maneira, é possível ao melhorista, planejar de modo mais eficiente os métodos de condução experimental e seleção de genótipos estáveis e com a obtenção de ganhos genéticos para as condições experimentais específicas.

O uso de genótipos oriundos do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, possibilita ao programa de melhoramento da Embrapa Cerrados, incorporar à sua coleção de trabalho maior variabilidade genética, proporcionando futuramente que esses genótipos possam ser utilizados como genitores ou cultivares. O acréscimo de variabilidade a coleção de trabalho permite ao melhorista maior chance de solucionar os problemas a serem enfrentados.

A partir da análise dos parâmetros genéticos, genótipos estáveis e que possuam características agrônomicas ideais devem ser buscados pelos melhoristas. No entanto, há dificuldade na seleção de genótipos superiores pelo fato de os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria, apresentarem baixa herdabilidade e correlação entre si (CRUZ,

2013). Os índices de seleção são ferramentas que auxiliam o melhorista a realizar seleção simultânea de várias características de interesse, se utilizando ou não de parâmetros genéticos ou pesos econômicos.

Em geral, cultivares de cevada têm sido obtidas na maior parte dos programas de melhoramento, a partir de hibridações utilizando cultivares adaptadas cruzadas com linhagens selecionadas por cruzamentos entre parentais elite, o que pode acarretar em redução da variabilidade genética. Algumas características específicas podem ser incorporadas a partir de cruzamentos de cevadas silvestre e variedades locais em programas de retrocruzamento. Quantificar a variabilidade genética existente na coleção de trabalho é um passo relevante na indicação de futuros cruzamentos para obtenção de população segregante. O uso de marcadores moleculares tem sido cada vez mais utilizado para essa função como também no auxílio a seleção de genótipos em gerações precoces.

Estudo semelhante a esse foi desenvolvido por Amabile (2013), buscando quantificar a diversidade genética em relação as características morfoagronômicas, de qualidade malteira e em marcadores moleculares RAPD e também estimar parâmetros genéticos além de indicar os melhores cruzamentos com base em índices de seleção em 39 genótipos elite de cevada oriundos da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados.

Com o intuito de incorporar genótipos de alto rendimento agrônomico ao programa de melhoramento de cevada da Embrapa Cerrados, os passos seguidos nessa tese, como estimativa de parâmetros genéticos, uso dos índices de seleção e análise da diversidade genética, tornam-se fundamentais para o sucesso desse trabalho. O pioneirismo desse trabalho é notável e com méritos ao trabalho realizado por Monteiro (2012) ao caracterizar 435 acessos de cevada oriundos do BAG, o que nos permitiu dar continuidade as avaliações e seleções desses acessos. Os conhecimentos obtidos com a pesquisa gerarão subsídios para programas de melhoramento genético de cevada, que poderão propiciar ganhos quantitativos e qualitativos.

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1. A Cevada**

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) foi uma das primeiras plantas domesticadas pelo ser humano, logo que este trocou o modo de vida coletor e caçador e passou a cultivar a terra e criar animais há 12 mil anos (BADR et al., 1999). A migração de seres humanos carregando consigo suas sementes favoreceu a maior adaptação e diversificação deste cereal a novas áreas, que hoje podem ser encontradas por todo o globo (BOTHMER et al., 2003).

O centro de origem primário é a região do Crescente Fértil, que compreende, atualmente, a parte central de Israel, Oeste da Jordânia, Líbano, Síria, Sudeste da Turquia, Norte do Iraque e as montanhas de Zagros a oeste do Irã. O processo de dispersão desta espécie foi devido à grande capacidade de adaptação, fato este, que nos permite hoje encontrar esta gramínea nas condições de relevo e clima mais extremos existentes. Pode ser encontrada desde os limites do Círculo Polar Ártico, nos Altiplanos do Tibete a 4.600 m de altitude, até os climas áridos como o do deserto do Saara ou até mesmo nas planícies da Índia (BOTHMER et al., 2003).

Alguns pontos de discussão a respeito da origem da cevada podem ser resumidos em três tópicos: (1) a cevada de seis fileiras de grãos (hexástica) foi ocorrência de mutações independentes do alelo *Vrs1* (dística) em diferentes épocas em diferentes locais (KOMATSUDA et al., 2007); (2) é improvável que o Tibete seja o centro de origem da atual cevada cultivada (YANG et al., 2008); (3) as demais subespécies de cevada ou são descendentes da *Hordeum agriocrithon* ou da *Hordeum spontaneum*, ou então do cruzamento entre elas (LI et al., 2004).

Essa espécie, da família Poaceae, é anual e tem como características ser diploide ( $2n = 14$ ), autógama, hermafrodita e apresenta cleistogamia. É uma planta herbácea e a espiga pode ser de duas ou seis fileiras de grãos, pode ou não apresentar aristas, e as aristas podem ser lisas, ásperas ou semi-ásperas. O grão pode estar aderido à pálea e à lema ou não (cevada nua), de coloração variável e podem apresentar ráquila longa ou pequena. As folhas são verdes, alternas, compridas e largas. As bainhas envolvem o colmo por completo. A lígula e especialmente a aurícula permitem diferencia-la de outros cereais porque são glabras, abraçam o colmo e podem estar pigmentadas por antocianinas (DINIZ, 2007).

Pode ser classificada como de primavera ou de inverno. Essa classificação diz respeito a necessidade de vernalização (exposição a baixas temperaturas a fim de induzir a transição do estado vegetativo para o estado reprodutivo). A vernalização é uma proteção para que a planta não floresça durante o inverno. A redução da necessidade de vernalização possibilitou que a cevada se expandisse a regiões onde a semeadura de primavera é necessária (BOTHMER et al., 2003). Assim, uma das vantagens da cevada de primavera se dá por apresentar maior adaptação a diferentes ambientes. Por outro lado, a de inverno, nos países que apresentam condições climáticas favoráveis, é preferida devido a maior produtividade e qualidade de grãos. Na Alemanha, Reino Unido, outros países europeus e algumas regiões dos EUA cultivam preferencialmente a cevada do tipo de inverno. Em países como a Rússia, em que os períodos com temperaturas abaixo de zero são longos, é preferível o cultivo da cevada

de primavera devido ao ciclo mais curto. É o tipo predominantemente cultivado no Canadá, EUA, Rússia, Austrália, América do Sul e Escandinávia, sendo responsável pela maior parte da produção mundial (VERSTEGEN et al., 2014).

Em relação ao tipo de espiga, a dística (duas fileiras de grãos) é preferida para a produção de malte cervejeiro. Segundo Bowman et al. (2001), ela geralmente apresenta maiores valores para peso de mil sementes (PMS), teor de proteína levemente inferior e maior proporção de amido. A hexástica ou de seis fileiras de grãos, apresenta maior número de grãos por espiga, o que não necessariamente significa uma maior produtividade. Em geral, a dística perfilha mais que a hexástica, o que compensaria o menor número de grãos por espiga. Agronomicamente, a hexástica é mais interessante ao produtor devido à maior resistência ao acamamento, menor estatura e maior resistência as doenças foliares.

Na Europa, os tipos de espiga da cevada utilizados variam de acordo com a finalidade e a cultura do país. Na Alemanha, a cevada de inverno para fins forrageiros é quase totalmente hexástica, enquanto no Reino Unido majoritariamente dística. Na utilização cervejeira, países tradicionais em produção de cerveja como Alemanha, República Tcheca, Reino Unido e Polônia, o uso do tipo de inverno é exclusivamente dística, exceto na França, onde predomina a hexástica. Nos países em que se cultiva a cevada de primavera, a dística é preferida para fins cervejeiros. Porém, existem variações em alguns países como Noruega, Finlândia, Canadá e EUA que tradicionalmente cultivam a hexástica (VERSTEGEN et al., 2014).

Na América do Norte a cevada introduzida da Europa que melhor se adaptou às condições do novo continente foi a hexástica. Ocorreu uma migração nos EUA no sentido leste para oeste em decorrência da forte incidência de fusariose. Atualmente na região leste do país, a dística é preferida para fins de malteação. Programas de melhoramento nos EUA trabalham com variadas vertentes desse cereal, como a de inverno, primavera, dística, hexástica, malteira e não malteira, de acordo com a região.

Em geral, a preferência da indústria malteira por cultivares dísticas é evidente. Contudo, esforços vem sendo realizados por meio do melhoramento de plantas a fim de aproximar a cevada dística e hexástica em relação às características de qualidade de malte, assim como agronomicamente em relação à resistência a doenças. Inúmeros trabalhos foram relatados no Cerrado brasileiro, em que é demonstrado o potencial de cultivares hexásticas para as condições irrigadas em relação a produtividade de grãos e qualidade de malte (AMABILE & FALEIRO, 2014).

A cevada, devido a sua versatilidade, tem sido empregada com várias finalidades: como forrageiras anuais e como grãos para alimentação animal, grãos com alto teor de fibra solúvel para o consumo humano, além de grãos para produção de malte. Dentre os usos desse cereal, destaca-se a produção de malte pra produção de cerveja. Apesar de ser possível realizar a malteação de outros cereais, a grande maioria do malte produzido mundialmente é de cevada. Por isso, o termo malte é sinônimo de malte proveniente de cevada. Esse fato se deve às características deste grão que proporcionaram níveis ideais de amido, proteína e enzimas necessários para a malteação e posteriormente a mosturação. O grão ideal para a produção de malte cervejeiro deve conter entre 60% e 65% de amido e entre 10,5% e 13,5% de proteína (SCHWARZ & LI, 2011).

A maior quantidade desse grão produzido no mundo é destinada à alimentação animal, cerca de 75% da produção. Os grãos podem ser utilizados tanto na dieta de animais ruminantes como não ruminantes, aves e peixes, sendo tradicionalmente utilizada em países de clima temperado para animais como vacas leiteiras, ovinos e caprinos, suínos e aves (BLAKE et al., 2011). Em 2007, foi lançada a variedade “*Herald*” especificamente para alimentação de peixes (BREGITZER et al., 2007). Existem também cultivares desenvolvidas para alimentação bovina com maior rendimento de grãos, teor de proteína e quantidade de matéria seca. No entanto, nos Estados Unidos, a maior parte utilizada para este fim é proveniente da produção destinada para malte que não foi aprovada nos testes de qualidade. A cevada nua é preferencialmente utilizada na alimentação de aves e suínos devido ao maior teor proteico e por não apresentar casca aderida ao grão, fator este contribui para a diminuição da ocorrência de infecção nesses animais (BLAKE et al., 2011).

A utilização desse grão para o consumo humano é incompreendida por ter sido renegado pelas grandes indústrias apesar de seus atributos. Taylor (1918) relatou que ao longo dos anos, com o desenvolvimento socioeconômico dos países, a preferência de grãos para produção de pães passou da cevada ao centeio e do centeio ao trigo. Na contramão, com a maior importância dada às dietas ricas em fibra, baixas em gorduras saturadas e trans e rica em antioxidantes, a cevada reaparece como opção viável, juntamente com a aveia uma opção de alimento que previne doenças cardiovasculares através da redução do colesterol sérico. Novas cultivares de cevada têm sido desenvolvidas e selecionadas por meio de melhoramento com teores de fibra solúvel de duas a quatro vezes maiores que os de cultivares de aveia comercializadas (BAIK et al., 2011).

O consumo dessas cultivares com altos teores de fibra solúvel é tradicional nos países do sudeste asiático, principalmente na forma de sopa. O consumo também pode ser feito na

forma de flocos, sendo adicionado em pães, biscoitos, barras de cereal. A farinha é geralmente adicionada a receitas feitas a base de trigo como macarrão, massas e tortilhas (BAIK et al., 2011).

## **2.2. A cevada no Brasil**

A cevada chegou à América do Sul junto com as navegações de Cristóvão Colombo em sua segunda viagem em 1493. Na América do Sul, a data do primeiro cultivo não é precisa, no entanto, existem relatos da realza no Peru datados de 1580. Ainda, sua comercialização é descrita por Arias (1999) como comum na região do Chile em 1556.

No Brasil, segundo Arias (1999), os primeiros relatos que se tem conhecimento são de 1584: *“Frei Cardim relata o primeiro cultivo de cevada no território brasileiro, no atual estado de São Paulo e augura bom sucesso para esta cultura: “De menos de huma quarta de cevada que hum homem semeou no Campo de Piratininga, colheu sessenta e tantos alqueires, e, si os homens se dessem a esta grangearia, seria a terra muito rica e farta”*. Também Frei Vicente de Salvador dá notícias da extensão desta lavoura em regiões mais ao sul: *“...já estão fora da zona torrida, em 24° e mais; e assim a terra mui sadia, fresca e de boas águas, quanto a lavoura de trigo, que se dá alli muito e cevada”*”.

A primeira produção cervejeira foi trazida pela Companhia das Índias Ocidentais em 1640, sendo que a primeira fábrica de cerveja foi produzida na residência chamada “La Fontaine”, onde era fabricada uma cerveja encorpada, com cevada e açúcar. No entanto, a cevada utilizada nessa produção era importada e a produção foi encerrada em 1654 com a saída dos holandeses do Brasil. No século XIX, algumas cervejarias artesanais foram instaladas por imigrantes, mas apenas para consumo próprio (MORADO, 2009).

A partir de 1930, a cevada começa a ser cultivada comercialmente na região Sul do Brasil, onde está instalada até os dias atuais. Com esforços de melhoramento genético promovidos pelo governo brasileiro em 1976, com intuito de diminuir a importação desse cereal, iniciou-se o cultivo na região do Cerrado (AMABILE & FALEIRO, 2014).

Atualmente, o país produz cerca de 251.539 toneladas em uma área de 89.451 hectares, alcançando um rendimento de grãos de 2,81 t ha<sup>-1</sup> (FAOSTAT, 2017). Os principais Estados produtores são o Paraná e o Rio Grande do Sul, sob condições de sequeiro, com produtividades perto de 4.000 kg ha<sup>-1</sup>. A cevada produzida no Cerrado tem sido viável no sistema irrigado. Em condições experimentais, as produtividades no Cerrado superam os 9.000 kg ha<sup>-1</sup> (AMABILE et al., 2007). As condições da produção no Cerrado apresentam algumas vantagens agrônômicas em relação ao cultivo na região Sul, como a menor

incidência de fungos de solo que propicia a obtenção de sementes livres desses patógenos. Outra vantagem é a ausência do período de dormência, favorecendo economicamente o cultivo nessa região (AMABILE, 2007). Tanto no Sul como no Centro-Oeste a cultura é geralmente semeada durante os meses de maio e junho e colhida desde agosto até dezembro.

As maiores áreas são cultivadas com BRS Brau, BRS Elis e BRS Cauê. No entanto, as cultivares BRS Itanema, BRS Korbél e BRS Quaranta deverão substituir as atualmente cultivadas na região Sul do país (MINELLA, 2016). No Cerrado, o cultivo de cevada tem demanda crescente. As cultivares disponíveis para cultivo irrigado são: BRS 180, BRS 195, BRS Deméter, BRS Manduri, BRS Sampa, BRS Savanna (SILVA et al., 2000; BRS 195, 2006; AMABILE et al., 2008; MINELLA et al., 2009; MINELLA et al., 2011; AMABILE et al., 2013).

Recentes trabalhos vêm sendo desenvolvidos no Cerrado a fim de quantificar a variabilidade genética de acessos de cevada dos bancos de germoplasma com o objetivo de utilizar tais acessos na base de cruzamentos para continuar desenvolvendo novas cultivares mais adaptadas e com vantagens competitivas em relação às cultivares recomendadas atualmente (MONTEIRO, 2012; SAYD, 2014; SAYD et al., 2015; SAYD et al., 2017).

### **2.3. Interação Genótipo x Ambiente**

A interação genótipo x ambiente (G x A) é a alteração na performance relativa dos genótipos devido às diferenças de ambiente (BORÉM, 2001). No melhoramento genético, uma das decisões chave, se dá, ao definir as características de cultivares a serem obtidas e suas finalidades (BRADSHAW, 2017). Dentro dos programas de cevada, por exemplo, pode-se trabalhar com plantas em sistema irrigado ou sequeiro, em diferentes latitudes e altitudes, plantas dísticas ou hexásticas, com ciclo de primavera ou inverno, com finalidades malteiras ou não. Assim, um genótipo selecionado não poderia ser o melhor para todas as situações exemplificadas.

Com a modernização da agricultura, o ambiente tende a ser cada vez mais controlado, como a nutrição de plantas a partir de fertilizantes, controle de plantas daninhas, irrigação, etc. De outra forma, alguns fatores não podem ser controlados, tais como a chuva, a umidade relativa do ar, a temperatura do ar e do solo e a presença de patógenos. Dessa maneira, o que é possível de se estimar é o comportamento dos genótipos em diferentes condições experimentais (BRADSHAW, 2017).

A busca por genótipos de cevada mais estáveis para as condições de Cerrado irrigado pede a seleção daqueles com menor sensibilidade a interação G x A. Segundo Borém (2001),

se o objetivo é produzir uma cultivar altamente adaptada a um ambiente específico, deve priorizar situações de maior interação G x A. Quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e os ambientes maior relevância terá o estudo e o entendimento da interação G x A.

O ambiente pode variar em relação ao local (L) ou em relação ao ano agrícola (AN). Dessa maneira, podemos ter interações de genótipos em diferentes anos e localidades para a maioria das características agronômicas, podendo ocorrer interação G x L, G x AN e também G x L x AN. É comum que a interação G x AN seja de maior magnitude que a G x L, principalmente quando os locais estão situados em uma pequena região (BORÉM, 2001).

A interação G x A, na maioria das vezes, tem menor relevância para características monogênicas, locais mais homogêneos e espécies perenes se comparadas as características poligênicas, locais heterogêneos e espécies anuais.

Frey & Horner (1957), a fim de diminuir a interação G x A, recomendaram a subdivisão em quatro microrregiões do Estado de Iowa, EUA. Dessa forma, os testes de comparação entre cultivares de aveia obtiveram os melhores resultados na busca por genótipos estáveis e altamente adaptados. Essa ferramenta é muito utilizada quando as regiões são desuniformes e a interação G x A é de maior importância (BORÉM, 2001).

No Cerrado brasileiro, alguns estudos buscando quantificar a interação G x A em cevada foram realizados, como o estudo realizado por Sayd (2014) que analisou a interação G x L para dez características agronômicas avaliadas em 21 genótipos de cevada nua sob irrigação. Sayd (2011) verificou a interação do ambiente na qualidade malteira, em que diferentes épocas de semeadura afetaram o comportamento do teor de proteína, beta-glucanas e outras características malteiras em quatro cultivares com viés cervejeiro.

#### **2.4. Parâmetros Genéticos**

A estimação de parâmetros genéticos de características de interesse. Ela permite quantificar os diferentes efeitos genéticos, ambientais e também da interação genótipo x ambiente das características no fenótipo, além de quantificar a precisão e acurácia da avaliação fenotípica, a qual impacta diretamente na eficiência do processo de seleção e nos ganhos genéticos. Uma seleção eficiente não depende apenas da existência de variação genética entre os genótipos, mas também do controle e avaliação experimental para minimizar e quantificar os efeitos ambientais na expressão fenotípica das características de interesse (FALCONER & MACKAY, 1996). A obtenção das estimativas pode ser de primeira ordem (por meio dos componentes das médias) ou de segunda ordem (utilizando os componentes das variâncias).

Por meio das estimativas dos parâmetros genéticos de uma característica quantitativa, podem ser obtidas informações sobre a herdabilidade das características dos genótipos ou da população, as correlações entre as características avaliadas e também a existência ou não da interação G x A (RESENDE, 2002). As correlações possibilitam verificar a eficiência do uso da seleção indireta de uma característica geralmente de menor herdabilidade e consequentemente de menor eficiência na seleção, com base em outra característica de maior herdabilidade (RAMALHO, 2000).

Segundo Brewbaker (1964), a variação fenotípica total de uma característica é dada pela soma da variação ambiental e da variação genética, sendo esta originada dos efeitos aditivos e de dominância dos genes, além das interações gênicas. A variação genética, de acordo com Fisher (1918) pode ser dividida em três componentes: 1 - aditiva, em razão do efeito médio dos alelos; 2 - dominante, devido à interação entre os alelos do mesmo loco; 3 - epistática ou interativa, proveniente das interações entre alelos de locos distintos. Para efeitos de melhoramento, a parte aditiva é a mais relevante.

A herdabilidade é a razão entre a variância genética e a variância fenotípica. No sentido amplo, essa herdabilidade engloba todos os três segmentos da variação genética. Já no sentido restrito, apenas a variância aditiva é considerada. Em populações autógamas, como a cevada, onde a maior parte dos locos está em homozigose, a variância aditiva é responsável pela maior parte da variância genética (BORÉM & MIRANDA, 2005). Portanto, a estimativa da herdabilidade ampla para autógamas fornece informações relevantes para o melhoramento a respeito do efeito genético no fenótipo.

A herdabilidade é usualmente estimada a partir da análise de variância de uma população em um determinado ambiente. Portanto, é comum a ocorrência de variações associadas a estimativas da herdabilidade e de outros parâmetros genéticos. Para uma mesma característica, podem ser atribuídas estimativas de  $h^2$  variando dentro de uma grande faixa e pode ser afetada pelo efeito ambiental, modo de propagação da espécie, grau de endogamia e diversidade da população per se, unidade seletiva (indivíduo ou família), tamanho da amostra avaliada e da unidade experimental e, finalmente, pela precisão na condução do ensaio e coleta dos dados (BORÉM & MIRANDA, 2005). Ainda, de acordo com Stansfield (1974), valores de  $h^2$  acima de 0,5 podem ser considerados altos, valores entre 0,2 e 0,5 de média intensidade e menores que 0,2 podem ser classificados como de baixa herdabilidade.

Esforços recentes têm sido realizados pela Embrapa Cerrados e Universidade de Brasília com intuito de estimar a herdabilidade de características de interesse avaliadas nas condições irrigadas no Cerrado brasileiro, tanto em genótipos elite como em acessos do banco

de germoplasma de cevada (SAYD, 2014; AMABILE et al., 2015; SAYD et al., 2017). Outros trabalhos estimando herdabilidade de cevada foram realizados por Singh et al. (2008 e 2011) e Al-Tabbal et al. (2012) em características ligadas a produtividade de grãos. Aynewa et al. (2015) estimaram herdabilidade de características ligadas a qualidade malteira, Dyulgerova & Valcheva (2014) em linhagens duplo-haploides e Kumar et al., (2013) compararam herdabilidade entre os parentais e seus descendentes.

Valores de herdabilidade para a característica rendimento de grãos em cevada apresentam grande variação comparando diferentes experimentos. É, de maneira geral, uma característica que apresenta baixa herdabilidade e pode ser atribuída ao comportamento quantitativo dessa característica, devido ao maior efeito ambiental. Porém, em condições irrigadas no Cerrado, geralmente são obtidos elevados cálculos de  $h^2$  (>80%) devido à alta precisão com que são conduzidos os experimentos (SAYD, 2014; AMABILE et al., 2015; SAYD et al., 2017; MONTEIRO et al., 2018). Outros experimentos descreveram a herdabilidade variando de 0% a 93%, principalmente devido a mudança de ambiente (BOUZERZOUR & DEKHILI, 1995), e de 0% a 68% dentro do mesmo cruzamento devido a interação genótipo x local x ano (AL-YASSIN et al., 2005).

De maneira oposta ao rendimento de grãos, a classificação comercial de grãos apresenta com frequência, elevada  $h^2$  e pequena variação, podendo então ser mais facilmente transmitida aos seus descendentes. Tanto em experimentos realizados no Cerrado citados anteriormente como nos experimentos de Fox (2008), valores de herdabilidade acima de 89% foram reportados para a classificação de grãos.

Assim como a classificação de grãos, o peso de mil sementes, ciclo de espigamento e altura de plantas são características de elevada herdabilidade (ADDISU & SHUMET, 2015; YADAV et al., 2015). De outro modo, a característica acamamento de plantas tende a apresentar menores valores para esse parâmetro genético. Trata-se de um caráter muito influenciado pelo ambiente e de avaliação visual e portanto de menor acurácia (AMABILE & FALEIRO, 2014).

As correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais existentes entre as características são de extrema importância para definir as estratégias em um programa de melhoramento. Esse parâmetro, mede o nível de associação entre duas características ou uma medida da intensidade de variação conjunta entre essas características, podendo ser positiva ou negativa (RAMALHO et al., 2008). Quando elas são positivas, o aumento de um determinado caráter significa a ocorrência de aumento no caráter associado. Nas correlações negativas, o incremento de um caráter advém do detrimento de seu par correlacionado (STEEL &

TORRIE, 1980). A interpretação correta dessas correlações, favorecem a eficiência de obtenção dos objetivos desejados dentro de um programa de melhoramento.

No caso da cevada, em que correlações positivas e de média intensidade entre PMS e classificação de grãos geralmente ocorrem, o processo de avaliação dos genótipos pode ser beneficiado tornando-se mais ágil e barato, uma vez que a avaliação do PMS é realizada antes da classificação de grãos, e a avaliação de classificação é um processo que demanda muita mão de obra e tempo. Nesse caso, a seleção indireta para esses caracteres é, de fato, vantajosa.

O rendimento de grãos é afetado por inúmeras características. Para o melhoramento de cevada, é interessante que cultivares de ciclo precoce, porte baixo, elevada taxa de grãos de primeira classe e que não acamem estejam correlacionados positiva ou negativamente, dependendo da característica, com a produtividade.

## **2.5. Índices de Seleção**

Em programas de melhoramento, são realizadas avaliações de vários caracteres de interesse com o objetivo de se praticar a seleção simultânea deles. Neste aspecto, para que a seleção simultânea seja eficiente, as características devem ser correlacionadas e com elevada herdabilidade. Dessa forma, a linhagem selecionada deverá reunir uma série de atributos favoráveis capazes de superar a testemunha e, ao mesmo tempo, satisfazer às exigências do consumidor com relação à qualidade do produto (CRUZ, 2013).

A seleção de genótipos superiores, geralmente, apresenta alta complexidade devido ao fato dos caracteres agrônômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa (NOGUEIRA et al., 2012). Na maioria dos casos, essas características apresentam baixa herdabilidade e correlação entre si, fatores que dificultam ainda mais a seleção. Quando possível de se realizar, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta significativamente a probabilidade de êxito de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014).

O uso de índices de seleção é um método recomendado por melhoristas a fim de se obter ganhos adicionais através de seleções multivariadas de caracteres relevantes para o melhoramento (CAMERON, 1997). Os índices funcionam como um caráter adicional, resultante de uma combinação de diversas características sobre as quais se deseja obter respostas à seleção (SANTOS et al., 2007), permitindo melhorar diversas características simultaneamente, independentemente da existência ou não de correlação entre elas (CRUZ & REGAZZI, 2001). É a combinação linear de vários valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentra, num único valor, pontos positivos e negativos de cada genótipo para os

caracteres avaliados (CRUZ & CARNEIRO, 2006). Diferentes índices representam variadas alternativas e metodologias de seleção nos programas de melhoramento, e conseqüentemente, levam a diferentes ganhos percentuais em cada característica de interesse.

Existem diversas opções de índices de seleção na literatura, os quais podem ser divididos em índices lineares ou paramétricos e índices não lineares ou não paramétricos. O primeiro índice para o melhoramento de plantas foi proposto por Smith (1936). Hazel (1943) adaptou esse índice para a seleção de indivíduos em populações de animais. É um índice paramétrico onde se utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica, contando ainda, com a habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada característica.

Outro índice baseado nos parâmetros genéticos foi proposto por Pesek e Baker (1969), nomeado de “Ganhos Genéticos Desejados” das características. Esse índice foi proposto sem a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. O índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na definição do ganho desejado, com a limitação imposta pela constituição fenotípica e genotípica da população.

O índice proposto por Elston (1963), não paramétrico, pode ser aplicado tanto em fases iniciais de programas de melhoramento, quanto nas etapas finais, por permitir a fixação de valores críticos, abaixo dos quais os genótipos são descartados. O índice multiplicativo possibilita que sejam selecionados aproximadamente os mesmos genótipos que seriam pelo emprego de índice linear, com a vantagem de prescindir da atribuição de pesos aos caracteres e de estimativas de variâncias e covariâncias, o que torna sua aplicação mais fácil, em relação aos índices lineares ou paramétricos (GARCIA, 1998).

Outro índice não paramétrico, a Soma de Rankings, proposto por Mulamba & Mock (1978), consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (ranks), por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Em seguida, os valores atribuídos a cada característica são somados, para se obter a soma de ranking em que se define a classificação final dos genótipos (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

O índice Genótipo-Ideótipo (CRUZ, 2006), não paramétrico, é obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Os índices obtidos são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica. É possível ainda, definir valores ótimos assim como o valor mínimo ideal para seleção de cada característica.

O uso de índices de seleção com a seleção direta permitem verificar que a utilização destes como critério de seleção propicia resultados relativamente vantajosos considerando os ganhos em todas as características de interesse. De modo geral, o uso dos índices de seleção propicia um menor ganho direto sobre determinada característica, contudo tal redução é compensada pelos ganhos favoráveis obtidos nos demais caracteres. Desse modo, o melhorista consegue selecionar genótipos mais competitivos em todos os aspectos mais rapidamente (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Em programas de melhoramento de cevada, o uso de índices de seleção tem sido preconizado com diferentes objetivos. Dyulgerova & Valcheva (2013) compararam os índices de Elston (1963), Pesek e Baker (1986), Mulamba e Mock (1978) e Wehner (1982) em 22 linhagens duplo haploides de cevada cervejeira, avaliando seis características de qualidade. Foram estabelecidas as correlações entre os índices e dentre as seis características avaliadas, foram selecionadas as quatro de maior relevância. A partir desses dados foram selecionadas quatro linhagens com aptidão malteira e ao mesmo tempo de alta produtividade. Amabile et al. (2013) utilizaram o índice de Elston (1963) para características morfoagronômicas e o genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006) para características de qualidade malteira a fim de selecionar genótipos superiores e indicar cruzamentos promissores dentre 30 genótipos elite, sob condições irrigadas, oriundos da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados. Em outras linhas de pesquisa, Jaradat et al. (2004), empregaram o uso de índices para a avaliação de genótipos em solos com alta salinidade. Omrani et al. (2008) compararam índices de seleção para condições de estresse e não estresse de nitrogênio em 49 linhagens recombinantes em geração F13.

## **2.6. Diversidade genética**

Os recursos genéticos compõem relevantemente a biodiversidade, tendo sido usados através do homem para o desenvolvimento sustentável da agricultura e produção de alimentos (GOEDERT, 2007). É necessário, para estimar a diversidade dos recursos genéticos de um banco de germoplasma, que esses sejam caracterizados e avaliados (BUENO et al., 2001). Assim como a avaliação, o processo de caracterização da coleção de germoplasma tem uma aplicação estratégica na valoração dos recursos genéticos, além de proporcionarem dados básicos que são necessários aos programas de melhoramento (CASTELLEN et al., 2007).

O entendimento da diversidade genética dos recursos genéticos é subsídio fundamental na escolha de genitores assim como no planejamento de um programa de melhoramento. A

caracterização dos recursos genéticos é a base para os estudos de diversidade e pode ser realizada baseada em aspectos morfológicos, fisiológicos, agronômicos e dados de *pedigree*. Como ferramenta auxiliar a essa avaliação, estão os marcadores moleculares, isoenzimáticos e baseados no DNA, que dependendo da facilidade e disponibilidade de recursos em sua utilização, podem facilitar a indicação de cruzamentos em blocos de cruzamentos no intuito de potencializar o efeito heterótico e a complementariedade gênica esperada (FALEIRO, 2007).

Através dos trabalhos de caracterização e diversidade genética, é possível avaliar: (1) o grau de divergência entre grupos de acessos; (2) o comportamento genotípico em diferentes ambientes; (3) o desempenho genotípico baseado na combinação linear de caracteres econômicos; (4) a identificação e seleção de acessos divergentes a serem usados como genitores; (5) a correlação entre a divergência genética, a heterose e a diversidade de origem geográfica (PIASSI et al., 1995).

O primeiro passo em estudo de diversidade é a obtenção dos dados de acordo com a finalidade, seja molecular, agronômica, fisiológica, entre outros grupos de características. O segundo passo é analisar os dados para a estimativa de índices de similaridade ou de distância genética.

Os coeficientes de similaridade ou dissimilaridade mais empregados nos estudos de diversidade geralmente são correlacionados e transformáveis entre si, podendo assim serem utilizados para a mesma finalidade. São eles: distância euclidiana, distância euclidiana média, distância euclidiana padronizada, distância euclidiana média padronizada, quadrado da distância euclidiana, quadrado da distância euclidiana padronizada, distância generalizada de Mahalanobis  $D^2$ , Mahalanobis padronizada (CRUZ, 2006), coeficiente de Pearson (VICINI, 2005), coeficiente de similaridade de Nei & Li (NEI & LI, 1979), Sneath & Sokal (1973) e Gower (1971), entre vários outros.

Utilizando-se os índices, obtêm-se uma matriz de distâncias entre os acessos, que é a base para as análises de agrupamento e de dispersão dos acessos. As análises de agrupamento são, em geral, baseadas em métodos hierárquicos. Dentre os diferentes critérios de agrupamento que podem ser utilizados, estão os dos vizinhos mais próximos (*single linkage*), vizinhos mais distantes (*complete linkage*) e baseados nas médias das distâncias (*unweighted pair-group method using arithmetic average*) e os de otimização como o método de Tocher (CRUZ & REGAZZI, 2001) com vantagens e desvantagens entre eles (FALEIRO, 2011).

Para a análise de dispersão dos acessos, o método mais utilizado é aquele baseado em escalas multidimensionais por meio das coordenadas principais (PCDA – principal

coordinates analysis) (GOWER, 1966). A escolha entre tantos métodos depende de vários fatores, entre eles a decorrência da precisão desejada, da facilidade das análises e da maneira como os dados serão obtidos.

A cevada é considerada uma espécie de ampla variabilidade (BAIK & ULRICH, 2008). No entanto, quando consideramos as cultivares empregadas nos cultivos comerciais e os genótipos utilizados nos programas de melhoramento, essa variabilidade é estreita devido aos parâmetros de qualidade e estrutura de plantas desejáveis de maneira similar em diferentes programas de melhoramento. Dessa maneira, para que se possa selecionar os genitores adaptados às condições ambientais locais e ao mesmo tempo com qualidade industrial e ainda que sejam os mais diversos possíveis geneticamente, para a obtenção de população com maior variabilidade possível, as avaliações de diversidade mostram-se fundamentais.

O estudo conjunto de diversidade genética vem sendo realizado em cevada por muitos pesquisadores (MANJUNATHA et al., 2007; SHAKHATREH et al., 2010; AMABILE et al., 2013; TONDELLI et al., 2013; EBRAHIM et al., 2015), com a intenção de quantificar a variabilidade existente tanto dentro das coleções de trabalho, como em relação a verificação do estreitamento da base genética das cultivares comerciais com o decorrer dos anos.

Outros trabalhos também vinculados à diversidade genética são realizados com marcadores moleculares como SSR e SNPs a fim de auxiliar a identificar a estrutura populacional dentro de pequenas populações (BENGTSSON et al., 2017; MISGANAW et al., 2017). Pesquisas de diversidade de recursos genéticos de cevada a nível mundial (MALYSHEVA-OTTO et al., 2006), europeus (ROSTOKS et al. 2006), americano (HAMBLIN et al., 2010) e nórdicos (RAJALA et al., 2017) propõem que a cevada cultivada tem um nível claro de estrutura populacional com subpopulações principais causadas por diferenças no tipo de espiga (dística e hexástica) e hábito de crescimento sazonal (inverno e primavera).

Em cevada nua, estudos para quantificar a variabilidade foram publicados por Yu et al. (2002), Yang et al. (2010). No Cerrado brasileiro, Monteiro (2012) realizou a caracterização morfológica e agrônômica da variabilidade de um conjunto de acessos de cevada, incluindo alguns de cevada nua do banco de germoplasma mantido na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Sayd et al. (2015) complementaram o trabalho de Monteiro e quantificaram a variabilidade genética molecular utilizando marcadores RAPD, observando a existência de grande variabilidade molecular entre os 21 acessos.

## 2.7. Marcadores Moleculares

Grandes avanços genéticos foram possíveis de ser alcançados nos programas de melhoramento principalmente devido ao uso sistemático de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar na geração de dados em larga escala, de maneira ágil, sem influência ambiental e a um custo menor que avaliações fenotípicas. Desse modo, os marcadores moleculares firmam-se como estratégias sólidas para auxiliar o melhoramento genético (GUIMARÃES et al., 2009).

Os marcadores podem ser classificados em grupos de acordo com tipo de sequência utilizada: 1 - Marcadores baseados em sequência arbitrária de nucleotídeos (RAPD - *Randomly Amplified Polymorphic DNAs*, DAF - *DNA Amplification Finger-printing*, AP-PCR - *Arbitrary-primed PCR*, ISSR - *Inter Simple Sequence Repeat*); 2 - Marcadores baseados em sequências específicas de nucleotídeos (SCAR - *Sequence-characterized Amplified Regions*, STS - *Sequence-tagged Sites*, SSR - *Short Sequence Repeat Markers*, COS - *Conserved Orthologous Sequence*, ITP - *Intron-targeting Polymorphism*, IMP - *Inter-MITE Polymorphism*); 3 - Existem também marcadores que se utilizam da combinação de sequências específicas e arbitrárias e também de primers compostos pelos dois tipos de sequências (SINGH & SINGH, 2015).

Dentre os marcadores, a escolha deve se dar por fatores como o objetivo do estudo, disponibilidade de infraestrutura, equipe treinada e recursos financeiros, e do nível de conhecimento de genética molecular da espécie a ser estudada. Os marcadores moleculares podem ser dominantes ou co-dominantes, sendo estes mais informativos considerando que diferenciam o loco em homozigose do loco em heterozigose. Entre os marcadores moleculares dominantes, destacam-se o AFLP, ISSR e RAPD. As isoenzimas, RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e SSR, dentre outros, compõem o grupo dos marcadores do tipo codominantes (FALEIRO, 2007).

Existem várias aplicações práticas dos marcadores moleculares desde a caracterização dos recursos genéticos até as etapas finais de seleção e recombinação das plantas (FALEIRO, 2011). Tais marcadores têm como características principais a obtenção de 'fingerprints' (impressões digitais) genômicos de indivíduos, variedades e populações, a análise estrutural e diversidade genética em populações de melhoramento e bancos de germoplasma, o estabelecimento de relacionamentos filogenéticos entre diferentes espécies, a construção de mapas genéticos de alta cobertura genômica e a localização de genes de interesse econômico, entre outras aplicações (FALEIRO, 2007; FALEIRO, 2011).

Em cevada, o uso de marcadores foi primeiramente utilizado por pesquisadores da comunidade internacional de pesquisa que produziram um dos primeiros mapas genéticos completos da espécie (GRANER et al., 1991; HEUN et al., 1991; KLEINHOFES et al., 1993) e também de mapeamento de locos de características quantitativas (QTL) (HAYES et al., 1993; THOMAS et al., 1995).

Ainda, sua aplicabilidade foi constatada em várias vertentes do melhoramento de cevada como: mapeamento de QTL (EDWARDS et al., 2007; WANG et al., 2012), estudos de diversidade genética (AMABILE et al., 2013; EBRAHIM et al., 2015), de estruturas populacionais (MISGANAW et al., 2017), e análises filogenéticas e comparativas de genômica (WHITKUS et al., 1992). Na seleção de plantas, os marcadores são utilizados a partir de F2 na seleção assistida por marcadores, como também na seleção recorrente assistida por marcadores (BERNARDO & CHARCOSSET, 2006), como também na seleção genômica ampla (MASSMAN et al., 2013).

### **2.7.1. RAPD**

A técnica do RAPD desenvolvida por Williams et al. (1990) e Welsh & McClelland (1990), baseia-se na detecção de polimorfismo de DNA amplificado ao acaso, usando-se oligonucleotídeos decâmeros de sequência aleatória. Em comparação com RFLPs, a técnica RAPD tem a vantagem de exigir pequenas quantidades de DNA (5-20 ng), triagem rápida de polimorfismos, geração de grande número de marcadores para mapeamento genômico e automação do processo (ROMANO & BRASILEIRO, 1999). O mapeamento de marcadores RAPD na cevada foi utilizado para marcar os genes resistentes à mancha de cevada (KUTCHER et al., 1996; MOLNAR et al., 2000) e vírus do nanismo amarelo da cevada (WANG & ZHANG, 1996; ZHANG et al., 2001). Estudos buscando identificar a diversidade genética molecular de genótipos elite de cevada utilizando marcadores RAPD foram realizados por Amabile et al. (2014) e em genótipos de cevada nua oriundos do banco de germoplasma por Sayd et al. (2015). As principais deficiências relatadas desse marcador são, o baixo conteúdo de informação por loco por ser um marcador dominante; além da baixa reprodutibilidade das marcas que pode ser afetada por vários fatores como a proporção da concentração do iniciador para o modelo, a temperatura de anelamento e a concentração de  $Mg^{2+}$  (WILLIAMS et al., 1990). Além disso, alguma falha pode ocorrer na amplificação devido a erros experimentais. A fraca reprodutibilidade desse marcador provavelmente foi o que limitou sua maior aplicação entre os pesquisadores, apesar de suas outras grandes vantagens em relação aos demais marcadores (BABU et al., 2014).

No entanto, para espécies com baixo valor de polimorfismo intraespecífico, como a cevada cultivada, o RAPD tem se mostrado muito útil ao longo dos anos para determinadas análises. Matsui et al. (2001) obtiveram satisfatórios resultados com esse marcador para análises de macho-esterelidade em cevada através de retrocruzamentos. Estudos de *fingerprints* com RAPD mostraram-se eficientes para diferenciar ecótipos desse cereal (KARIM et al., 2010).

Recentemente, marcadores RAPD continuam sendo utilizados com sucesso com a finalidade de detectar variabilidade genética entre grupos genômicos de *Hordeum vulgare* L, mesmo com o desenvolvimento de marcadores mais modernos (SIPAHİ et al., 2010; BAKHT et al., 2011; GUASMI et al., 2012; DRINE et al., 2016).

### **2.7.2. ISSR**

Desenvolvidos por Zietkiewicz et al. (1994) e Gupta et al. (1994), os ISSR são fragmentos de DNA de 100 a 3.000 pb amplificados via PCR usando um único iniciador (16 a 20 pb) construído a partir de sequência de microssatélites. Sua utilização envolve extração de DNA, amplificação via PCR, eletroforese para separação dos fragmentos obtidos e visualização do polimorfismo utilizando coloração. Apresenta vantagens como a geração de grande número de bandas informativas por reação, e o fato de não haver necessidade de conhecimento prévio de dados de sequência de DNA para a construção do primer utilizado (FALEIRO, 2007). A dominância do marcador é sua principal desvantagem (ZIETKIEWICZ et al., 1994), pois limita a informação não permitindo atribuir genótipo para os locos.

Segundo Sood & Babu (2016), marcadores ISSR podem ser utilizados para a primeira avaliação da diversidade genética em espécies onde os microssatélites ainda não foram desenvolvidos. Salimath et al. (1995) utilizaram ISSRs para gênero *Eleusine* e encontraram uma técnica promissora para análise de diversidade, incluindo a diferenciação de acessos dentro da mesma espécie. Foram ainda utilizados marcadores RAPD e RFLP, para identificação de 22 acessos pertencentes a 5 espécies. Os autores observaram que os marcadores ISSR foram os que melhor quantificaram a diversidade e melhor diferenciaram cada acesso.

Em cevada, inúmeros estudos sobre diversidade genética foram realizados com esse marcador. Marcadores RAPD e ISSR foram utilizados para a análise da diversidade de oito cultivares de diferentes regiões (úmidas e áridas), sugerindo que os marcadores ISSR foram mais eficientes que os RAPDs (DRINE et al., 2016). Yorgancılar et al. (2017) caracterizaram molecularmente e compararam, utilizando 14 primers ISSR, 35 linhagens (nuas e com casca)

oriundas de cruzamentos dialélicos com duas cultivares locais além de uma cultivar de cevada nua e de um acesso da espécie *Hordeum spontaneum*. Segundo Akladiou & Abbas (2014), marcadores ISSR têm sido eficientemente utilizados na identificação de genótipos tolerantes as condições de estresse a seca por inúmeros programas de melhoramento.

### 2.7.3. SSR

Os marcadores microssatélites são sequências curtas (1 a 6 pb), repetidas em *tandem*, distribuídas aleatoriamente no genoma (FALEIRO, 2007). Apresentam elevada frequência e estão distribuídos ao acaso, possibilitando uma eficiente cobertura de qualquer genoma eucarioto.

Para a utilização dos marcadores SSR, é necessário, a amplificação dos microssatélites via PCR, utilizando-se primers específicos (de 20 a 25 pb) para as regiões do DNA que flanqueiam os microssatélites. Desse modo, para a obtenção dos marcadores microssatélites, primeiramente, deve-se desenvolver iniciadores específicos para a espécie em estudo, o que restringe, na maioria das vezes, o uso para apenas aquela espécie. Para tal desenvolvimento, é necessária a construção de bibliotecas genômicas, seleção e sequenciamento dos clones positivos e desenho dos primers (FALEIRO, 2007).

Tais marcadores apresentam como suas principais vantagens em relação aos demais: a) alta frequência em genomas de plantas; b) codominantes, apresentando altos níveis de informatividade; c) multialélicos, detectando múltiplas formas alélicas por marcador; e d) tecnologia semiautomatizada, possibilitando maior confiança no processamento de geração dos dados (BRONDANI et al., 2003).

Segundo Misganaw et al. (2017), os marcadores SSR são preferencialmente utilizados em cevada para estudos de diversidade genética, pelo fato de apresentar alta taxa de polimorfismo e ser codominante.

Os primeiros a desenvolver marcadores SSR para cevada foram Shagai Maroof et al. (1994) e Becker & Heun (1995). Ramsay et al. (2000) desenvolveram 535 primers SSR com a finalidade de caracterizar molecularmente diferentes populações e obter mapas de ligação para cevada, que foram utilizados no estudo de Wang et al. (2010) e Hadado et al. (2010). Muitos foram os estudos que utilizaram marcadores SSR em cevada para estudos de diversidade genética (FENG et al., 2006; MESZAROS et al., 2007; ZHANG et al., 2007). Esses marcadores são utilizados também para seleção assistida associada resistência a doenças e qualidade de malte (DABA, 2015) e para distinguir cultivares próximas fenotipicamente (MANIFESTO et al., 1999).

## 2.8. Recursos Genéticos e Melhoramento

A variabilidade genética é a base de qualquer programa de melhoramento genético. Os recursos genéticos são a matéria-prima necessária para que ele aconteça. A busca por genótipos que possam ser úteis aos objetivos do programa é constante e dinâmica. Grande variabilidade pode ser encontrada para a maioria das espécies, entretanto, apesar da elevada variabilidade genética existente, os acessos disponíveis nos bancos brasileiros são pouco utilizados pelos programas de melhoramento (FERREIRA, 2008).

A baixa utilização dessa variabilidade dá-se por alguns motivos, entre eles: a) falta de documentação e descrição adequadas das coleções de germoplasma; b) falta de avaliação das coleções de germoplasma; c) pouca disponibilidade de sementes, em razão dos programas de regeneração inadequados; d) adaptação restrita dos acessos; e) falta de informações demandadas pelos melhoristas; f) genótipos-elite contêm variabilidade genética mínima suficiente para atender aos melhoristas; g) troca de materiais entre melhoristas (FERREIRA, 2008).

Devido às citadas dificuldades, os programas de melhoramento são executados com certas limitações e preferências, procurando alcançar objetivos de maneira mais ágil. O resultado tem sido a obtenção de cultivares com base genética estreita, poucos materiais com potencial para atender as grandes demandas do mercado, muitas vezes não adaptadas às condições ambientais (FERREIRA, 2008).

Na contramão desse cenário, a utilização eficiente dos recursos genéticos em programas de melhoramento tem servido principalmente como fonte de resistência a doenças em várias espécies domesticadas. Geralmente, as características de resistência a doenças são incorporadas às plantas por meio de metodologias do melhoramento como os retrocruzamentos. Em cevada, a doença causada pelo fungo *Fusarium* spp. nos grãos da planta, gera grandes prejuízos aos produtores. Não existem atualmente variedades comerciais resistentes a esta doença. Segundo Horsley & Harvey (2011), genótipos de origem chinesa da região da Manchúria, oriundos do banco de germoplasma (Institute of Crop Germplasm Resources), apresentam alguma tolerância a essa doença. No entanto, tais genótipos não possuem características agronômicas e de qualidade de malte adequadas às exigências da indústria. Um longo trabalho de melhoramento vem sendo realizado pela North Dakota State University buscando encontrar genótipos comercialmente competitivos e com resistência a fusariose, que é a doença que gera o maior prejuízo para a cultura.

Os bancos de germoplasma ao redor do mundo são responsáveis por manter essa diversidade, e possuem por volta de 466 mil acessos. Os cinco maiores bancos estão alocados no Canadá (Plant Gene Resources of Canada), Estados Unidos (National Small Grains Germplasm Research Facility), Brasil (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia), Mundial – vários países (International Centre for Agricultural Research in Dry Areas) e Japão (National Institute of Agrobiological Sciences) e representam 32% de todo recurso genético de cevada armazenado (SATO et al., 2014). Nos quatro maiores bancos, existem consideráveis duplicações entre os acessos conservados, principalmente em relação às cultivares. De acordo com o inventário da Global Crop Diversity Trust 2008, 8.850 cultivares estão duplicadas em 43.000 acessos. Dos 50.000 acessos de variedades autóctones, 61% (30.500) não tem duplicação e entre as 23.700 linhagens melhoradas 71% são únicas.

No Brasil, trabalhos pioneiros utilizando os recursos genéticos de cevada existentes no banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia foram iniciados por Monteiro (2012) a fim de caracterizar agronomicamente e quantificar a variabilidade existente. A cevada é uma das culturas que possuem maior quantidade de acessos no banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (29.227). Dentre esses acessos, Monteiro caracterizou 435, utilizando como critério de seleção, aqueles que possuíam pelo menos 5 mil sementes viáveis.

A partir do trabalho de Monteiro, foi possível iniciar um trabalho de seleção dos genótipos que apresentaram maior potencial agrônômico para as condições irrigadas do Cerrado. Partindo dos 435 acessos testados, foram selecionados 113 genótipos que demonstraram rendimento estimado de grãos acima dos 5.000 kg ha<sup>-1</sup>. Sayd et al. (2017) estimaram parâmetros genéticos desses 113 genótipos em dois ambientes irrigados no Distrito Federal. A partir dos resultados obtidos, novas seleções foram realizadas a fim de chegar a um número ideal para realização de estudos de diversidade a nível molecular e posteriormente os genótipos mais promissores e diversos entre si incorporados as coleções de trabalho da Embrapa Cerrados.

Em uma outra linha de trabalho, Sayd et al. (2015) realizaram estudo de diversidade molecular de 21 genótipos de cevada nua com viés para alimentação humana a partir dos acessos caracterizados por Monteiro (2012). Esses esforços vêm sendo realizados com o intuito de fornecer mais uma opção aos produtores da região para diversificar o sistema produtivo e fornecer ao consumidor final, devido a demanda existente, fontes de alimentos ricos em fibras.

Nos programas de melhoramento ao redor do mundo, segundo Ordon et al. (2005), devido aos esforços empreendidos principalmente com a utilização de seleção de populações segregantes através do método *pedigree* e variações, o crescimento para a característica rendimento de grãos tem sido da ordem de 1% ao ano. Outros estudos apontam tendência de mudanças para algumas características ao decorrer dos anos, como altura de plantas. Cultivares de porte baixo têm sido buscadas e desenvolvidas, especialmente com a fixação do gene do nanismo *sdw1*, e por consequência, diminuindo o grau de acamamento das lavouras. Quando se trata de qualidade malteira, o maior objetivo de um programa de cevada é, em geral, aumentar o teor de extrato de malte, o que tem ocorrido ao longo dos anos, tanto em cevada de duas fileiras de grãos, como também na hexástica (GRAUSGRUBER et al., 2002; MACAULAY et al., 2004).

### **3. OBJETIVOS**

#### **3.1. Objetivo Geral**

Estimar parâmetros genéticos de características agronômicas e selecionar os acessos mais promissores dentre os acessos elite de cevada irrigada visando explorar mais eficientemente a variabilidade genética existente e permitir o desenvolvimento de variedades mais produtivas, adaptadas e estáveis nas condições edafoclimáticas irrigadas do Cerrado.

#### **3.2. Objetivos Específicos**

- 1) Estimar parâmetros genéticos em diferentes locais e caracterizar o desempenho agronômico de 113 acessos de cevada;
- 2) Estimar parâmetros genéticos em diferentes anos e caracterizar o desempenho agronômico de 69 acessos de cevada;
- 3) Selecionar os genótipos mais promissores em diferentes ambientes nas condições do Cerrado utilizando diferentes índices de seleção;
- 4) Analisar de forma conjunta e complementar a variabilidade genética dos acessos de cevada baseada em características moleculares e agronômicas a fim de proporcionar o aumento da eficiência do programa de melhoramento da cevada irrigada no Cerrado.

### **4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

ADDISU, A.; SHUMET, T. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in Ethiopia. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 9, p. 68-76, 2015.

AKLADIOUS, S. A.; ABBAS, S. M. Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers and some physiological attributes of barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes to drought and potassium nutrition. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 24, n. 2, p. 620-633, 2014.

AL-TABBAL, J. A.; AL-FRAIHAT, A. H. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. **Journal of Agricultural Science**, v. 4, n. 3, p. 193-210, 2012.

AL-YASSIN, A.; GRANDO, S.; KAFAWIN, O.; TELL, A.; CECCARELLI, S. Heritability estimates in contrasting environments as influenced by the adaptation level of barley germplasm. **Annals of Applied Biology**, v. 147, p. 235-244, 2005.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; PEIXOTO, J. R.; SAYD, R. M.; Estimation of genetic parameters, phenotypic, genotypic and environmental correlations on barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under irrigation conditions in the Brazilian savanna. **Interciencia**, v. 40, p. 255-262, 2015.

AMABILE, R. F. Cevada: um exemplo de cultura alternativa para o sistema irrigado do Cerrado. In: FALEIRO, G. F.; SOUSA, E. dos S. de (Ed.). **Pesquisa, desenvolvimento e inovação para o Cerrado**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p. 69-72, 2007.

AMABILE, R. F.; CAPETTINI, F.; FALEIRO, F. G. BRS Savanna: New six-rowed malting barley cultivar for irrigated crops in the Brazilian Savanna. **Crop Breeding and applied Biotechnology**, v. 13, n. 2, p. 160-163, 2013.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G. **A cevada irrigada no Cerrado: estado da arte, recursos genéticos e melhoramento**. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 127 p.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; ARAÚJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, Á. Á. do N.; GUERRA, A. F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação de introduções de linhagens de cevada industriais de coleções nacionais e internacionais, em sistema irrigado In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, p. 379-394, 2007.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

ARIAS, G. N. **Cevada, uma alternativa de inverno**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. Comunicado Técnico Online, 11. Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_co11.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co11.htm)> Acesso em: 08 Abr. 2017.

AYNEWA, Y.; DESSALEGN, T.; BAYU, W. Correlation and Genetic Variability Estimate of Malt Barley (*Hordeum vulgare* L.). **International Journal of Advanced Research in Biological Sciences**, v. 2, p. 79-85, 2015.

BABU, B. K.; PANDEY, D.; AGRAWAL, P. K.; SOOD, S.; KUMAR, A. In-silico mining, type and frequency analysis of genic microsatellites of finger millet (*Eleusine coracana* L. Gaertn.): a comparative genomic analysis of NBS–LRR regions of finger millet with rice. **Molecular Biology Reports**, v. 41, n. 5, p. 3081-3090, 2014.

BADR, A.; MÜLLER, K.; SCHÄFER-PREGL, R.; EL RABEY, H.; EFFGEN, S.; IBRAHIM, H. H.; POZZI, C.; ROHDE, W.; SALAMINI, F. On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare* L.). **Molecular Biology and Evolution**, p. 499-510, 1999.

BAIK, B. K.; ULLRICH S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.

BAIK, B.; NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. Food uses of barley. **Barley: Production, Improvement, and Uses**, 2011. p. 532-562.

BAKHT, J.; GHAFAR, M.; SHAFI, M.; KHAN, S.; LATIF, B. Determination of genetic diversity of different barley genotypes grown in Khyber Pakhtun Khwa province using RAPD markers. **Pakistan Journal of Botany**, v. 43, n. 5, p. 2491-2495, 2011.

BECKER, J.; HEUN, M. Barley microsatellites: allele variation and mapping. **Plant Molecular Biology**, v. 27, n. 4, p. 835-845, 1995.

BENGTSSON, T.; MANNINEN, O.; JAHOOOR, A.; ORABI, J. Genetic diversity, population structure and linkage disequilibrium in Nordic spring barley (*Hordeum vulgare* L. subsp. *vulgare*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, p. 1-13, 2017.

BERNARDO, R.; CHARCOSSET, A. Usefulness of gene information in marker-assisted recurrent selection: a simulation appraisal. **Crop Science**, v. 46, n. 2, p. 614-621, 2006.

BLAKE, T.; BLAKE, V. C.; BOWMAN, J. G.; ABDEL-HALEEM, H. Barley feed uses and quality improvement. **Barley: Production, Improvement and Uses**, 2011. p. 522-531.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 525 p.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3 ed. Viçosa: UFV. 2001. 500 p.

BOTHMER, R.; SATO, K.; KOMATSUDA, T.; YASUDA, S.; FISCHBECK, G. The domestication of cultivated barley. In: **Diversity Barley**, 2003. p. 9-27.

BOUZERZOUR, H.; DEKHILI, M. Heritabilities, gains from selection and genetic correlations for grain yield of barley grown in two contrasting environments. **Field Crops Research**, v. 41, p. 173-178, 1995.

BOWMAN, J. G. P.; BLAKE, T. K.; SURBER, L. M. M.; HABERNICHT, D. K.; BOCKELMAN, H. Feed-quality variation in the barley core collection of the USDA National Small Grains Collection. **Crop Science**, v. 41, n. 3, p. 863-870, 2001.

BRADSHAW, J. E. Plant breeding: past, present and future. **Euphytica**, v. 213, n. 3, p. 60, 2017.

BREGITZER, P.; RABOY, V.; OBERT, D. E.; WINDES, J. M.; WHITMORE, J. C. Registration of Herald barley. **Crop Science**, v. 47, p. 441-442, 2007.

BREWBAKER, J. L. **Agricultural genetics**. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1964. 156 p.

BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. Utilização de marcadores moleculares em programas de ampliação da base genética de espécies cultivadas. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão. 2003 n. 21, 16p. **(Comunicado Técnico)**.

BRS 195: primeira cultivar de cevada cervejeira de porte anão para o Cerrado em cultivo irrigado. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados; Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2006. 1 folder.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001. 282 p.

CAMERON, N. D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. CAB international, 1997. 203 p.

CASTELLEN, M. S.; LEDO, C. A. S.; OLIVEIRA, E. J.; MONTEIRO FILHO, L. S.; DANTAS, J. L. L. Caracterização de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão por meio de análise multivariada. **Magistra**, v. 19, n. 4, p. 299-303, 2007.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

DABA, S. D. **Genetic diversity and genome-wide association mapping of agronomic, disease resistance, and quality traits in barley accessions from Ethiopia, ICARDA, and the US**. 2015. 171 f. Tese de Doutorado. North Dakota State University, 2015.

DINIZ, L. T. **Efeito da adubação nitrogenada, via fertirrigação, no nitrogênio da biomassa microbiana do solo e na qualidade de grãos de cevada**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2007. 102 f. Dissertação de Mestrado, 2007.

DRINE, S.; GUASMI, F.; ALI, S. B.; TRIKI, T.; BOUSSORRA, F.; FERCHICHI, A. Genetic diversity analysis of different barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes from arid and humid regions using ISSR and RAPD markers. **Journal of New Sciences**, v. 34, artigo 2, 2016. Disponível em: <http://www.jnsciences.org/agri-biotech/49-volume-34/265-genetic->

diversity-analysis-of-different-barley-hordeum-vulgare-l-genotypes-from-arid-and-humid-regions-using-issr-and-rapd-markers.html

DYULGEROVA, B.; VALCHEVA, D. Evaluation of double haploid lines of winter malting barley using selection indices. **Agricultural Science & Technology**, v. 5, n. 4, p. 384-387, 2013.

DYULGEROVA, B.; VALCHEVA, D. Heritability, Variance Components and Genetic Advance of Yield and Some Yield Related Traits in Barley Doubled Haploid Lines. **Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences**, v. 1, p. 614-617, 2014.

EBRAHIM, S.; SHIFERAW, E.; HAILU, F. Evaluation of genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L.) from Wollo high land areas using agromorphological traits and hordein. **African Journal of Biotechnology**, v. 14, n. 22, p. 1886-1896, 2015.

EDWARDS, D.; FORSTER, J. W.; CHAGNÉ, D.; BATLEY, J. What Are SNPs? In N. C. ORAGUZIE; E. H. A. RIKKERINK; S. E. GARDINER; H. N. DE SILVA (Eds.). **Association Mapping in Plants**. Springer Science Business Media, LLC., 233 Spring Street, New York, NY 10013, USA. 2007. p. 41-52.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FALEIRO, F. G. **Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal**. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JÚNIOR, F. B. (Ed.). **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. p. 55-118.

FALEIRO, F. G.; **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jun. 2017.

FENG, Z. Y.; XIAN-JUN, L.; ZHANG, Y. Z.; HONG-QING, L. Genetic diversity analysis of Tibetan wild barley using SSR markers. **Acta Genetica Sinica**, v. 33, n. 10, p. 917-928, 2006.

FERREIRA, D. E. Análise de variância multivariada. In: FERREIRA, D. E. (Ed.). **Estatística multivariada**. Lavras, MG: UFLA, 2008. 662 p.

FERREIRA, M. L. Genotipagem de coleções de germoplasma vegetal. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. de; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. (Ed.). **Pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento: estratégias e desafios**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. p. 75-89.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Earth and Environmental Science Transactions of the Royal Society of Edinburgh**, v. 52, n. 2, p. 399-433, 1918.

FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. 2008. 179 f. Tese de doutorado - Southern Cross University. Lismore, Austrália, 2008.

GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 112 f. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Esalq – USP, 1998.

GOEDERT, C. O. **Histórico e avanços em recursos genéticos no Brasil**. Recursos genéticos vegetais. Brasília: Embrapa, 2007. 37 p.

GOWER, J. C. Some distance properties of latent root and vector methods used in multivariate analysis. **Biometrika**, London, v. 53, p. 325-338, 1966.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Washington, v. 27, p. 857-874, 1971.

GRANER, A.; JAHOOOR, A.; SCHONDELMAIER, J.; SIEDLER, H.; PILLEN, K.; FISCHBECK, G.; WENZEL, G.; HERRMANN, R. G. Construction of an RFLP map of barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 83, n. 2, p. 250-256, 1991.

GRAUSGRUBER, H.; BOINTNER, H.; TUMPOLD, R.; RUCKENBAUER, P.; FISCHBECK, G. Genetic improvement of agronomic and qualitative traits of spring barley. **Plant Breeding**, v. 121, n. 5, p. 411-416, 2002.

GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. D.; LANZA, M.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, v. 30, n. 253, p. 86-95, 2009.

GUPTA, M.; CHYI, Y. S.; ROMERO-SEVERSON, J.; OWEN, J. L. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 998-1006, 1994.

GUASMI, F.; ELFALLEH, W.; HANNACHI, H.; FÈRES, K.; TOUIL, L.; MARZOUGUI, N.; TRIKI, T.; FERCHICHI, A. The use of ISSR and RAPD markers for genetic diversity among South Tunisian barley. **International Scholarly Research Network Agronomy**, 2012. Disponível em: <<http://www.isrn.com/journals/agronomy/2012/952196/>>.

HADADO, T. T.; RAU, D.; BITOCCHI, E.; PAPA, R. Adaptation and diversity along an altitudinal gradient in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces revealed by molecular analysis. **BMC Plant Biology**, v. 10, n. 1, p. 121, 2010.

HAMBLIN, M. T.; CLOSE, T. J.; BHAT, P. R.; CHAO, S.; KLING, J. G.; ABRAHAM, K. J.; HAYES, P. M. Population structure and linkage disequilibrium in US barley germplasm: implications for association mapping. **Crop Science**, v. 50, n. 2, p. 556-566, 2010.

HAYES, P. M.; BLAKE, T.; CHEN, T. H.; TRAGOONRUNG, S.; CHEN, F.; PAN, A.; LIU, B. Quantitative trait loci on barley (*Hordeum vulgare* L.) chromosome 7 associated with components of winterhardiness. **Genome**, v. 36, n. 1, p. 66-71, 1993.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

HEUN, M.; KENNEDY, A. E.; ANDERSON, J. A.; LAPITAN, N. L. V.; SORRELLS, M. E.; TANKSLEY, S. D. Construction of a restriction fragment length polymorphism map for barley (*Hordeum vulgare*). **Genome**, v. 34, n. 3, p. 437-447, 1991.

FREY, K. J.; HORNER, T. Heritability in standard units. **Agronomy Journal**, v. 49, n. 2, p. 59-62, 1957.

HORSLEY, R. D.; HARVEY, B. L. Barley breeding history, progress, objectives, and technology: North America. **Barley: Production, improvement, and uses**. Wiley-Blackwell, Oxford, UK, 2011. p. 171-186.

JARADAT, A. A.; SHAHID, M.; AL MASKRI, A. Y. Genetic diversity in the Batini barley landrace from Oman. **Crop science**, v. 44, n. 3, p. 997-1007, 2004.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. M.; M'BAREK, B. N. RAPD markers and morpho-physiological characterization of some Tunisian Barley ecotypes. **Biological Diversity and Conservation**, v. 3/2, p. 1-11, 2010.

KLEINHOF, A.; KILIAN, A.; MAROOF, M. S.; BIYASHEV, R. M.; HAYES, P.; CHEN, F. Q.; LAPITAN, N.; FENWICK, A.; BLAKE, T. K.; KANAZIN, V.; ANANIEV, E. A molecular, isozyme and morphological map of the barley (*Hordeum vulgare*) genome. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 86, n. 6, p. 705-712, 1993.

KOMATSUDA, T.; POURKHEIRANDISH, M.; HE, C.; AZHAGUVEL, P.; KANAMORI, H.; PEROVIC, D.; STEIN, N.; GRANER, A.; WICKER, T.; TAGIRI, A.; LUNDQVIST, U.; FUJIMURA, T.; MATSUOKA, M.; MATSUMOTO, T.; YANO, M. Six-rowed barley originated from a mutation in a homeodomain-leucine zipper I-class homeobox gene. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 104, n. 4, p. 1424-1429, 2007.

KUMAR, M.; VISHWAKARMA, S. R.; BHUSHAN, B.; KUMAR, A. Estimation of genetic parameters and character association in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Journal of Wheat Research**, v. 5, n. 2, p. 76-78, 2013.

KUTCHER, H. R.; BAILEY, K. L.; ROSSNAGEL, B. G.; LEGGE, W. G. Identification of RAPD markers for common root rot and spot blotch (*Cochliobolus sativus*) resistance in barley. **Genome**, v. 39, n. 1, p. 206-215, 1996.

LI, X.; XU, C.; ZHANG, Q. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in three samples of wild and cultivated barleys and their relevance to the origin of cultivated barley. **Plant Breeding**, v. 123, n. 1, p. 30-34, 2004.

MACAULAY, M.; RAMSAY, L.; RUSSELL, J.; MARSHALL, D.; WAUGH, R.; THOMAS, W. Molecular markers to analyse breeding progress in barley. **Aspects of Applied Biology**, v. 72, p. 139-146, 2004.

MALYSHEVA-OTTO, L. V.; GANAL, M. W.; RÖDER, M. S. Analysis of molecular diversity, population structure and linkage disequilibrium in a worldwide survey of cultivated barley germplasm (*Hordeum vulgare* L.). **BMC Genetics**, v. 7, n. 1, p. 6, 2006.

MANIFESTO, M. M.; SCHLATTER, A.; HOPP, H. E.; SUAREZ, E. Y.; DUBCOVSKY, J. Bread wheat (*Triticum aestivum*) fingerprinting using microsatellites. In: **Plant Animal Genome 7th Conference** v. 371. 1999.

MANJUNATHA, T.; BISHT, I. S.; BHAT, K. V.; SINGH, B. P. Genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) landraces from Uttaranchal Himalaya of India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, p. 55-65, 2007.

MASSMAN, J. M.; JUNG, H. G.; BERNARDO, R. Genomewide selection versus marker-assisted recurrent selection to improve grain yield and stover-quality traits for cellulosic ethanol in maize. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 58-66, 2013.

MATSUI, K.; MANO, Y.; TAKETA, S.; KAWADA, N.; KOMATSUDA, T. Molecular mapping of a fertility restoration locus (Rfm1) for cytoplasmic male sterility in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, p. 477-482, 2001.

MESZAROS, K.; KARSAI, I.; KUTI, C.; BANYAI, J.; LANG, L.; BEDO, Z. Efficiency of different marker systems for genotype fingerprinting and for genetic diversity studies in barley (*Hordeum vulgare* L.). **South African Journal of Botany**, v. 73, n. 1, p. 43-48, 2007.

MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI FILHO, E.; COSTAMILLAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; CHAVES, M. S.; SCAGLIUSI, S. M. M. BRS Manduri: nova opção varietal de cevada cervejeira para produção irrigada. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 28., 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2011. 1 CD-ROM.

MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI, E.; LIMA, M. I. P. M.; COSTAMILAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A. do; CHAVES, M. S.; BRAMMER, S. P. Cultivar de BRS Sampa. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2009. 1 CD-ROM.

MINELLA E. **Mais de 90% da cevada plantada no Brasil é resultado da pesquisa nacional.** 2016. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/13242920/mais-de-90-da-cevada-plantada-no-brasil-e-resultado-da-pesquisa-nacional>>. Acesso em: 14 mai. 2017.

MISGANAW, A; KIDANE, S; TESFU, K. Assessment of genetic diversity among released and elite Ethiopian barley genotypes using simple sequence repeat (SSR) markers. **African Journal of Plant Science**, v. 11, n. 5, p. 114-122, 2017.

MOLNAR, S. J.; JAMES, L. E.; KASHA, K. J. Inheritance and RAPD tagging of multiple genes for resistance to net blotch in barley. **Genome**, v. 43, n. 2, p. 224-231, 2000.

MONTEIRO, V. A. **Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro**. 2012. 136 f. Dissertação (Mestrado). Universidade de Brasília. Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária. Brasília, DF, 2012.

MONTEIRO, V. A.; AMABILE, R. F.; SPEHAR, C. R.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A., PEIXOTO, J. R.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; MONTALVÃO, A. P. L. Genetic Parameters and morpho-agronomic characterization of barley working collection in the Brazilian Savannah. **Journal of the Institute of Brewing**, 2018. DOI: 10.1002/jib.484. No prelo.

MORADO, R. **Larousse de cerveja**. Larousse do Brasil, 2009. 357 p.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 7, p. 40-51, 1978.

NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 76, p. 5269-5273, 1979.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OMRANI, S. N.; REZAI, A. M.; ARZANI, A. Comparison of selection indices for yield and related traits of barley under nitrogen stress and non-stress conditions. **JWSS-Isfahan University of Technology**, v. 11, n. 42, p. 183-194, 2008.

ORDON, F.; AHLEMEYER, J.; WERNER, K.; KÖHLER, W.; FRIEDT, W. Molecular assessment of genetic diversity in winter barley and its use in breeding. **Euphytica**, v. 146, n. 1-2, p. 21-28, 2005.

PERCIVAL, J. **The Wheat Plant**. Duckworth Publishers, London, 1921. 473 p.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804. 1969.

PIASSI, M.; SILVA, M. A.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. de A.; SOARES, P. R.; TORRES JÚNIOR, R. A. A. Estudo da divergência genética entre oito grupos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 24, p. 715-727, 1995.

RAJALA, A.; PELTONEN-SAINIO, P.; JALLI, M.; JAUHAINEN, L.; HANNUKALA, A.; TENHOLA-ROININEN, T.; MANNINEN, O. One century of Nordic barley breeding: nitrogen use efficiency, agronomic traits and genetic diversity. **The Journal of Agricultural Science**, v. 155, n. 4, p. 582-598, 2017.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras, MG: UFLA, 2000. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 4 ed., Lavras, MG: UFLA, 2008. 463 p.

RAMSAY, L.; MACAULAY, M.; DEGLI IVANISSEVICH, S.; MACLEAN, K.; CARDLE, L.; FULLER, J.; MAESTRI, E. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. **Genetics**, v. 156, n. 4, p. 1997-2005, 2000.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9, p. 347-353. 2014.

ROMANO, E.; BRASILEIRO, A. C. M. Extração de DNA de plantas. **Biotecnologia**, v. 2, n. 9, p. 40-43, 1999.

ROSTOKS, N.; RAMSAY, L.; MACKENZIE, K.; CARDLE, L.; BHAT, P. R.; ROOSE, M. L.; GRANER, A. Recent history of artificial outcrossing facilitates whole-genome association mapping in elite inbred crop varieties. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 49, p. 18656-18661, 2006.

SAGHAI MAROOF, M. A.; BIYASHEV, R. M.; YANG, G. P.; ZHANG, Q.; ALLARD, R. W. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 91, n. 12, p. 5466-5470, 1994.

SALIMATH, S. S.; OLIVERA, A. C. D.; GODWIN, I. D.; BENNETZEN, J. L. Assessment of genome origins and diversity in the genus *Eleusine* with DNA markers. **Genome**, v. 38, p. 757-763, 1995.

SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; JÚNIOR, F.; DE PAIVA, S.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Genetic gain prediction by selection index in a UNB-2U popcorn population under recurrent selection. **Bragantia**, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007.

SATO, K.; FLAVELL, A.; RUSSELL, J.; BÖRNER, A.; VALKOUN, J. Genetic diversity and germplasm management: wild barley, landraces, breeding materials. In: **Biotechnological Approaches to Barley Improvement**. Springer Berlin Heidelberg, 2014. p. 21-36.

SAYD, R. M. **Estimação de parâmetros genéticos de características malteiras de cevada (*Hordeum vulgare* L.) irrigada no Cerrado**. 2011. 44 f. Monografia (Graduação) 2011. Universidade de Brasília. Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária. Brasília, DF, 2011.

SAYD, R. M. **Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. F.) sob irrigação no Cerrado**. 2014. 83 f. Dissertação (Mestrado). Universidade de Brasília, Brasília. 2014

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G. Genetic variability of hullless barley accessions based on molecular and quantitative data. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, p. 160-167, 2015.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; MONTALVÃO, A. P. L.; COELHO, M. C. Agronomic characterization of high-yielding irrigated barley accessions in the Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 2, p. 84-94, 2017.

SCHWARZ, P.; LI, Y. Malting and brewing uses of barley. **Barley: Production, Improvement, and Uses**, 2011. p. 478-521.

SHAKHATREH, Y.; HADDAD, N.; ALRABABAH, M.; GRANDO, S.; CECCARELLI, S. Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell.) accessions collected in Jordan. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, p. 131-146, 2010.

SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F.; MINELLA, E.; ARIAS, G. BRS 180: cevada cervejeira para cultivo irrigado no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1689-1694, 2000.

SINGH, A. P. Genetic variability in two-rowed barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Scientific and Research**, v. 2, p. 21-23, 2011.

SINGH, B. D.; SINGH, A. K. **Marker-assisted plant breeding: principles and practices**. New Delhi, India: Springer, 2015. 514 p.

SINGH, S. K.; SIRCHI, A.; KERKHI, A. S.; SINGH, O.; KUMAR, V.; SINGH, A.; SINGH, S. P.; SINGH, R. P. Genetic variability in components for grain yield in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Environment and Ecology**, v. 26, p. 2379-2381, 2008.

SIPAHI, H.; AKAR, T.; YILDIZ, M. A.; SAYIM, İ. Determination of genetic variation and relationship in Turkish barley cultivars by hordein and RAPD markers. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 15, n. 2, p. 108-113, 2010.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573 p.

SOOD, S.; BABU, B. K. Finger Millet. In: **Broadening the genetic base of grain cereals**. Springer India, 2016. p. 225-256.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 2. ed. New York, NY: McGraw-Hill Publishing, 1980. 633 p.

TAYLOR, A. Wheat needs of the world. **Journal of Home Economics**, v. 10, p. 1-4, 1918.

THOMAS, W. T. B.; POWELL, W.; WAUGH, R.; CHALMERS, K. J.; BARUA, U. M.; JACK, P.; HANSON, P. R. Detection of quantitative trait loci for agronomic, yield, grain and disease characters in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 91, n. 6, p. 1037-1047, 1995.

TONDELLI, A.; XU, X.; MORAGUES, M.; SHARMA, R.; SCHNAITHMANN, F.; INGVARSDEN, C.; SCHULMAN, A. H. Structural and temporal variation in genetic diversity of European spring two-row barley cultivars and association mapping of quantitative traits. **The Plant Genome**, v. 6, n. 2, 2013.

ULLRICH, S. E. Significance, adaptation, production, and trade of barley. In: **Barley: production, improvement, and uses**, 2011. p. 3-13.

VERSTEGEN, H.; KÖNEKE, O.; KORZUN, V.; VON BROOCK, R. The world importance of barley and challenges to further improvements. In: **Agricultural Challenges and Approaches to Barley Improvement**. Springer Berlin Heidelberg, 2014. p. 3-19.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. 2005. 215 f. Monografia (Especialização) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria. 2005.

WANG, J. M.; YANG, J. M.; ZHU, J. H.; JIA, Q. J.; TAO, Y. Z. Assessment of genetic diversity by simple sequence repeat markers among forty elite varieties in the germplasm for malting barley breeding. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 11, n. 10, p. 792-800, 2010.

WANG, M.; JIANG, N.; JIA, T.; LEACH, L.; COCKRAM, J.; WAUGH, R.; LUO, Z. Genome-wide association mapping of agronomic and morphologic traits in highly structured populations of barley cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 2, p. 233-246, 2012.

WANG, R.; ZHANG, X. Characterization of the translocated chromosome using fluorescence in situ hybridization and random amplified polymorphic DNA on two *Triticum aestivum* - *Thinopyrum intermedium* translocation lines resistant to wheat streak mosaic or barley yellow dwarf virus. **Chromosome Research**, v. 4, n. 8, p. 583-587, 1996.

WELSH, J.; MCCLELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 7213-7218. 1990.

WEHNER, T. C. Weighted selection indices for trials and segregating populations. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 5, p. 18-20, 1982.

WHITKUS, R.; DOEBLEY, J.; LEE, M. Comparative genome mapping of Sorghum and maize. **Genetics**, v. 132, n. 4, p. 1119-1130, 1992.

WILLIAMS, J. K. G.; KUBELI, K. J.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 6531-6535, 1990.

YADAV, S. K.; SINGH, A. K.; PANDEY, P.; SINGH, S. Genetic variability and direct selection criterion for seed yield in segregating generations of barley (*Hordeum vulgare* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 1543-1549, 2015.

YANG, S. D.; WEI, Y. M.; QI, P. F.; ZHENG, Y. L. Sequence polymorphisms and phylogenetic relationships of hma Gene in wild barley from Tibet, China. **Agricultural Sciences in China**, v. 7, n. 7, p. 796-803, 2008.

YANG, P.; LIU, X. J.; LIU, X. C.; YANG, W. Y.; FENG, Z. Y. Diversity analysis of the developed qingke (hulless barley) cultivars representing different growing regions of the Qinghai-Tibet Plateau in China using sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 9, p. 8530-8538, 2010.

YORGANCILAR, M.; ATALAY, E.; AKGÜN, N.; TOPAL, A. Genetic Characterization of Barley Genotypes via Inter-Simple Sequence Repeat. **International Journal of Biological, Biomolecular, Agricultural, Food and Biotechnological Engineering**, v. 10, n. 12, p. 892-896, 2017.

YU, Z.; LI-QIONG, L.; HUAN, L.; JIE, B.; MAN-YE, Y.; CHEN, M.; YING-FAN, C.; XIAO-LIN, Q.; FANG, C. RAPD markers in diversity detection and variety identification of Tibetan Hulless Barley. **Plant Molecular Biology Report**, v. 20, p. 369-377, 2002.

ZHANG, D.; GAO, H.; LI, S. Analysis of Genetic Diversity on Beer Barley Varieties in China by SSR [J]. **Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica**, v. 16, p. 72-76, 2007.

ZHANG, Z. Y.; XIN, Z. Y.; LARKIN, P. J. Molecular characterization of a Thinopyrum intermedium group 2 chromosome (2Ai-2) conferring resistance to barley yellow dwarf virus. **Genome**, v. 44, n. 6, p. 1129-1135, 2001.

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) - anchored polymerase chain reaction amplification. **Genomics**, v. 20, p. 176-183, 1994.

# CAPÍTULO I - PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS DE CEVADA DE ALTA PRODUTIVIDADE IRRIGADA NO CERRADO

## 1. RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de 113 acessos de cevada (*Hordeum vulgare* L.), previamente selecionados por alta produtividade, em sistema de produção irrigado no Cerrado, para uso em programas de melhoramento no Brasil. O experimento foi realizado em 2013, em dois locais no Distrito Federal, tendo-se utilizado o delineamento experimental de Blocos ao Acaso com três repetições. Avaliaram-se as características: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, peso de mil sementes, altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento. Foram realizadas análise de variância conjunta e individual e as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott a 1% de significância. Foram obtidos os parâmetros genéticos e as correlações entre as características avaliadas. Observaram-se diferenças significativas entre ambientes e acessos para todas as características avaliadas, além de interação genótipo x ambiente. Os acessos MCU 3832 PI 402310, MCU 3484 PI 401962, CI 08053 Custer, MCU 3634 PI 402112 e MCU 3816 PI 402294 destacaram-se em relação ao rendimento de grãos e à classificação comercial de primeira. É possível obter altos ganhos de seleção com altos valores de herdabilidade. No entanto, a seleção indireta não é recomendada nas condições experimentais, em razão das baixas correlações genotípicas e fenotípicas obtidas. Também é possível a seleção simultânea de acessos de cevada com alto rendimento e ciclo de espigamento precoce, fator decisivo no processo de escolha de genótipos para futuras hibridações. Acessos originários da Colômbia mostram-se mais adaptados às condições de Cerrado.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., genótipos elite, recursos genéticos, malte de qualidade, melhoramento de plantas.

## **AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF HIGH-YIELDING IRRIGATED BARLEY ACCESSIONS IN THE CERRADO**

### **2. ABSTRACT**

The objective of this work was to estimate the genetic, phenotypic, and environmental parameters of 113 barley accessions (*Hordeum vulgare*), previously selected based on high yield, in an irrigated production system in the Cerrado (Brazilian savanna), for use in breeding programs in Brazil. The experiment was conducted in 2013 at two sites in the Federal District, using a randomized complete block design with three replicates. The evaluated traits were: grain yield, kernel plumpness, thousand grain weight, plant height, lodging, and days to heading. Individual and combined variance analyzes were performed and the means were clustered by the Scott-Knott test at 1% significance with the aid of the Genes program. Were obtained the genetic parameters and correlations between evaluated traits. Significant differences were observed between environment and accessions for all studied traits, as well as genotype x environment interaction. The MCU 3832 PI 402310, MCU 3484 PI 401962, CI 08053 Custer, MCU 3634 PI 402112, and MCU 3816 PI 402294 accessions stood out regarding grain yield and kernel plumpness. It is possible to obtain high selection gains with high heritability values. However, indirect selection is not recommended in the experimental conditions due to the low genotypic and phenotypic correlations obtained. It is also possible to select barley accessions with high yield and early heading date simultaneously, an important factor in the genotype selection process for future experiments. The accessions from Colombia are the most adapted to the Cerrado conditions.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., elite genotypes, genetic resources, malting quality, plant breeding.

### 3. INTRODUÇÃO

A cevada é o quarto cereal de maior produção no mundo, ficando atrás do milho, trigo e do arroz. É uma planta com grande adaptabilidade sendo plantada em diversas regiões do mundo e em diversas latitudes. No Brasil, é principalmente cultivada na região sul como uma cultura de inverno (AGOSTINETTO et al., 2015). O Brasil tem uma produção de 317 mil toneladas em 85 mil hectares (FAOSTAT, 2016), o que corresponde a 43% da necessidade da indústria brasileira para produção de malte. Para suprir a demanda da indústria cervejeira nacional, ainda são importadas anualmente 400 mil toneladas de cevada para completar a produção industrial de 1,3 milhão de toneladas de malte (MINELLA, 2016).

A cevada irrigada está localizada nos estados de Goiás, São Paulo, Minas Gerais e no Distrito Federal, enquanto a cevada de sequeiro está localizada nos estados da região Sul do Brasil com a utilização das cultivares BRS Brau, BRS Elis e BRS Cauê (MINELLA et al., 2013). Existem também, cultivares recomendadas para a região do Cerrado como a BRS 195, BRS Sampa, BRS Deméter, BRS Manduri e BRS Savanna (AMABILE et al., 2014).

Mesmo com essa disponibilidade de cultivares e devido a pequena produção, o Brasil se mantém ao longo dos anos como um dos maiores importadores de malte do mundo. A fim de diminuir essa dependência, existe uma contínua e crescente demanda por genótipos adaptados a região do Cerrado brasileiro e com qualidade malteira dos grãos de cevada, o que torna necessário a seleção de genótipos nesse ambiente específico (AMABILE et al., 2013).

Nesse contexto, a caracterização dos recursos genéticos, com vistas à utilização em programas de melhoramento genético, tem contribuído significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos da agricultura brasileira. Torna-se fundamental mais conhecimento sobre os recursos genéticos de cevada, sobretudo considerando genótipos elite com boas características agronômicas oriundos de programas de melhoramento genético de várias regiões do mundo. Neste trabalho, as ações de pesquisa e desenvolvimento visaram à caracterização e o estudo de parâmetros genéticos de genótipos elite de cevada por meio de caracteres agronômicos quantitativos. Como consequência, as informações obtidas vão contribuir para os programas de avaliação, seleção e melhoramento genético da cevada, possibilitando o desenvolvimento de cultivares que atendam às exigências do sistema produtivo irrigado do Cerrado, fixando a cevada como alternativa agronômica e econômica para essa região.

O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos e caracterizar 113 acessos de cevada previamente selecionados por alta produtividade em sistema de produção irrigado no Cerrado para a utilização em programas de melhoramento no Brasil.

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 113 acessos de cevada cervejeira, com casca, dísticas e hexásticas, e utilizada como testemunha a cultivar de seis fileiras BRS 180. Esses acessos foram previamente selecionados por rendimento de grãos a partir de um trabalho conduzido por Monteiro et al. (2018), em Planaltina –DF, caracterizando agronomicamente 435 acessos de cevada provenientes do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Os experimentos foram conduzidos de maio a setembro de 2013 em dois ambientes, sob sistema de irrigação via pivô central. O ambiente 1 está localizado no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, situada a 15°35'57'' de latitude Sul e 47°42'38'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, em Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso. O ambiente 2 está localizado no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), localizada em Recanto das Emas-DF a 15°54'53'' de latitude Sul e 48°02'14'' de longitude Oeste, em uma altitude de 1.254 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso.

O delineamento experimental utilizado foi o de Blocos ao Acaso com três repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>. Foram aplicados, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N por ocasião do surgimento da quinta folha plenamente expandida (AMABILE et al., 2007).

Foram avaliadas seis características: 1. Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. Class1- classificação comercial de primeira (>2,5 mm) em % de acordo com Brasil (1996); 3. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 4. Altura - altura de plantas (cm) (média de três plantas por parcela); 5. Acam - grau de acamamento (dados transformados em arcsen  $X^{0.5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); 6. Ciclo - espigamento (período da emergência até que 50% das espigas, da área útil da parcela, estivessem visíveis), em dias. As avaliações de altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento foram realizadas nos campos experimentais do CPAC e do SPM. E as avaliações de rendimento de grãos, classificação comercial de primeira e PMS foram feitas no Laboratório de Sementes da Embrapa Cerrados.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância. Foram também estimados os coeficientes de variação experimental (CVe), genético (CVg) e o coeficiente de correlação relativa (CVr),

para cada uma das características, com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Para a análise de variância, foram realizadas análises individuais e conjuntas para cada característica.

As correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, foram mensuradas a partir das estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre os caracteres dois a dois, sendo determinadas de acordo com Kempthorne (1966), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

Para a classificação das correlações, foram adotados os intervalos propostos por Carvalho et al. (2004), onde as intensidades são tidas como: perfeita ( $|r| = 1$ ); fortíssima ( $0,90 \leq |r| < 1$ ); forte ( $0,60 \leq |r| < 0,90$ ); média ( $0,30 \leq |r| < 0,60$ ); fraca ( $0,00 < |r| < 0,30$ ) e nula ( $r = 0$ ).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta (Tabela 1) mostrou a existência de diferenças significativas entre os acessos para todas as características avaliadas. Essas diferenças evidenciam a ocorrência de variabilidade entre os acessos de cevada, o que é desejado em trabalhos de pré-melhoramento. Efeitos significativos de ambiente e para interação genótipo x ambiente também foram constatados para todas as características avaliadas (Tabela 1).

Esses efeitos ocorreram em grande parte devido a diferença de altitude entre os campos experimentais, que é de aproximadamente 200 m, influenciando diretamente na temperatura e favorecendo ambientes de climas mais amenos. Tais diferenças, contribuem para o aumento da interação G x A e conseqüentemente para a maior variabilidade fenotípica dos caracteres quantitativos, assim como relataram Molina-Cano et al. (1997) e Kaczmarek et al. (1999).

No que se refere a acurácia seletiva, de acordo com Resende & Duarte (2007), para se alcançar valores considerados ideais (90% ou mais), conforme preconizam Steel & Torrie (1980), para uma inferência estatística segura – os valores de F para cultivares devem ser iguais ou superiores a 5,26. Nesse trabalho apenas o valor de F para interação G x A de acamamento (4,7) foi inferior ao valor proposto por Resende e Duarte (2007), mostrando elevada acurácia seletiva.

Outro parâmetro genético que indica precisão experimental, é o coeficiente de variação experimental (CVe). A análise do valor do CVe deve ser considerada de acordo com as particularidades de cada característica e cultura avaliadas (COSTA et al., 2002). Os valores de CVe variaram de 1,39% para Ciclo a 6,93% para Acam, valores considerados baixos, indicando um bom controle ambiental (Tabela 1).

O CVr (coeficiente de variação relativa) é representado pela razão entre o CVg e o CVe, de acordo com Vencovsky (1987), valores acima da unidade para coeficiente de variação relativa indicam boas chances de ganhos com a aplicação de seleção entre populações, sugerindo que a característica pode ser trabalhada com maior probabilidade de ganhos genéticos no melhoramento, para experimentos com duas ou três repetições.

Os valores de CVg foram superiores aos valores de CVe para todas as características. As características com maior CVr foram grau de acamamento (6,23%), Ciclo (5,52%) e Rend (4,55). O valor de CVr para grau de acamamento contrapõem o obtido por Amabile et al. (2015) em condições irrigadas no Cerrado devido ao experimento ter sido conduzido com um número menor de cultivares, e que por serem genótipos elite, provavelmente obtiveram menor valor de CVr para essa característica (0,54%), no entanto, os demais resultados de CVr corroboram com os obtidos nesse trabalho como os valores de Ciclo (5,33%) e rendimento de grãos (2,72%).

A percentagem de variabilidade genética que é transmitida dos pais para seus descendentes é obtida através da herdabilidade ( $h^2$ ) (LUSH, 1949). Os elevados rendimentos desejados pelo melhorista, podem ser alcançados pela seleção de características que contribuem para rendimento de grãos que tenham alta herdabilidade e também alto ganho genético. Conseqüentemente, os componentes de variância e herdabilidade com os parâmetros genéticos são importantes para a definição de estratégias para maior eficiência do programa de melhoramento. A  $h^2$  em sentido amplo variou de 99,57% (Acam) a 97,91 % (PMS) (Tabela 1). Valores de alta magnitude para as mesmas características também foram encontrados por Addisu & Shumet (2015), acima de 84% em 18 acessos coletados na Etiópia e Yadav et al. (2015) com  $h^2$  variando de 62% a 84% em populações F1, F2 e dez cultivares indianas em trabalho conduzido durante o inverno na Índia.

As correlações genotípicas fenotípicas e residuais obtidas nesse trabalho foram em geral consideradas de baixa magnitude quando comparadas aos trabalhos realizados por Amabile et al. (2015) e Sayd (2014), com correlações da ordem de 0,6 e 0,8 respectivamente. As características que tiveram maiores relações entre si foram classificação comercial de primeira e PMS (0,4) (Tabela 2), corroborando o que foi obtido por Amabile et al. (2015) onde foi observado forte correlação entre Class1 e PMS (0,6), o que facilita o processo de avaliação das características e também a seleção indireta. Pode-se verificar ainda, pelos inexpressivos coeficientes de correlações genotípicos e fenotípicos entre a Altura e o Acam, que é possível a seleção de plantas altas e com uma adequada arquitetura que minimize o acamamento (CECCARELLI et al., 1992).

Na comparação entre médias para rendimento estimado de grãos no CPAC, destaca-se positivamente o genótipo colombiano MCU 3484 PI 401962 com 6.508 kg ha<sup>-1</sup>, assemelhando-se ao desempenho da BRS 180 (6.142 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 3). No ambiente SPM, quatro genótipos superaram estatisticamente a testemunha BRS 180 (7.358 kg ha<sup>-1</sup>), valores esses considerados de alta magnitude em relação as cultivares recomendadas para o Cerrado. São eles a cultivar afegã H HOR 2325/58 PI 329126 (9.187 kg ha<sup>-1</sup>), os genótipos colombianos MCU 3816 PI 402294 (7.723 kg ha<sup>-1</sup>) e MCU 3832 PI 402310 (7.694 kg ha<sup>-1</sup>) e a cultivar americana CI 08053 CUSTER (7.559 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 4). Em ambos os ambientes, os genótipos oriundos do continente americano mostraram maior potencial de Rend, quando comparados aos genótipos dos demais continentes. Como exposto na literatura os genótipos hexásticos obtiveram os maiores valores para a característica Rend.

Valores da ordem de 9.000 kg ha<sup>-1</sup> também foram relatados por Amabile et al. (2007b) em linhagens introduzidas do CIMMYT no Cerrado brasileiro, no entanto, sem qualidade malteira comprovada. Ainda, valores na ordem de cinco toneladas por hectare foram obtidos por Sanchez et al. (2015) no Cerrado com as cultivares BRS Sampa, Manduri e BRS 195 (5.848 kg ha<sup>-1</sup>, 5.449 kg ha<sup>-1</sup> e 4.767 kg ha<sup>-1</sup>) que são recomendadas para região do Cerrado. Valores inferiores aos obtidos nesse trabalho também foram apresentados por Amabile et al. (2013) em que a média da cultivar BRS Savanna foi de 5.908 kg ha<sup>-1</sup>, variando de 4.726 kg ha<sup>-1</sup> a 8.659 kg ha<sup>-1</sup> em ensaios realizados em diferentes locais e anos no Cerrado brasileiro. Portanto, existe ainda a possibilidade de ganhos em rendimentos de grãos utilizando genótipos do banco de germoplasma tanto sendo introduzidos como cultivar tanto utilizando em blocos de cruzamento.

Para classificação comercial de grãos, no ambiente SPM, 51 genótipos apresentaram-se acima dos 80% (limite inferior desejado e utilizado pelo programa de melhoramento) para classificação comercial de primeira, enquanto no ambiente CPAC apenas 13 genótipos. No CPAC, as cultivares hexásticas marroquinas CI 09958 (87,6%) e CI 09959 (84,6%) e iranianas CI 09962 (91,6%) e CI 09961 (85,3%) além de três cultivares dísticas, duas alemãs e uma proveniente da República Tcheca destacaram-se positivamente das demais (Tabela 3). No SPM, 37 genótipos assemelharam-se estatisticamente a testemunha BRS 180 (88,6%), entre eles genótipos hexásticos oriundos do Irã, Marrocos, USA, Colômbia, Chipre, Canadá, Índia, Rússia e Tunísia e dísticos com origem na República Tcheca e Dinamarca (Tabela 4).

Esses resultados evidenciam a diferente resposta dos genótipos aos diferentes ambientes. Contudo, a cultivar marroquina CI 09958 destacou-se em ambos os ambientes, 87,6% (CPAC) e 93,0% (SPM), mostrando alto potencial e maior estabilidade em relação aos

outros acessos para essa característica. Altos valores para classificação comercial de primeira (acima de 80%) também foram relatados por Amabile et al. (2013) com 39 genótipos elite de duas e seis fileiras de grãos avaliados em condições irrigadas no Cerrado e por Smith et al. (2013) em sete cultivares de primavera adaptadas a região centro-norte dos EUA, testadas por seis anos em quatro locais diferentes.

A média dos acessos para PMS no CPAC (40,2 g) foi inferior ao SPM (46,4 g), demonstrando assim a diferença entre os ambientes. A cultivar iraniana CI 09962 obteve altos valores nos dois ambientes com pesos de 57,0 g no CPAC, assemelhando-se estatisticamente com a cultivar marroquina CI 09958 (58,0 g), e 62,6 g no SPM, não diferindo estatisticamente das cultivares etíopes CI 12918 (60,3 g) e CI 14041 (58,6 g) (Tabelas 3 e 4). Esses valores demonstram a correlação positiva entre as características Class1 e PMS (Tabela 2), o que é benéfico ao programa de melhoramento. Dentre os acessos que se destacaram para PMS, apenas a cultivar CI 12918 apresentou rendimento de grãos superior a 6.000 kg ha<sup>-1</sup> em pelo menos um ambiente, evidenciando a baixa correlação entre PMS e Rend. Outras duas cultivares de duas fileiras de grãos destacaram-se positivamente em ambos os ambientes, foram a americana CI 02109 WHITE SMYRNA e a inglesa CI 09882 GONDAR (Tabelas 3 e 4).

Na literatura, Smith et al. (2013) apresentaram em sete cultivares cervejeiras recentemente lançadas, valores de PMS variando entre 56 g e 59 g, valores que são próximos aos dos genótipos com maiores valores nesse trabalho. Miroslavljević et al. (2015) relataram pequena variação entre os genótipos e com média de 40,8 g entre 19 genótipos de cevada cervejeira de inverno e duas fileiras de grãos durante três anos de avaliação na Sérvia. A classificação de grãos e o peso de mil sementes são características de grande importância para a indústria cervejeira, pois quanto maior o tamanho do grão maior a porção de amido e mais quantidade de álcool é possível gerar.

Para altura de plantas, os maiores acessos foram o americano CI 07255, egípcio CI 06147, colombiano CI 10016 RASPA e americano CI 14712 ORANGE LEMMA, todos acima de 94 cm nos dois ambientes. A cultivar etíope E 3/416 PI 356495 obteve a menor altura nos dois ambientes, 57,0 cm (CPAC) e 69,0 cm (SPM). O baixo porte desse genótipo o torna uma opção a ser explorada, já que os programas de melhoramento genético têm predito entre suas metas, a seleção de plantas de baixo porte para que não ocorra acamamento (AMABILE et al., 2015). Os acessos variaram de 99,0 cm (CI 07255) a 57,6 cm (E 3/416 PI 356495) no CPAC e de 103,0 cm (CI 07255) a 69,0 cm (E 3/416 PI 356495) no SPM, com médias de 79,5 cm e 86,4 cm respectivamente (Tabelas 3 e 4).

Os genótipos canadenses mostraram alturas acima de 84,0 cm em ambos os ambientes, caracterizando-se genótipos de alto porte. Em contrapartida os genótipos sul americanos mostraram grande variação, desde genótipos de baixo, médio e alto porte. Os grupos asiáticos, europeus e africanos mostraram menores variações para essa característica, sendo caracterizados como genótipos de médio porte, exceto pelo genótipo egípcio CI 06147 (Tabelas 3 e 4).

O comportamento dos genótipos em relação ao acamamento foi consideravelmente maior no ambiente SPM na comparação com o ambiente CPAC. Tal comportamento se deve a um microclima mais úmido, e favorece um maior crescimento e conseqüentemente o acamamento de plantas. Dentre os 113 acessos avaliados, 14 não acamaram no CPAC e oito não acamaram no SPM. Ainda, no ambiente SPM, 87 genótipos apresentaram acamamento considerado elevado (acima de 0,0630), enquanto no CPAC 70, genótipos apresentaram alto grau de acamamento (Tabelas 3 e 4).

Os valores de acamamento obtidos nesse trabalho foram superiores ao relatado por Miroslavljević et al. (2015), que em ensaios conduzidos com cevada de inverno durante 3 anos obtiveram média de acamamento de 28% e também por Smith et al. (2013) que obteve acamamento da ordem de 25% para sete cultivares comerciais nos EUA. Os genótipos colombianos MCU 3592 PI 402070, MCU 3576 PI 402054 e MCU 3452 PI 401930 assim como a testemunha BRS 180 destacaram-se positivamente ao não apresentarem acamamento em ambos os ambientes. Não foi observada tendência de agrupamento em relação aos países de origem e grau de acamamento (Tabelas 3 e 4).

Acamamento é uma característica que pode ser solucionada com a utilização de redutores de crescimento. No entanto, a busca por genótipos de alta produtividade com o colmo mais resistente proporciona ao produtor uma redução no custo de produção e diminui o risco de perdas de qualidade e na colheita.

Os genótipos colombianos mostraram-se mais precoces que o demais para a característica Ciclo. Os genótipos de menor valor foram MCU 3571 PI 402049, CI 13711 (49,3 dias) e MCU 3469 PI 401947 (49,6 dias) no SPM e os genótipos MCU 3484 PI 401962 (50,3 dias) e MCU 3827 PI 402305 (51,0 dias) no CPAC, todos colombianos de seis fileiras de grãos (Tabelas 3 e 4). Os genótipos com maior rendimento de grãos apresentaram ciclo de espigamento em torno de 50 a 60 dias, valores de mesma magnitude aos obtidos pela cultivar Savanna recomendada para o Cerrado por Amabile et al. (2013). Valores em torno de 55 dias também foram obtidos em sete cultivares nos EUA em ensaios conduzidos durante seis anos por Smith et al. (2013).

A média dos genótipos variou em 6 dias de um ambiente para o outro, SPM (55 dias) e CPAC (61 dias), o que demonstra influência ambiental nessa característica (Tabelas 3 e 4). As médias para os dois ambientes são consideradas baixas quando comparados aos valores obtido por Yadav et al. (2015) em ensaios conduzidos na Índia, onde os genótipos indianos apresentaram média de 75 dias, variando de 66 a 83 dias. Isso se deve a busca por genótipos mais precoces para a utilização no sistema irrigado pela importante vantagem que é a liberação antecipada de área para os cultivos de verão no Cerrado brasileiro.

## **6. CONCLUSÕES**

Os acessos MCU 3832 PI 402310, MCU 3484 PI 401962, CI 08053 CUSTER, MCU 3634 PI 402112 e MCU 3816 PI 402294 mostram adaptabilidade ao Cerrado, medido por rendimento de grãos e classificação comercial de primeira.

A elevada herdabilidade possibilita altos ganhos de seleção ainda que a seleção indireta não seja recomendada devido as baixas correlações genotípicas e fenotípicas.

A seleção de acessos de cevada cervejeira com elevado rendimento e ciclo de espigamento precoce possibilita obtenção de cultivares a partir de hibridações.

Os acessos colombianos mostram-se mais adaptados as condições de Cerrado.

## 7. TABELAS

**Tabela 1.** Análise de variância e parâmetros genéticos para rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), acamamento de plantas (Acam), ciclo de maturação (Ciclo), avaliados em 113 acessos de cevada nos ambientes CPAC e SPM.

FV	G.L.	Valores de F					
		Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
Blocos/Ambiente	4						
Blocos	2						
Blocos X Ambiente	2						
Genótipo	112	125,7**	69,0**	48,0**	91,5**	234,4**	171,2**
Ambiente	1	15.887,0**	1.238,9**	627,5**	198,3**	64,4**	3.797,5**
G X A	112	55,7**	19,7**	18,7**	27,0**	4,7**	53,5**
Resíduo	448						
h <sup>2</sup> (%)		99,20	98,55	97,91	98,90	99,57	99,41
CVg		14,70	19,47	11,20	10,14	43,18	7,42
CVe		3,23	5,79	4,00	2,61	6,93	1,39
CVr		4,55	3,36	1,74	2,80	3,88	6,23

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; (CVe) coeficiente de variação ambiental; (CVg) coeficiente de variação genético; (CVr) coeficiente de variação relativo; (h<sup>2</sup>) herdabilidade.

**Tabela 2.** Coeficientes de correlação (fenotípico, genotípico e ambiental) entre as características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), acamamento de plantas (Acam), ciclo de maturação (Ciclo) em 113 acessos de cevada nos ambientes CPAC e SPM.

		Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
Rend							
Class1	$r_f$	0,2858**					
	$r_g$	0,2889					
	$r_a$	0,0166					
PMS	$r_f$	-0,0739	0,3974**				
	$r_g$	-0,0753	0,4028				
	$r_a$	0,0200	0,1000				
Altura	$r_f$	-0,0776	-0,1263	-0,1719			
	$r_g$	-0,0790	-0,1290	-0,1747			
	$r_a$	0,0637	0,0823	0,0029			
Acam	$r_f$	-0,0249	-0,0241	0,1115	0,0910		
	$r_g$	-0,0245	-0,0241	0,1127	0,0916		
	$r_a$	-0,0970	-0,0284	0,0214	0,0038		
Ciclo	$r_f$	-0,3365**	-0,0139	0,1053	0,1013	-0,0153	-
	$r_g$	-0,3393	-0,0141	0,1064	0,1018	-0,0152	-
	$r_a$	0,0618	0,0057	0,0289	0,0402	-0,0288	-

**Tabela 3.** Médias dos 113 acessos de cevada das características rendimento de grãos (Rend), classificação comercial (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) no ambiente CPAC. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Genótipo	Origem	Rend	Class1	PMS	Altura	Acam <sup>2</sup>	Ciclo	Tipo	Cor
2075C PI 371450	Suíça	5318,0c	26,0	o 33,6 g	79,0	h 0	j 64,7	e 6	creme
MCU 3592 PI 402070	Colômbia	4087,0g	51,3	i 40,0 e	86,0	e 0	j 52,7	m 6	creme
MCU 3458 PI 401936	Colômbia	4443,3f	25,3	o 36,6 f	64,3	n 0,0977	a 54,0	l 6	creme
MCU 3576 PI 402054	Colômbia	4520,3e	12,0	q 31,6 g	90,0	c 0	j 55,0	l 6	creme
MCU 3832 PI 402310	Colômbia	5847,3b	42,6	l 33,3 g	80,0	g 0	j 60,0	h 6	creme
MCU 3452 PI 401930	Colômbia	3821,0g	61,6	g 35,0 g	64,0	n 0	j 56,3	k 6	creme
H HOR 2325/58 PI 329126	Afeganistão	3586,6h	35,6	m 35,6 f	60,3	o 0	j 65,0	e 6	creme
CI 15324 2260-85	Tunísia	3391,6h	58,6	h 36,3 f	69,3	l 0,044	h 65,0	e 6	creme
MCU 3568 PI 402046	Colômbia	5330,6c	44,3	k 33,0 g	70,0	l 0,0733	d 52,0	m 6	creme
E 3/416 PI 356495	Etiópia	4814,6e	16,6	p 32,0 g	57,6	p 0,1	a 61,7	g 6	creme
CI 15325 2244-87	Tunísia	4215,0f	40,6	l 37,0 f	78,3	h 0,0363	h 64,7	e 6	creme
CI 06450 OZIERY	Polônia	3526,0h	33,0	n 28,3 h	83,6	f 0	j 60,3	h 6	creme
CI 14857 ELS 6402-441	Etiópia	1905,3j	51,0	i 36,6 f	78,0	h 0	j 68,0	b 6	creme
MCU 3721 PI 402199	Colômbia	2845,6i	51,6	i 34,0 g	76,6	i 0,0543	g 63,7	f 6	creme
MCU 3571 PI 402049	Colômbia	4735,0e	61,0	g 32,0 g	75,6	i 0,0983	a 52,0	m 6	creme
CI 10018 RASPA PRECOZ 604	Colômbia	3484,0h	42,3	l 43,0 c	74,0	j 0,0977	a 56,3	k 6	creme
CI 13069 IRBA MODA	Etiópia	3421,3h	11,6	q 36,0 f	88,0	d 0,0977	a 57,3	j 6	creme
CI 11684	Afeganistão	3381,0h	29,3	o 38,6 e	77,3	i 0,0983	a 68,0	b 6	creme
CI 15296 DJEBALI 2316-57	Tunísia	2759,6i	46,3	k 41,6 d	85,0	e 0,0977	a 66,0	d 6	creme
CI 07416 DANG - BARI 42	Coréia do Sul	1536,3j	53,3	i 33,0 g	80,0	g 0,044	h 70,7	a 6	creme
GALOVER (C A N 1126) PI 361636	Dinamarca	5609,3c	44,6	k 31,3 g	82,3	f 0,0983	a 62,3	g 2/6	creme
CI 10016 RASPA	Colômbia	3942,3g	35,3	m 32,3 g	94,6	b 0,0543	g 65,3	e 6	creme
MCU 3883 PI 402361	Colômbia	4318,0f	31,6	n 36,0 f	83,3	f 0,063	f 54,7	l 6	creme
MCU 3858 PI 402336	Colômbia	4030,0g	71,0	e 40,3 d	82,3	f 0,044	h 58,7	i 6	creme
MCU 3656 PI 402134	Colômbia	4374,0f	32,3	n 37,6 e	81,0	g 0,0993	a 58,0	i 6	creme
CI 14712 ORANGE LEMMA	EUA	4304,6f	26,0	o 27,6 h	94,0	b 0,0683	e 59,0	i 2/6	creme
MCU 3719 PI 402197	Colômbia	4235,0f	64,6	f 40,3 d	79,0	h 0,0683	e 65,7	d 6	creme
CI 13683 NUMAR	EUA	5959,3b	31,6	n 44,6 c	84,0	f 0,0983	a 69,0	b 6	creme
CI 12920	Etiópia	4488,0f	53,0	i 40,6 d	85,3	e 0,0977	a 58,3	i 6	creme
MCU 3653 PI 402131	Colômbia	4953,0d	61,0	g 38,6 e	90,0	c 0,0983	a 54,3	l 6	creme
CI 06147	Egito	3866,6g	46,3	k 35,0 g	97,3	a 0,0983	a 67,0	c 6	creme
CI 12916	Etiópia	3465,6h	52,6	i 39,3 e	94,0	b 0,0993	a 65,7	d 6	creme
MCU 3780 PI 402258	Colômbia	4307,0f	59,6	g 36,6 f	81,3	g 0,0543	g 64,7	e 6	creme
CI 06188	México	3790,3g	41,0	l 35,6 f	84,3	f 0,0993	a 67,3	c 6	creme
MCU 3489 PI 401967	Colômbia	4134,0f	68,0	f 40,3 d	84,0	f 0,0683	e 57,0	j 6	creme
CI 15560 QB 136-4-1	Canadá	5733,0b	49,0	j 33,0 g	87,0	q 0,0983	a 65,0	e 6	creme
CI 09959	Marrocos	4952,6d	84,6	b 45,0 c	73,0	q 0,0543	g 57,3	j 6	creme
CI 15280 2728-25	Tunísia	3071,3i	46,0	k 38,0 e	81,0	g 0,0993	a 67,3	c 2/6	creme
CI 10501 ATHENAIS S-50-34	Chipre	4157,3f	62,3	g 35,6 f	79,6	g 0,0977	a 58,0	i 6	creme
CI 13894	EUA	5823,0b	51,0	i 36,0 f	76,0	i 0	j 60,3	h 6	creme
CI 12271	Irã	4064,0g	45,3	k 29,3 h	73,6	j 0,0483	g 66,7	c 6	creme
MCU 3876 PI 402354	Colômbia	3457,0h	32,6	n 43,6 c	76,6	i 0,0683	e 52,7	m 6	creme
MCU 3827 PI 402305	Colômbia	4444,0f	63,3	g 41,0 d	68,0	m 0,088	b 51,0	n 6	creme
CI 09958	Marrocos	3199,0h	87,6	b 58,0 a	76,0	i 0,0617	f 57,0	j 6	creme
MCU 3469 PI 401947	Colômbia	5749,6b	75,0	d 44,0 c	76,0	i 0,0407	h 52,7	m 6	creme
MCU 3851 PI 402329	Colômbia	5828,6b	70,6	e 38,3 e	74,0	j 0,0993	a 63,7	f 6	creme
MCU 3816 PI 402294	Colômbia	5067,6d	72,0	e 44,0 c	74,3	j 0,088	b 54,3	l 6	creme
CI 13715	Colômbia	4284,6f	61,6	g 44,3 c	61,6	o 0,0983	a 55,3	k 6	creme
CI 10256	Japão	3432,6h	67,0	f 46,0 c	63,3	n 0,0983	a 52,3	m 6	creme
CI 06946	Irã	5234,6d	32,6	n 34,0 g	84,0	f 0,0977	a 60,7	h 6	creme
CI 07255	EUA	5245,6d	32,3	n 34,0 g	99,0	a 0,0983	a 60,0	h 6	creme
BRS 180	Brasil	6142,0a	73,6	d 39,3 e	84,0	f 0	j 59,0	i 6	creme
CI 15591 QB 139-1	Canadá	4736,0e	62,3	g 35,3 f	86,0	e 0,0977	a 57,7	j 6	creme
CI 07607	Índia	4148,3f	38,0	m 39,0 e	69,0	l 0,0977	a 55,3	k 6	creme
MCU 3556 PI 402034	Colômbia	3455,3h	71,6	e 42,0 d	87,6	d 0	j 64,0	f 6	creme
CI 07156	EUA	3830,3g	36,3	m 38,6 e	76,0	i 0,0993	a 69,3	b 6	creme
CI 10078 ATLAS 57	EUA	5516,6c	85,0	b 43,0 c	85,6	e 0,0543	g 68,7	b 6	creme

Continuação														
CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	Alemanha	4728,0e	82,0	c	49,0	b	67,0	m	0	j	66,0	d	2	creme
CI 09882 GONDAR	Etiópia	4787,0e	35,0	m	44,3	c	82,0	f	0,0407	h	70,7	a	6	creme
CI 12598	Etiópia	3230,6h	49,3	j	48,0	b	70,3	l	0,056	g	55,7	k	6	creme
CI 10082 WEIBULL S 4468	Suécia	3496,6h	56,3	h	41,3	d	79,0	h	0,0977	a	67,3	c	2	creme
CI 15565 QB 136-20	Canadá	4861,3e	71,6	e	42,3	d	84,0	f	0,0943	a	67,0	c	6	creme
CI 14925 ELS 6402-512	Etiópia	4171,6f	56,3	h	44,6	c	79,0	h	0,0993	a	66,0	d	6	creme
2043C PI 371415	Suíça	2823,3i	53,3	i	41,0	d	67,0	m	0,0967	a	66,0	d	6	creme
CI 09961	Irã	5553,3c	85,3	b	48,6	b	80,0	g	0,088	b	60,3	h	6	creme
CI 08053 CUSTER	EUA	5719,3b	56,0	h	43,3	c	88,6	d	0,0993	a	67,3	c	6	creme
MCU 3461 PI 401939	Colômbia	3644,3h	68,0	f	43,3	c	91,0	c	0,088	b	62,0	g	6	creme
MCU 3484 PI 401962	Colômbia	6508,3a	71,6	e	34,3	g	86,0	e	0,0787	d	50,3	n	6	creme
CI 14031	Etiópia	3719,0g	56,6	h	40,0	e	83,6	f	0,0603	f	67,0	c	6	creme
CI 10017 RASPA COMUN 1085	Colômbia	4193,6f	70,0	e	43,6	c	78,0	h	0,0983	a	65,7	d	6	creme
CI 15279 2528-23	Tunísia	5430,0c	72,6	d	45,6	c	83,0	f	0,0977	a	65,7	d	6	creme
CI 15302 1356-33	Tunísia	3550,0h	40,3	l	38,3	e	85,0	e	0,0993	a	63,7	f	6	creme
MCU 3454 PI 401932	Colômbia	4600,0e	71,3	e	44,3	c	85,0	e	0,0933	a	60,7	h	6	creme
CI 15580 QB 136-41	Canadá	5983,0b	73,3	d	45,3	c	95,0	b	0,0757	d	62,7	g	6	creme
CI 07772	Índia	5005,0d	61,0	g	41,3	d	69,0	l	0,088	b	52,0	m	6	creme
CI 14041	Etiópia	3629,3h	68,6	f	46,0	c	80,0	g	0,0517	g	68,7	b	6	creme
MCU 3467 PI 401945	Colômbia	4593,3e	71,6	e	40,3	d	87,6	d	0,0603	f	62,7	g	6	creme
CI 06109 VELVON	EUA	4987,3d	70,0	e	40,6	d	79,3	h	0,0763	d	68,7	b	6	creme
MCU 3478 PI 401956	Colômbia	5524,6c	71,6	e	36,0	f	83,0	f	0,085	b	60,0	h	6	creme
CI 09962	Irã	4671,0e	91,6	a	57,0	a	69,3	l	0,063	f	60,3	h	6	creme
MCU 3878 PI 402356	Colômbia	4234,6f	60,0	g	39,6	e	73,0	j	0,0603	f	53,3	m	6	creme
CI 10697	Irã	4642,6e	42,6	l	48,3	b	79,6	g	0,0977	a	57,0	j	6	creme
CI 15323 2222-79	Tunísia	3636,0h	70,0	e	48,6	b	79,6	g	0,0983	a	65,7	d	6	creme
MCU 3750 PI 402228	Colômbia	4634,0e	84,3	b	47,6	b	72,0	k	0,0423	h	63,7	f	6	creme
CI 12918	Etiópia	4471,3f	82,3	c	48,6	b	76,0	i	0,0977	a	62,7	g	6	creme
MCU 3634 PI 402112	Colômbia	6031,6b	70,3	e	35,6	f	83,3	f	0,0977	a	54,7	l	6	creme
E 273/4 PI 356414	Etiópia	3845,3g	61,6	g	45,0	c	59,6	o	0,063	f	60,7	h	6	creme
CARINA PI 371632	Alemanha	4050,0g	84,0	b	40,6	d	80,0	g	0	j	67,7	c	2	creme
CI 15281 3102-16	Tunísia	4116,6f	52,6	i	41,0	d	84,6	e	0,0993	a	67,7	c	2/6	creme
CI 02109 WHITE SMYRNA	EUA	4230,3f	68,3	f	46,6	b	85,6	e	0,0983	a	60,7	h	2	creme
MCU 3865 PI 402343	Colômbia	4939,6d	73,0	d	45,3	c	74,0	j	0,0407	h	61,3	h	6	creme
CI 13704	Inglaterra	3309,0h	70,0	e	48,6	b	83,0	f	0,0577	g	58,0	i	2	preta
CI 12367 BRANISOVICKY	Republica Tcheca	5275,3d	81,0	c	40,0	e	76,0	i	0,02	i	67,3	c	2	creme
CI 12262	Irã	3988,0g	52,3	i	44,0	c	78,6	h	0,084	c	64,3	e	6	creme
CI 10114 CARLSBERG II	Dinamarca	2943,0i	58,3	h	42,3	d	73,0	j	0,0603	f	66,3	d	2	creme
MCU 3852 PI 402330	Colômbia	4541,0e	74,0	d	39,6	e	69,6	l	0,0387	h	60,3	h	6	creme
A HOR 55/61 PI 327910	Bulgária	4262,3f	48,3	j	39,6	e	72,6	j	0,088	b	60,7	h	6	creme
CI 10140	Afeganistão	4642,6e	72,3	e	40,6	d	77,6	h	0,0533	g	54,3	l	6	creme
MCU 3884 PI 402362	Colômbia	5111,0d	61,0	g	44,6	c	64,3	n	0,0983	a	52,3	m	6	creme
MCU 3778 PI 402256	Colômbia	4656,6e	71,6	e	39,0	e	94,0	b	0,096	a	63,0	g	6	creme
CI 09952	Rússia	4322,0f	82,0	c	44,6	c	84,0	f	0,088	b	57,7	j	6	creme
MCU 3448 PI 401926	Colômbia	5635,3c	59,3	g	38,6	e	88,6	d	0,0363	h	55,7	k	6	creme
CI 06244	EUA	5136,3d	71,0	e	40,6	d	76,0	i	0,0983	a	60,3	h	6	creme
MCU 3449 PI 401927	Colômbia	5767,6b	72,3	e	50,0	b	82,3	f	0	j	61,7	g	6	creme
MCU 3654 PI 402132	Colômbia	5065,6d	79,6	c	38,3	e	79,0	h	0,088	b	54,3	l	6	creme
CI 12068 MAZOWIECKI	Polônia	5128,3d	68,6	f	33,3	g	81,3	g	0,096	a	60,7	h	6	creme
MCU 3502 PI 401980	Colômbia	5147,3d	81,0	c	43,3	c	87,0	d	0,0917	b	58,7	i	6	creme
MCU 3870 PI 402348	Colômbia	5237,6d	74,3	d	38,3	e	94,3	b	0,0993	a	60,3	h	6	creme
CI 10071 WOLFE	Canadá	5337,6c	74,3	d	39,0	e	91,6	c	0,0977	a	60,0	h	6	creme
CI 13711	Colômbia	5533,6c	72,0	e	41,0	d	84,0	f	0,0993	a	59,7	h	6	creme
CI 10022	Colômbia	5444,0c	69,3	e	42,3	d	69,6	l	0,0977	a	58,7	i	6	creme
CI 13824 ATLAS 68	EUA	4314,3f	75,0	d	44,3	c	79,0	h	0,095	a	63,3	g	6	creme
MCU 3850 PI 402328	Colômbia	5446,6c	85,6	b	44,6	c	78,6	h	0,089	b	61,0	h	6	creme

<sup>1</sup> Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Scott & Knott a 1% de significância.

<sup>2</sup> Dados transformados em arco seno  $x^{1/2}/100$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

**Tabela 4.** Médias dos 113 acessos de cevada das características rendimento de grãos (Rend), classificação comercial (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) no ambiente SPM. Embrapa Produtos e Mercado, Riacho Fundo, DF.

Genótipo	Origem	Rend	Class1	PMS	Altura	Acam <sup>2</sup>	Ciclo	Tipo	Cor
2075C PI 371450	Suíça	6009 i	70,6	c 46,0 e	85,0	c 0,0107 e	51,0 i	6	creme
MCU 3592 PI 402070	Colômbia	6468 g	77,3	b 33,3 h	94,3	a 0,0000 f	50,3 j	6	creme
MCU 3458 PI 401936	Colômbia	5530 k	53,0	e 48,0 d	74,0	e 0,1000 a	50,0 j	6	creme
MCU 3576 PI 402054	Colômbia	5061 l	52,3	e 46,0 e	96,3	a 0,0107 e	49,6 j	6	creme
MCU 3832 PI 402310	Colômbia	7695 b	78,6	b 41,0 f	87,6	b 0,0000 f	50,6 j	6	creme
MCU 3452 PI 401930	Colômbia	7154 d	88,3	a 51,0 c	77,6	d 0,0000 f	51,0 i	6	creme
H HOR 2325/58 PI 329126	Afganistão	9187 a	78,3	b 43,6 f	74,3	e 0,0000 f	53,0 h	6	creme
CI 15324 2260-85	Tunísia	5731 j	71,0	c 46,3 e	77,3	d 0,0720 b	52,0 i	6	creme
MCU 3568 PI 402046	Colômbia	7241 d	60,3	d 42,3 f	83,0	c 0,1000 a	49,6 j	6	creme
E 3/416 PI 356495	Etiópia	7082 e	79,0	b 39,3 g	69,0	e 0,1000 a	52,6 h	6	creme
CI 15325 2244-87	Tunísia	4784 m	70,3	c 47,3 e	85,0	c 0,0500 d	50,0 j	6	creme
CI 06450 OZIER Y	Polônia	6272 h	67,0	c 39,3 g	87,6	b 0,0107 e	50,6 j	6	creme
CI 14857 ELS 6402-441	Etiópia	5348 l	63,6	c 43,3 f	88,0	b 0,0107 e	56,6 f	6	creme
MCU 3721 PI 402199	Colômbia	5583 k	90,3	a 53,0 c	86,0	c 0,0670 c	56,0 g	6	creme
MCU 3571 PI 402049	Colômbia	6533 g	86,6	a 44,3 f	85,0	c 0,1000 a	49,3 j	6	creme
CI 10018 RASPA PRECOZ 604	Colômbia	6669 f	72,0	c 44,6 e	84,3	c 0,1000 a	52,0 i	6	creme
CI 13069 IRBA MODA	Etiópia	5304 l	40,6	e 48,0 d	91,0	b 0,1000 a	51,6 i	6	creme
CI 11684	Afganistão	5219 l	67,6	c 43,0 f	87,0	b 0,1000 a	58,0 e	6	creme
CI 15296 DJEBALI 2316-57	Tunísia	5381 l	83,6	a 54,0 c	90,0	b 0,1000 a	58,0 e	6	creme
CI 07416 DANG - BARI 42	Coréia do Sul	3923 o	77,3	b 32,3 h	87,3	b 0,0630 c	58,3 e	6	creme
GALOVER (C A N 1126) PI 361636	Dinamarca	5815 j	81,0	b 36,6 g	90,0	b 0,1000 a	51,0 i	2/6	creme
CI 10016 RASPA	Colômbia	4761 m	84,6	a 52,6 c	98,3	a 0,0707 b	53,3 h	6	creme
MCU 3883 PI 402361	Colômbia	6138 h	69,3	c 46,3 e	92,3	b 0,0870 a	54,3 h	6	creme
MCU 3858 PI 402336	Colômbia	6078 i	82,6	b 45,3 e	87,6	b 0,0543 c	54,0 h	6	creme
MCU 3656 PI 402134	Colômbia	5025 l	47,0	e 42,0 f	92,3	b 0,1000 a	54,3 h	6	creme
CI 14712 ORANGE LEMMA	EUA	4801 m	48,3	e 42,6 f	97,6	a 0,0830 b	53,3 h	2/6	purple
MCU 3719 PI 402197	Colômbia	6433 g	88,6	a 52,6 c	87,6	b 0,0880 a	55,0 g	6	creme
CI 13683 NUMAR	EUA	7049 e	76,0	b 45,6 e	89,3	b 0,1000 a	58,0 e	6	creme
CI 12920	Etiópia	6268 h	76,6	b 53,6 c	90,0	b 0,1000 a	61,6 c	6	creme
MCU 3653 PI 402131	Colômbia	6533 g	74,0	b 45,6 e	96,3	a 0,1000 a	62,3 c	6	creme
CI 06147	Egito	4110 o	58,6	d 47,0 e	98,0	a 0,1000 a	63,6 b	6	creme
CI 12916	Etiópia	6256 h	68,0	c 46,6 e	96,0	a 0,1000 a	62,0 c	6	creme
MCU 3780 PI 402258	Colômbia	6258 h	68,0	c 46,3 e	87,6	b 0,0777 b	60,6 d	6	creme
CI 06188	México	6234 h	80,6	b 45,3 e	91,3	b 0,1000 a	61,0 d	6	creme
MCU 3489 PI 401967	Colômbia	6140 h	87,6	a 46,3 e	87,3	b 0,1000 a	55,6 g	6	creme
CI 15560 QB 136-4-1	Canadá	6124 h	80,0	b 51,3 c	84,0	c 0,1000 a	51,0 i	6	creme
CI 09959	Marrocos	6133 h	85,3	a 51,0 c	85,3	c 0,0630 c	61,0 d	6	creme
CI 15280 2728-25	Tunísia	5133 l	76,3	b 46,0 e	85,3	c 0,1000 a	63,6 b	2/6	creme
CI 10501 ATHENAIS S-50-34	Chipre	5695 j	89,3	a 54,3 c	88,3	b 0,1000 a	56,6 f	6	creme
CI 13894	EUA	6191 h	76,6	b 37,3 g	82,0	c 0,0000 f	57,6 e	6	creme
CI 12271	Irã	4146 o	68,0	c 41,6 f	83,0	c 0,0707 b	61,0 d	6	creme
MCU 3876 PI 402354	Colômbia	5250 l	76,0	b 52,6 c	85,0	c 0,0817 b	52,6 h	6	creme
MCU 3827 PI 402305	Colômbia	5562 k	89,3	a 53,0 c	80,0	c 0,1000 a	50,3 j	6	creme
CI 09958	Marrocos	6559 g	93,0	a 47,0 e	82,3	c 0,0777 b	56,0 g	6	creme
MCU 3469 PI 401947	Colômbia	6722 f	85,6	a 41,3 f	84,6	c 0,0630 c	49,6 j	6	creme
MCU 3851 PI 402329	Colômbia	6962 e	87,6	a 43,3 f	82,3	c 0,1000 a	58,0 e	6	creme
MCU 3816 PI 402294	Colômbia	7724 b	83,3	a 47,3 e	84,6	c 0,1000 a	56,6 f	6	creme
CI 13715	Colômbia	6303 h	86,0	a 52,0 c	74,3	e 0,1000 a	55,0 g	6	creme
CI 10256	Japão	4613 n	81,6	b 55,3 b	74,0	e 0,1000 a	53,0 h	6	creme
CI 06946	Irã	5822 j	79,0	b 44,3 f	90,3	b 0,1000 a	55,6 g	6	creme
CI 07255	EUA	5756 j	59,0	d 46,3 e	103,6	a 0,1000 a	49,6 j	6	creme
BRS 180	Brasil	7358 c	88,6	a 42,6 f	85,0	c 0,0107 e	50,0 j	6	creme
CI 15591 QB 139-1	Canadá	7286 d	81,3	b 50,3 d	92,3	b 0,1000 a	51,6 i	6	creme
CI 07607	Índia	5729 j	65,0	c 37,6 g	82,3	c 0,1000 a	53,3 h	6	creme
MCU 3556 PI 402034	Colômbia	6336 h	78,0	b 42,3 f	89,0	b 0,0000 f	53,3 h	6	creme
CI 07156	EUA	7037 e	71,0	c 46,0 e	84,3	c 0,1000 a	61,0 d	6	creme
CI 10078 ATLAS 57	EUA	5670 j	89,0	a 51,0 c	92,0	b 0,0827 b	61,3 d	6	creme

Continuation...															
CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	Alemanha	5474	k	81,0	b	48,3	d	72,3	e	0,0440	d	57,0	f	2	creme
CI 09882 GONDAR	Etiópia	5738	j	49,6	e	57,0	b	85,6	c	0,0630	c	60,6	d	6	creme
CI 12598	Etiópia	4538	n	64,3	c	51,0	c	84,3	c	0,0743	b	49,6	j	6	creme
CI 10082 WEIBULL S 4468	Suécia	5539	k	66,0	c	45,0	e	87,6	b	0,1000	a	63,6	b	2	creme
CI 15565 QB 136-20	Canadá	6414	g	88,3	a	33,0	h	90,0	b	0,1000	a	50,0	j	6	creme
CI 14925 ELS 6402-512	Etiópia	6358	g	75,3	b	44,0	f	87,6	b	0,1000	a	50,6	j	6	creme
2043C PI 371415	Suíça	6460	g	57,0	d	33,6	h	79,0	d	0,1000	a	53,0	h	6	creme
CI 09961	Irã	6146	h	88,0	a	43,0	f	90,0	b	0,1000	a	54,0	h	6	creme
CI 08053 CUSTER	EUA	7559	b	65,0	c	47,6	e	93,6	a	0,1000	a	57,6	e	6	creme
MCU 3461 PI 401939	Colômbia	6751	f	85,3	a	47,0	e	95,0	a	0,1000	a	51,0	i	6	creme
MCU 3484 PI 401962	Colômbia	6930	e	82,3	b	36,6	g	88,0	b	0,0917	a	50,3	j	6	creme
CI 14031	Etiópia	6601	f	79,3	b	51,6	c	92,6	b	0,0777	b	60,0	d	6	creme
CI 10017 RASPA COMUN 1085	Colômbia	5534	k	86,3	a	51,6	c	83,0	c	0,1000	a	57,3	f	6	creme
CI 15279 2528-23	Tunísia	6233	h	65,6	c	48,6	d	87,6	b	0,1000	a	55,6	g	6	creme
CI 15302 1356-33	Tunísia	5098	l	67,0	c	33,3	h	91,6	b	0,1000	a	56,0	g	6	creme
MCU 3454 PI 401932	Colômbia	5117	l	85,3	a	44,6	e	89,3	b	0,1000	a	50,0	j	6	creme
CI 15580 QB 136-41	Canadá	6152	h	70,3	c	47,0	e	94,0	a	0,0917	a	50,3	j	6	creme
CI 07772	Índia	5949	i	87,6	a	45,3	e	74,3	e	0,0857	a	55,0	g	6	creme
CI 14041	Etiópia	5918	i	78,6	b	58,6	a	87,6	b	0,0543	c	56,6	f	6	creme
MCU 3467 PI 401945	Colômbia	4745	m	80,3	b	52,0	c	90,6	b	0,0707	b	50,3	j	6	creme
CI 06109 VELVON	EUA	5181	l	81,0	b	53,0	c	82,3	c	0,0763	b	60,3	d	6	creme
MCU 3478 PI 401956	Colômbia	6054	i	86,0	a	44,6	e	86,0	c	0,1000	a	53,0	h	6	creme
CI 09962	Irã	5758	j	87,6	a	62,6	a	76,3	d	0,0817	b	56,0	g	6	creme
MCU 3878 PI 402356	Colômbia	6233	h	77,0	b	51,3	c	84,6	c	0,0683	b	50,0	j	6	creme
CI 10697	Irã	4740	m	71,3	c	53,6	c	84,6	c	0,1000	a	50,3	j	6	creme
CI 15323 2222-79	Tunísia	5735	j	84,6	a	55,3	b	85,6	c	0,1000	a	57,6	e	6	creme
MCU 3750 PI 402228	Colômbia	5205	l	84,3	a	54,3	c	85,6	c	0,0577	c	58,3	e	6	creme
CI 12918	Etiópia	7207	d	77,0	b	60,3	a	87,6	b	0,1000	a	57,0	f	6	creme
MCU 3634 PI 402112	Colômbia	7132	d	87,3	a	46,6	e	82,0	c	0,1000	a	51,0	i	6	creme
E 273/4 PI 356414	Etiópia	6128	h	46,0	e	52,0	c	76,6	d	0,0707	b	52,0	i	6	creme
CARINA PI 371632	Alemanha	6225	h	75,0	b	49,3	d	79,0	d	0,0107	e	62,0	c	2	creme
CI 15281 3102-16	Tunísia	4493	n	58,0	d	45,6	e	92,0	b	0,1000	a	68,0	a	2/6	creme
CI 02109 WHITE SMYRNA	EUA	5054	l	66,6	c	54,6	c	87,6	b	0,1000	a	60,0	d	2	creme
MCU 3865 PI 402343	Colômbia	7215	d	85,6	a	53,6	c	83,0	c	0,0707	b	58,0	e	6	creme
CI 13704	Inglaterra	4152	o	80,6	b	56,0	b	90,0	b	0,0733	b	63,0	b	2	preta
CI 12367 BRANISOVICKY	Republica Tcheca	5447	k	89,6	a	35,3	g	84,0	c	0,0000	f	67,3	a	2	creme
CI 12262	Irã	4249	o	79,6	b	35,6	g	85,0	c	0,1000	a	68,3	a	2	creme
CI 10114 CARLSBERG II	Dinamarca	4737	m	88,3	a	45,0	e	83,3	c	0,0757	b	68,0	a	2	creme
MCU 3852 PI 402330	Colômbia	7360	c	88,0	a	47,0	e	80,6	c	0,0440	d	57,3	f	6	creme
A HOR 55/61 PI 327910	Bulgária	6124	h	60,3	d	44,0	f	79,0	d	0,1000	a	56,3	f	6	creme
CI 10140	Afganistão	4307	o	80,6	b	46,6	e	87,6	b	0,0777	b	53,0	h	6	creme
MCU 3884 PI 402362	Colômbia	6226	h	84,6	a	46,6	e	73,3	e	0,1000	a	50,3	j	6	creme
MCU 3778 PI 402256	Colômbia	4424	n	73,6	b	44,6	e	95,6	a	0,1000	a	55,0	g	6	creme
CI 09952	Rússia	6441	g	85,0	a	48,3	d	87,6	b	0,0950	a	55,3	g	6	creme
MCU 3448 PI 401926	Colômbia	5757	j	71,6	c	37,3	g	92,3	b	0,0543	c	53,0	h	6	creme
CI 06244	EUA	5883	i	84,6	a	45,0	e	84,3	c	0,1000	a	52,6	h	6	creme
MCU 3449 PI 401927	Colômbia	6818	e	90,3	a	51,3	c	84,6	c	0,0000	f	50,3	j	6	creme
MCU 3654 PI 402132	Colômbia	7182	d	90,6	a	46,3	e	86,6	b	0,1000	a	50,6	j	6	creme
CI 12068 MAZOWIECKI	Polónia	6740	f	72,3	c	41,6	f	86,6	b	0,1000	a	50,6	j	6	creme
MCU 3502 PI 401980	Colômbia	6170	h	92,0	a	45,6	e	90,6	b	0,1000	a	50,6	j	6	creme
MCU 3870 PI 402348	Colômbia	7347	c	81,0	b	42,0	f	97,6	a	0,1000	a	50,3	j	6	creme
CI 10071 WOLFE	Canadá	6068	i	81,0	b	36,6	g	95,0	a	0,1000	a	50,3	j	6	creme
CI 13711	Colômbia	5690	j	79,3	b	44,0	f	87,6	b	0,1000	a	49,3	j	6	creme
CI 10022	Colômbia	6434	g	75,6	b	36,6	g	82,3	c	0,1000	a	52,0	i	6	creme
CI 13824 ATLAS 68	EUA	6738	f	74,6	b	52,6	c	83,6	c	0,1000	a	53,3	h	6	creme
MCU 3850 PI 402328	Colômbia	5979	i	72,6	c	51,6	c	87,6	b	0,0897	a	58,6	e	6	creme

<sup>1</sup> Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Scott & Knott a 1% de significância.

<sup>2</sup> Dados transformados em arco seno  $x^{1/2}/100$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGOSTINETTO, L.; CASA, R. T.; BOGO, A.; SACHS, C.; SOUZA, C. A.; REIS, E. M.; CRISTINA DA CUNHA, I. Barley spot blotch intensity, damage, and control response to foliar fungicide application in southern Brazil. **Crop Protection**, v. 67, p. 7-12, 2015.

ADDISU, A.; SHUMET, T. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in Ethiopia. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 9, p. 68-76, 2015.

AMABILE, R. F.; CAPETTINI, F.; FALEIRO, F. G. BRS Savanna: new six-rowed malting barley cultivar for irrigated crops in the Brazilian savanna. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 160-163, 2013.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; PEIXOTO, J. R.; SAYD, R. M.; Estimation of genetic parameters, phenotypic, genotypic and environmental correlations on barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under irrigation conditions in the Brazilian savanna. **Interciencia**, v. 40, p. 255-262, 2015.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; ARAÚJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, Á. Á. do N.; GUERRA, A. F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação de introduções de linhagens de cevada industriais de coleções nacionais e internacionais, em sistema irrigado In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007b. p. 379-394.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; SAYD, R. M.; PEIXOTO, J. R.; GUERCIA, R. F. Characterization and genetic variability of barley accessions (*Hordeum vulgare* L.) irrigated in the savannas based on malting quality traits. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 120, p. 404-414, 2014.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. D. E. O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas: manual de tecnologias agrícolas**. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007. p. 263-268.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de novembro de 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 25 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF, 2009. 395 p.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas, RS: Ed. Universitária da UFPel, 2004. 142 p.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; HAMBLIN, J. Relationship between barley grain yield measured in low- and high-yielding Environments. **Euphytica**, v.64, n. 1/2, p. 49-58, 1992.

COSTA, N. H. A. D. de; SERAPHIN, J. C.; ZIMMERMANN, F. J. P. Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 243-249, 2002.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Ed. da UFV, 2007.

FAOSTAT. **Statistical databases**. Available at: <<http://faostat.fao.org>>. Acessado em: 14 jul. 2016.

KACZMAREK, J.; ADAMSKI, T.; SURMA, M.; JEŻOWSKI, S.; LEŚNIEWSKA-FRTCZAK, M. Genotype-environment interaction of barley double haploids with regard to malting quality. **Plant Breeding**, v. 118, p. 243-247, 1999.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley & Sons, 1966. 545 p.

LUSH, J. L. Heritability of quantitative traits in farm animals. **Proceeding of 8th International Congress on Genetics**, Hereditas (Supplement), v. 35, p. 356-375, 1949.

MINELLA E. **Mais de 90% da cevada plantada no Brasil é resultado da pesquisa nacional**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/13242920/mais-de-90-da-cevada-plantada-no-brasil-e-resultado-da-pesquisa-nacional>>. Acesso em: 14 jul. 2016.

MINELLA, E. Barley in tropical areas: the brazilian experience. In: **Advance in Barley Sciences**. Springer Netherlands, 2013. p. 359-366.

MIROSAVLJEVIĆ, M.; PRŽULJ, N.; ČANAK, P.; MOMČILOVIĆ, V.; AĆIN, V.; JOCKOVIĆ, B.; HRISTOV, N.; MLADENOV, N. Relationship between grain yield and agronomic traits in winter barley. **Ratarstvo i povrtarstvo**, v. 52, p. 74-79, 2015.

MOLINA-CANO, J. L.; FRANCESCH, M.; PEREZ-VENDRELL, A. M.; RAMO, T.; VOLTAS, J.; BRUFAU, J. Genetic and environmental variation in malting and feed quality of barley. **Journal Cereal Science**, v. 25, p. 37-47, 1997.

MONTEIRO, V. A.; AMABILE, R. F.; SPEHAR, C. R.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A., PEIXOTO, J. R.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; MONTALVÃO, A. P. L. Genetic Parameters and morpho-agronomic characterization of barley working collection in the Brazilian Savannah. **Journal of the Institute of Brewing**, 2018. DOI: 10.1002/jib.484. No prelo.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

SANCHEZ, F. M.; CUNHA, F. F. da; SANTOS, O. F. dos; SOUZA, E. J. de; LEAL, A. J. F.; FARIA THEODORO, G. Desempenho agrônômico de cultivares de cevada cervejeira sob diferentes lâminas de irrigação. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, p. 89-102, 2015.

SAYD, R. M. Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. F.) sob

**irrigação no Cerrado**. 2014. 83 f. Dissertação (Mestrado). Universidade de Brasília, Brasília. 2014.

SMITH, K. P.; SMITH, K. P.; BUDDE, A.; DILL-MACKY, R.; RASMUSSEN, D. C.; SCHIEFELBEIN, E.; STEFFENSON, B.; WIERSMA, J. J.; ZHANG, B. Registration of 'Quest'spring malting barley with improved resistance to Fusarium head blight. **Journal of Plant Registrations**, v. 7, n. 2, p. 125-129, 2013.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 2. ed. New York, NY: McGraw-Hill Publishing, 1980. 633 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2. ed. Campinas, SP: Fundação Cargill, 1987. p. 122-201.

YADAV, S. K.; SINGH, A. K.; PANDEY, P.; SINGH, S. Genetic variability and direct selection criterion for seed yield in segregating generations of barley (*Hordeum vulgare* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 1543-1549, 2015.

## **CAPÍTULO II - PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO**

### **1. RESUMO**

Existe uma demanda por cultivares de cevada que atendam as exigências da indústria de malte, além de, uma busca por genótipos mais adaptados e estáveis em condição irrigada no Cerrado. Neste trabalho, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos avaliados em 69 genótipos de cevada de diferentes países de origem ao longo dos anos de 2012, 2013 e 2014 cultivados sob irrigação no Cerrado. Foram avaliadas seis características agronômicas: rendimento estimado de grãos, classificação comercial de primeira, peso de mil sementes, altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento. Foram realizadas análises de variância, teste de agrupamento de médias e as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre as características. Foram observados efeitos significativos de genótipos (G), anos (A) e também da interação G x A. Foram encontrados altos valores de herdabilidade em sentido amplo (>86%) para todas as características, permitindo ganho por seleção direta nessas condições experimentais. O acesso colombiano MCU 3634 PI 402112 sobressaiu-se aos demais em relação às características agronômicas avaliadas. A estimação de parâmetros genéticos em diferentes anos mostrou boa acurácia e precisão experimental, viabilizando a seleção de genótipos com base nas avaliações fenotípicas. Foi possível também, a seleção de genótipos precoces com alto rendimento de grãos e tamanho de grãos homogêneos, sendo esse, fator decisivo na escolha de cultivares a serem utilizadas pela indústria e utilizadas em sistemas de produção no Cerrado. Devido à grande influência ambiental sobre o rendimento de grãos, são necessários mais estudos a respeito dos componentes de produtividade em cevada no Cerrado a fim de facilitar a seleção de genótipos mais produtivos.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., rendimento de grãos, interação G x A, recursos genéticos.

# GENETIC PARAMETERS AND AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF ELITE BARLEY GENOTYPES UNDER IRRIGATION IN THE SAVANNA

## 2. ABSTRACT

There is a demand for barley cultivars suitable for the malt industry, as well genotypes that are stable and better adapted under irrigation in the Cerrado. This study aimed at estimating the genetic parameters assessing 69 barley genotypes from different countries, from 2012 to 2014, under irrigation in the Cerrado. Six agronomic characteristics were assessed: grain yield, plumpness kernel, thousand seeds weight, plant height, degree of plant lodging and days to heading. The analyses of variance, cluster test and phenotypic, genotypic and environmental correlations were performed. Significant effects were observed for genotypes, years and for the interaction G x E. High values of broad-sense heritability (>86%) were found for all the characteristics, allowing direct selections. The Colombian accession MCU363PI402112 stood out regarding the agronomic characteristics. A genotype selection based on the phenotypic evaluations was possible due to good experimental accuracy and precision. Precocious genotypes with high grain yield and homogeneous grain sizes were selected. Due to the environmental influence on the grain yield, further studies concerning the components of yield in this environment, are necessary to facilitate the selection of more productive genotypes.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., yield, G x E interaction, genetic resources.

### 3. INTRODUÇÃO

A identificação de genótipos para compor os programas de melhoramento genético é indispensável para obtenção de cultivares que atendam a demanda do setor produtivo com relação às características agronômicas de interesse. A busca constante por estratégias de seleção e recombinação visando ao aumento de sua eficiência e dos ganhos genéticos torna-se igualmente importante. De modo geral, os melhoristas buscam incorporar recursos genéticos que tenham alelos favoráveis para características agronômicas de interesse a fim de aumentar a frequência dos mesmos em suas populações de melhoramento.

Visando auxiliar o programa de melhoramento de cevada a partir da seleção de genótipos superiores e mais adaptados ao Cerrado sob condição irrigada, a caracterização agronômica de acessos do banco de germoplasma tem importância fundamental, proporcionando conhecer todo potencial produtivo além de outras características agronômicas de interesse comercial (AMABILE, 2013).

As diferentes respostas dos genótipos frente às mudanças das condições ambientais representam um problema para os agricultores e um grande desafio para os melhoristas. É de interesse de ambos que as plantas cultivadas apresentem, além de alta produtividade, a estabilidade tanto na qualidade como na produtividade em diferentes locais e no decorrer dos anos. A alteração da performance relativa dos genótipos em virtude de diferentes ambientes, denomina-se interação genótipo x ambiente (G x A) (BORÉM; MIRANDA, 2005).

O planejamento e a condução dos experimentos, em programas de melhoramento, se baseiam na interpretação das estimativas dos parâmetros genéticos que permitem inferir a precisão e acurácia experimental, a proporção da variância total devido às diferenças genéticas e à predição do ganho com a seleção de plantas (CRUZ et al., 2004). A condução de experimentos na seleção de genótipos por pelo menos dois anos se faz necessária para separar o efeito ambiental na resposta dos genótipos. Esse efeito pode ser minimizado tanto por acréscimo de locais, como também avaliar os genótipos em diferentes anos.

O estudo da interação genótipo x ambiente é fundamental e vem sendo realizado sistematicamente dentro dos programas de melhoramento da cevada realizado na Embrapa e parceiros e também em outros programas realizados em outros países. Solonechnyi et al. (2015) verificaram ocorrência da interação G x A em relação a produtividade de grãos de 17 genótipos de cevada durante os anos de 2013 e 2014 em dois campos experimentais localizados na Ucrânia. Na Etiópia foram testados 64 genótipos introduzidos de bancos de germoplasma de cevada em três campos experimentais, sendo observados interação G x A para características ligadas a produtividade (HAILU et al., 2015).

No Cerrado, Amabile et al. (2008) relataram em cevada a interação G x A, observando a influência do efeito ambiental (ano) sobre o desempenho de BRS Deméter sob condições irrigadas. Amabile et al. (2015) estimou os parâmetros genéticos de 39 cultivares elite da coleção de trabalho da Embrapa. Contudo, estudos sobre esse tipo de interação em genótipos introduzidos do banco de germoplasma, em diferentes anos, não foram realizados na região do Cerrado para a cultura, principalmente considerando a avaliação de grande número de acessos elite. Neste trabalho, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais e o comportamento agrônômico de 69 acessos de cevada de alta produtividade no decorrer de três anos, em sistema de produção irrigado no Cerrado.

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 69 acessos elite de cevada, dísticos e hexásticos, entre esses a testemunha BRS 180, previamente selecionados para a alta produtividade, a partir de centenas de acessos disponíveis no Banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Os experimentos foram conduzidos entre os meses de maio e setembro dos anos de 2012, 2013 e 2014 sob sistema de irrigação via pivô central, no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso.

O delineamento experimental utilizado foi o de Blocos ao Acaso com três repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>.

De acordo como a classificação de Köppen a área experimental foi classificada como tropical estacional (AW), inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, (NIMER, 1989), (Figura 1).

No sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises química do solo nos anos de 2012, 2013 e 2014 (Tabela 1), foram aplicados 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N por ocasião do surgimento da quinta folha plenamente expandida (AMABILE et al., 2007).

Foram avaliadas seis características agrônômicas: 1. Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. Class1- classificação comercial de primeira (%) de acordo com Brasil (1996); 3. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 4. Altura - altura de plantas (cm) – média de três plantas aleatórias por parcela; 5. Acam - grau de acamamento (dados transformados em  $\text{arcsen } X^{0,5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); 6. Ciclo –

ciclo de espigamento (período da emergência até que 50% das espigas, da área útil da parcela, estivessem visíveis), em dias. As avaliações de altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento foram realizadas no campo experimental e as avaliações de rendimento de grãos, classificação comercial de primeira e PMS foram realizadas no Laboratório de Sementes da Embrapa Cerrados.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância. Os genótipos foram ranqueados com relação a característica rendimento de grãos para cada ambiente.

As estimativas da herdabilidade ao nível de média ( $h^2$ ), dos coeficientes de variação experimental (CVe), genético (CVg), e relativo (CVr) para cada uma das características analisadas, foram calculadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

As correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, foram mensuradas a partir das estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre os caracteres dois a dois, sendo determinadas de acordo com Kempthorne (1966), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

Na classificação das correlações, foram adotados os intervalos propostos por Carvalho et al. (2004), onde as intensidades são tidas como: perfeita ( $|r| = 1$ ); fortíssima ( $0,90 \leq |r| < 1$ ); forte ( $0,60 \leq |r| < 0,90$ ); média ( $0,30 \leq |r| < 0,60$ ); fraca ( $0,00 < |r| < 0,30$ ) e nula ( $r = 0$ ).

## **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os valores de F foram altamente significativos ( $p \leq 0,01$ ) para genótipo (G), ambiente - anos (A) e para a interação G x A para todas as características, indicando os efeitos dos diferentes acessos elite, dos diferentes anos e da interação nas características agrônomicas avaliadas. O efeito da interação G x A é particularmente importante para mostrar as variações no desempenho agrônômico dos acessos elite quando avaliados em diferentes anos.

Para todas as características avaliadas, os valores de F estiveram acima de 5,26, valor relatado por Steel e Torrie (1980) para que se faça uma inferência estatística segura, evidenciando uma acurácia seletiva elevada. Os valores de F para efeito de genótipos variaram de 7,6 (Rend) a 50,4 (PMS) mostrando a existência de diferenças entre as médias dos acessos. Os valores de F para efeito do ambiente variou de 17,4 para Ciclo a 162,7 para PMS e para interação G x A variou de 5,2 (Rend) a 24,5 (Altura) (Tabela 2). Os valores de F para ambiente e para a interação G x A foram menores aos obtidos por Sayd et al. (2017), para as mesmas características, comparando 113 genótipos em dois locais. Dessa maneira, podemos inferir que para as características avaliadas nas condições irrigadas de Cerrado o

fator local teve maior influência na variação fenotípica dos genótipos que o fator ano. Esses resultados corroboram o que foi colocado por Borém & Miranda (2005), que a interação G x A, na maioria das vezes, tem menor relevância para características monogênicas, locais mais homogêneos e espécies perenes se comparadas as características poligênicas, locais heterogêneos e espécies anuais.

Segundo Robertson (1959), existem dois tipos de interação G x A, a simples e a complexa. A interação simples indica a presença de genótipos adaptados a uma ampla faixa de ambientes. A interação complexa indica a presença de genótipos adaptados a ambientes particulares. Para identificar a natureza da interação é necessário que se realize análises de adaptabilidade e estabilidade em vários locais.

Altos valores de herdabilidade indicam, segundo o que preconiza Lush (1949), que a seleção direta pode ser utilizada com sucesso nessas condições experimentais. A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o trabalho do melhorista na avaliação de uma característica métrica e na seleção dos indivíduos visando à obtenção dos ganhos genéticos em espécies anuais como a cevada e também em outras culturas (AMABILE & FALEIRO, 2014). Portanto, devido aos altos cálculos de  $h^2$  obtidos nos experimentos (Tabela 2), espera-se uma alta acurácia seletiva, maximizando os ganhos genéticos para os próximos ciclos de seleção e recombinação. A estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ) indica também a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genotípico, determinando a proporção do ganho obtido com a seleção para essas condições específicas (FALCONER, 1989). Valores de herdabilidade ampla de mesma magnitude foram obtidos por Sayd et al. (2017) em 113 genótipos elite de cevada em dois locais sob condições irrigadas no Cerrado. Addisu e Shumet (2015) avaliando 36 cultivares etíopes também reportaram altos valores de  $h^2$  para características quantitativas em cevada. Amabile & Faleiro (2014) fizeram uma extensa revisão sobre a herdabilidade em cevada, concluindo que para a maioria das características de interesse agrônomo os valores de  $h^2$  são, em geral, elevados (acima de 80%). A característica rendimento de grãos, devido seu perfil quantitativo, é reportada para a maioria das condições experimentais com valores baixos de  $h^2$  (DELOGU et al., 1988; NADZIAK et al., 1994, PESARAKLU et al., 2016), porém dependendo da população de estudo e das condições experimentais podem apresentar elevados cálculos (JALATA et al., 2011.; ADDISU & SHUMET, 2015).

Além da herdabilidade, outro importante parâmetro que indica a acurácia experimental é o coeficiente de variação genotípica (CVg) que quantifica a magnitude da variabilidade genética presente nos genótipos avaliados em diferentes tratamentos (RESENDE, 2002). É

importante considerar a razão  $CV_g/CV_e$ , representado por  $CV_r$  (coeficiente de variação relativa). Quando o valor do  $CV_g$  é superior ao  $CV_e$ , significa que a contribuição genotípica é maior que o efeito ambiental na expressão fenotípica. Portanto, as condições de seleção para tal característica é favorecida em relação ao melhoramento. Valores de  $CV_r$  foram superiores a uma unidade para todas as características, exceto para Rend. Esse valor já era esperado devido a maior variância ambiental na composição da variância fenotípica do Rend (Tabela 2). Uma alternativa para uma eficiente seleção de genótipos para a característica rendimento de grãos seria a seleção indireta por meio de características correlacionadas com a produtividade. Experimentos conduzidos no Cerrado sob irrigação já demonstraram condições favoráveis a seleção (SAYD et al., 2017; AMABILE et al., 2015). Em ensaios conduzidos sob condições de sequeiro, os valores de  $CV_r$  foram inferiores a uma unidade para características agrônômicas de interesse em cevada (ADISSU & SHUMET, 2015; YADAV et al., 2015; AHMADI et al., 2016).

Outro parâmetro que indica o correto controle ambiental nos experimentos é o  $CV_e$ . As estimativas de  $CV_e$  variaram de 2,34% (Ciclo) a 33,59% (Acam), sendo que, de acordo com o critério de classificação de Pimentel-Gomes (1985), houve, quatro características com  $CV_e$ s considerados baixos (Class1, PMS, Altura e Ciclo), um foi considerado mediano (Rend) e outro com  $CV_e$  considerado alto (Acam). As magnitudes destes  $CV_e$ s são similares as encontradas por outros autores (SAYD et al., 2017; AMABILE et al., 2015) e estão dentro dos valores aceitáveis na experimentação agrícola.

A principal característica para cevada, assim como para grande parte das culturas, é o rendimento. Os valores para rendimento de grãos obtiveram maior variação no ano de 2014 e 2012, com  $CV_e$  de 18,51% e 14,7%, respectivamente, enquanto em 2013 o  $CV_e$  foi de 4,84% (Tabelas 4, 5 e 6). O  $CV_e$  conjunto apresentado na Tabela 2 mostra o valor de 14,02%. Sayd et al. (2017) obtiveram baixo valor de  $CV_e$  (3,97%) comparando 113 genótipos elite de cevada em dois locais sob irrigação no Cerrado. Nesse caso, houve melhor controle ambiental para se efetuar a seleção quando os genótipos foram comparados no mesmo ano e em diferentes locais.

Assim como para Rend, e por serem características influenciadas pelo ambiente, as características Classificação comercial de primeira e Acam, mostraram valores elevados de  $CV_e$  (Tabela 2) quando comparados aos obtidos por Sayd et al. (2017). Esses valores contrastantes indicaram como são necessários trabalhos de levantamento de informações acerca dos genótipos em diferentes locais e, sobretudo em diferentes anos de cultivo. Estes trabalhos são importantes para um conhecimento mais amplo de acessos elite e promissores

de cevada em cultivo irrigado no Cerrado. Para as características PMS, Altura e Ciclo, os valores de CVE foram muito próximos aos obtidos por Sayd et al. (2017) e Sayd (2014) em que parâmetros foram obtidos em diferentes locais.

As correlações genotípica, fenotípica e ambientais entre os caracteres avaliados foram em sua grande parte não significativas e de baixa magnitude. Geralmente, a pleiotropia ou estreita ligação gênica são os dois principais motivos para as correlações de características genéticas e muitas vezes são confundidas ao nível dos genes (GARDNER & LATTA, 2007). A correlação de maior intensidade foi entre PMS e Classificação comercial de primeira, o que indica que quanto maior o tamanho dos grãos maior será o peso da massa de grãos. Uma correlação negativa importante foi a de Ciclo x Rend em que se verifica a possibilidade da obtenção de genótipos precoces e ao mesmo tempo de alta produtividade (Tabela 3). Correlações fracas entre os caracteres agrônômicos, mas de mesmo sinal aos obtidos nesse trabalho, foram encontrados por Gebere (2016) e Raham (2015). Outros trabalhos em condições irrigadas de Cerrado encontraram correlações semelhantes às obtidas nesse trabalho (AMABILE et al., 2015; SAYD et al., 2017).

As características agrônômicas avaliadas com base nas principais demandas dos produtores e da indústria foram úteis para verificar a estabilidade e a potencialidade dos genótipos ao longo de três anos em condições irrigadas no Cerrado. Entre os genótipos que mais se mostraram produtivos (médias acima de 5.200 kg ha<sup>-1</sup>) e estáveis ao longo dos três anos de avaliação estão três genótipos canadenses (CI 15560 QB 136-4-1, CI 15591 QB 139-1 e CI 15580 QB 136-41), quatro colombianos (MCU 3634 PI 402112, MCU 3449 PI 401927, MCU 3870 PI 402348 e CI 10022), um etíope (CI 12918), um americano (CI 13683 NUMAR) e a testemunha brasileira BRS 180, todos genótipos hexásticos e de coloração creme. A testemunha BRS 180, cultivar adaptada as condições de Cerrado obteve o maior valor para rendimento de grãos (7.318 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 6), no ano de 2014. Ainda essa cultivar obteve altos cálculos de rendimento de grãos nos outros anos, se posicionando em primeiro lugar em 2014 e segundo lugar na soma de rankings no ano de 2013. No entanto, os genótipos MCU 3634 PI 402112, CI 15580 QB 136-41 e CI 13683 NUMAR superaram ou não se diferenciaram estatisticamente da testemunha BRS 180 em todos os anos (Tabelas 4, 5 e 6), podendo ser selecionados como potenciais cultivares para o Cerrado. Valores dessa magnitude apontam a potencialidade desses genótipos como opção as atuais cultivares que em condições irrigadas no Cerrado atingem em média 6.000 kg ha<sup>-1</sup> (AMABILE et al., 2017).

Para a característica Classificação comercial de primeira, o valor utilizado pelo programa de melhoramento da Embrapa Cerrados e o recomendado pelo MAPA é >80%,

(BRASIL, 1996). Sendo que, quanto maior o grão maior a proporção de amido e consequentemente maior rendimento de açúcares na produção de cerveja. Dentre os 69 genótipos avaliados, 27 foram classificados acima de 80% em 2012, sendo que nos anos de 2013 e 2014, apenas 12 e cinco genótipos, respectivamente (Tabelas 4, 5 e 6). As médias de Classificação comercial de primeira ao longo dos três anos apresentaram diferentes desempenhos, sendo em 2012 (73,1%) a maior média, seguida dos anos 2013 (65,7%) e 2014 (61,9%). Amabile et al. (2017) relatou média de 83% para 39 genótipos elite avaliados em 2009, valores esses buscados como meta na seleção. Os genótipos mais promissores por sua alta classificação e estabilidade foram os colombianos hexásticos MCU 3634 PI 402112, MCU 3469 PI 401947 e MCU 3502 PI 401980 atingindo valores acima de 91% em 2012 (Tabelas 4, 5 e 6).

Para a característica peso de mil sementes (PMS) os genótipos iranianos CI 0996, CI 09961 e o marroquino CI 09958 obtiveram os maiores pesos, com valores quase sempre acima de 50 g. O genótipo que apresentou menor valor também foi de origem iraniana (CI 06946) com peso variando de 33 g a 34 g nos 3 anos. As médias entre os anos ficaram próximas, sendo no ano de 2012, a de maior magnitude (45,1 g). No ano de 2013, foi verificada a menor média (41,1 g), enquanto em 2014 a média foi de 43,3 g (Tabelas 4, 5 e 6). São reportadas grande variação em relação a essa característica, valores entre 28 a 68 g foram obtidas por Daba (2015) em 264 genótipos de origem americana e etíope. Gebere (2016) em 64 genótipos etíopes obteve variação de 33,4 a 52,2. Dados com grande variação também foram descritos por Amabile (2013) e Sayd et al. (2017) em cevada cervejeira no Cerrado.

A altura de plantas variou de 55,6 cm (H HOR 2325/58 PI 329126) a 96,0 cm (MCU 3870 PI 402348) (Tabelas 3 e 5). Os genótipos que apresentaram maior altura em ambos os ensaios foram de origem canadense e colombiano, com valores acima dos 80 cm. No ano de 2012, foi obtida a menor média, de 75,7 cm, seguido da obtida em 2013 com 77,0 cm e em 2014 de 80,1 cm. Valores entre 70 e 80 cm são considerados ideais para as condições de Cerrado irrigado, contribuindo assim, para o menor acamamento de plantas (AMABILE et al., 2015). Em programas de melhoramento por todo o mundo são buscados genótipos com porte baixo e maior resistência ao acamamento (ORDON et al., 2005). Nesse cenário, os valores de altura de plantas obtidos nesse trabalho mostraram que a maioria dos acessos elite avaliados são adequados ao sistema de cultivo no Cerrado.

As cultivares dísticas alemãs CARINA PI 371632 e CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS e os genótipos hexásticos colombianos MCU 3832 PI 402310 e MCU 3452 PI 401930 mostraram-se altamente resistentes ao acamamento em todos os ensaios (Tabelas 4, 5

e 6). Dentre os 69 genótipos avaliados, 28 obtiveram valores para grau de acamamento menores que 30%. A seleção de genótipos mais baixos e mais resistentes ao acamamento possibilita a diminuição no custo de produção. Essa redução pode ser atribuída a não utilização do redutor de crescimento no manejo da cultura. A característica grau de acamamento teve grande variação entre os ensaios, provavelmente devido a diferença climática entre os anos avaliados. No ano de 2013, quando houve maior precipitação pluviométrica, obteve-se o menor CVE e foi o ano em que os genótipos apresentaram em geral maior percentual de acamamento. Nos anos de 2012 e 2014, os valores de grau de acamamento tiveram menor intensidade, possibilitando maior variação no desempenho dos genótipos. É importante ressaltar que a correlação entre acamamento e rendimento de grãos foi de baixa intensidade e não significativa (Tabela 3), assim como observado por Amabile et al. (2015). Este resultado indica a possibilidade de seleção de genótipos com alto rendimento e com baixo índice de acamamento.

A cevada no Cerrado tem sua viabilidade em grande parte vinculada ao sistema de cultivo irrigado. Nesse cenário, torna-se essencial a busca por genótipos mais precoces para ciclo de espigamento, conseqüentemente são selecionados genótipos que fazem o uso mais eficiente de água. No sistema irrigado a relevância de genótipos precoces também se dá devido ao viés econômico, uma vez que a área irrigada é liberada o mais rapidamente para o cultivo subsequente. O genótipo colombiano MCU 3634 PI 402112 foi um dos que apresentaram menor Ciclo, variando de 51 a 55 dias durante os três anos (Tabelas 4, 5 e 6). Esse genótipo além de precoce foi um dos que se destacou em relação a rendimento de grãos, colocando-se como um potencial genótipo a ser selecionado para avaliações futuras e para compor a base de cruzamentos do programa de melhoramento. Além deste genótipo, outros genótipos colombianos também tiveram destaque com relação à precocidade.

As médias de Ciclo entre os anos foram muito próximas sendo de 57,6 dias em 2012, 60,3 dias em 2013 e 57,9 dias em 2014 (Tabelas 4, 5 e 6). Os genótipos avaliados obtiveram ciclo de espigamento de mesma magnitude aos valores encontrados por Amabile et al. (2015), que reportou média de 59 dias para 39 genótipos elite de cevada sob irrigação no Cerrado. Os valores obtidos são considerados precoces principalmente quando comparado a variedades palestinas que apresentaram ciclo de espigamento variando de 88 a 112 dias (SHTAYA et al., 2015), 20 cultivares etíopes (74 a 100 dias) avaliadas por Ebrahim, et al. (2015) e de 65 a 92 dias observadas em 36 variedades etíopes (ADDISU & SHUMET, 2015) e ainda mais quando comparamos com genótipos de inverno reportados atingindo a maturação em média de 180 dias (SAMERI, et al., 2006).

## 6. CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos obtidos para os 69 acessos elite de cevada avaliados em sistema irrigado no Cerrado durante 3 anos sucessivos de cultivo demonstram adequada precisão e acurácia experimental para a maioria das características agronômicas.

Existe efeito da interação G x A para todas características agronômicas avaliadas, evidenciando a importância da avaliação dos acessos elite em diferentes anos e ambiente, subsidiando a seleção de genótipos mais adaptados e estáveis nas condições do Cerrado.

O acesso colombiano MCU 3634 PI 402112 sobressaiu-se aos demais em relação às principais características agronômicas avaliadas.

A seleção de genótipos precoces com alto rendimento e homogeneidade de grãos é possível, o que é relevante pois agrega características interessantes ao produtor dos sistemas irrigados no Cerrado e também para indústria cervejeira.

Devido a grande influência ambiental sobre o rendimento de grãos, é necessária a avaliação dos genótipos em diferentes ambientes e anos para subsidiar a seleção dos melhores, com adequada precisão e acurácia experimental.

## 7. TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Resultados da análise química do solo da área experimental na profundidade de 0-10, 10-20, 20-30 e 30-40 cm nos anos de 2012, 2013 e 2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

CPAC 2012								
Profund.	M.O.	pH	P	K	Al	H+Al	Ca	Mg
cm	%	(água)	mg dm <sup>-3</sup>	-----cmolc dm <sup>-3</sup> -----				
0-10	3,95	5,84	55,63	0,34	0,12	6,76	2,65	0,55
10-20	3,49	5,56	20,38	0,24	0,15	6,55	2,29	0,56
20-30	3,03	5,22	8,58	0,24	0,39	6,43	1,31	0,29
30-40	2,26	5,18	3,91	0,27	0,4	5,52	0,88	0,17

CPAC 2013								
Profund.	M.O.	pH	P	K	Al	H+Al	Ca	Mg
cm	%	(água)	mg dm <sup>-3</sup>	-----cmolc dm <sup>-3</sup> -----				
0-10	3,80	7,02	55,83	0,46	0,04	1,97	5,95	1,33
10-20	3,42	6,85	50,95	0,35	0,02	1,54	7,15	1,41
20-30	3,13	6,5	18,34	0,21	0,06	2,13	5,4	1,0
30-40	2,45	6,58	9,88	0,23	0,01	1,54	6,2	1,0

CPAC 2014								
Profund.	M.O.	pH	P	K	Al	H+Al	Ca	Mg
cm	%	(água)	mg dm <sup>-3</sup>	-----cmolc dm <sup>-3</sup> -----				
0-10	2,99	5,79	43,13	0,40	0,02	0,63	4,15	0,94
10-20	2,53	5,96	1,67	0,32	0,01	0,5	4,08	0,85
20-40	3,91	6,21	6,90	0,21	0,01	0,39	3,90	0,87

Profund.: profundidade do solo coletado; M.O: matéria orgânica; pH: potencial Hidrogeniônico; P: fósforo; K: Potássio; Al: Alumínio; H+Al: Hidrogênio + Alumínio; Ca: Cálcio; Mg: Magnésio.

**Tabela 2.** Análise de variância, média e parâmetros genéticos das características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias) avaliadas em 69 acessos de cevada durante os anos 2012, 2013 e 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

FV	G.L.	Valores de F					
		Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
Genótipo	68	7,6**	32,7**	50,4**	43,0**	42,8**	68,3**
Ambiente	2	91,5**	83,1**	162,7**	76,0**	99,1**	17,4**
G X A	136	5,2**	7,0**	19,3**	24,5**	11,1**	24,4**
Resíduo	408						
Média		4636,5	66,5	43,2	77,6	41,6	58,6
Estimadores		Estimativas dos parâmetros genéticos					
		Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
h <sup>2</sup> (%)		86,96	96,94	98,01	97,67	97,60	98,53
CVg		12,06	18,51	9,31	9,15	72,47	6,41
CVe		14,02	9,86	3,97	4,23	33,59	2,34
CVr		0,86	1,87	2,34	2,16	2,15	2,73

\* Significativo a 5% de probabilidade; \*\* Significativo a 1% de probabilidade.

**Tabela 3.** Coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre os caracteres de rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) em 69 acessos de cevada durante os anos de 2012, 2013 e 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

		Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
Rend							
Class1	r <sub>f</sub>	0,0614					
	r <sub>g</sub>	0,0566					
	r <sub>a</sub>	0,1498					
PMS	r <sub>f</sub>	-0,0402	0,5529**				
	r <sub>g</sub>	-0,0437	0,5656				
	r <sub>a</sub>	0,0034	0,0636				
Altura	r <sub>f</sub>	0,0229	0,0082	-0,1282			
	r <sub>g</sub>	0,0205	0,0083	-0,1316			
	r <sub>a</sub>	0,0734	0,0058	0,0270			
Acam	r <sub>f</sub>	0,2091	-0,3861**	0,0807	0,0124		
	r <sub>g</sub>	0,2124	-0,3942	-0,0834	0,0110		
	r <sub>a</sub>	0,2416	-0,0967	0,0410	0,0712		
Ciclo	r <sub>f</sub>	-0,3352**	-0,2879*	-0,0766	0,1330	0,0901	
	r <sub>g</sub>	-0,3573	-0,2912	-0,0775	0,1361	0,0937	
	r <sub>a</sub>	-0,1028	-0,1547	-0,0274	0,0177	-0,1024	

\* Significativo a 5% de probabilidade; \*\* Significativo a 1% de probabilidade.

**Tabela 4.** Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2012 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

<sup>1</sup> Rank	Genótipo	Rend	Class1	PMS	Altura	<sup>3</sup> Acam	Ciclo	<sup>2</sup> TE	<sup>2</sup> PO
56	CI 13824 ATLAS 68	3339,3 d	67 b	51 a	74,6 c	0,080 b	64,3 c	6	EUA
1	CI 10022	6807,3 a	69 b	45,5 b	71,6 c	0,100 a	55,3 d	6	Colômbia
32	CI 13711	4401,6 c	81 a	51,6 a	76 c	0,000 d	56,6 d	6	Colômbia
40	CI 10071 WOLFE	4205,3 c	85 a	42 c	61,3 e	0,000 d	53 d	6	Canadá
20	MCU 3870 PI 402348	5092 b	91 a	47,1 b	85 b	0,055 c	53,3 d	6	Colômbia
29	MCU 3502 PI 401980	4478,6 c	93 a	42,8 c	85,3 b	0,000 d	53 d	6	Colômbia
47	CI 12068 MAZOWIECKI	3874,6 d	58 c	38,3 d	83,3 b	0,000 d	55 d	6	Polônia
8	MCU 3654 PI 402132	5340,6 b	91 a	53,6 a	72 c	0,096 a	50,3 e	6	Colômbia
37	MCU 3449 PI 401927	4255,6 c	64 c	45 b	73 c	0,097 a	62,3 c	6	Colômbia
30	CI 06244	4465 c	73 b	47,5 b	65,3 d	0,098 a	54,6 d	6	EUA
24	CI 09952	4714,6 c	75 b	53 a	85,3 b	0,095 a	57 d	6	Rússia
34	MCU 3884 PI 402362	4324 c	83 a	43,6 c	60,3 e	0,000 d	54,6 d	6	Colômbia
65	MCU 3852 PI 402330	2220,6 e	78 b	38,5 d	62 e	0,000 d	55 d	6	Colômbia
62	CI 12367 BRANISOVKY	3096,3 d	69 b	45,5 b	76,3 c	0,000 d	67,3 b	2	República Tcheca
35	MCU 3865 PI 402343	4321,3 c	86 a	47,3 b	72 c	0,091 a	53,6 d	6	Colômbia
59	CARINA PI 371632	3231,6 d	65 c	44,5 b	85,6 b	0,000 d	66,6 b	2	Alemanha
15	MCU 3634 PI 402112	5178 b	87 a	50,5 a	74,3 c	0,000 d	51,3 e	6	Colômbia
6	CI 12918	5448,3 b	82 a	52,1 a	81,3 b	0,096 a	53,3 d	6	Etiópia
61	MCU 3750 PI 402228	3151 d	84 a	42,8 c	72 c	0,000 d	50 e	6	Colômbia
43	CI 15323 2222-79	4118,6 c	55 c	46,6 b	71 c	0,097 a	66,6 b	6	Tunísia
13	MCU 3878 PI 402356	5240,6 b	75 b	50,3 a	76 c	0,000 d	50,3 e	6	Colômbia
48	CI 09962	3831,3 d	84 a	53,3 a	63,6 d	0,000 d	65,3 b	6	Irã
4	MCU 3478 PI 401956	5890,6 a	58 c	42,8 c	85 b	0,053 c	51,3 e	6	Colômbia
57	CI 06109 VELVON	3339,3 d	75 b	38,3 d	85,3 b	0,095 a	75,6 a	6	EUA
54	CI 14041	3373,6 d	71 b	47,6 b	93,6 a	0,080 b	66 b	6	Etiópia
45	CI 07772	4078 c	70 b	44,3 c	76,3 c	0,100 a	51 e	6	Índia
17	CI 15580 QB 136-41	5167 b	85 a	43 c	72,3 c	0,100 a	58 c	6	Canadá
21	MCU 3454 PI 401932	5046,6 b	68 b	41,5 c	82,3 b	0,081 b	52,6 d	6	Colômbia
58	CI 15279 2528-23	3251 d	45 d	38,1 d	66 d	0,065 c	67,3 b	6	Tunísia
44	CI 10017 RASPA COMUN 1085	4114,3 c	38 d	41,1 c	85 b	0,100 a	64 c	6	Colômbia
50	CI 14031	3684 d	55 c	46,8 b	74,3 c	0,000 d	67,3 b	6	Etiópia
68	MCU 3484 PI 401962	1198,6 e	65 c	40,6 c	73,3 c	0,000 d	48,6 f	6	Colômbia
26	MCU 3461 PI 401939	4645,6 c	83 a	45 b	86,3 b	0,000 d	51 e	6	Colômbia
46	CI 09961	4044,6 c	79 a	54,1 a	76,3 c	0,078 b	56,3 d	6	Irã
27	CI 14925 ELS 6402-512	4641,3 c	61 c	41,6 c	74,6 c	0,000 d	63,6 c	6	Etiópia
51	CI 15565 QB 136-20	3673,6 d	76 b	43,3 c	91 a	0,000 d	62,3 c	6	Canadá
60	CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	3226,6 d	75 b	48,5 b	75 c	0,000 d	65,3 b	2	Alemanha
49	CI 10078 ATLAS 57	3830,6 d	76 b	46,5 b	82,6 b	0,000 d	66 b	6	EUA
33	MCU 3556 PI 402034	4362,3 c	72 b	45,3 b	83,6 b	0,000 d	63,3 c	6	Colômbia
14	CI 15591 QB 139-1	5183 b	79 a	28,5 f	85 b	0,058 c	57,3 d	6	Canadá
63	CI 06946	3087,6 d	22 d	33,5 e	83 b	0,100 a	53,3 d	6	Irã
12	CI 13715	5252 b	72 b	42,6 c	72,6 c	0,055 c	62,6 c	6	Colômbia
53	MCU 3816 PI 402294	3544,6 d	93 a	50,3 a	71,6 c	0,000 d	52 e	6	Colômbia
28	MCU 3851 PI 402329	4538,6 c	83 a	44,8 b	73,3 c	0,000 d	63 c	6	Colômbia
2	MCU 3469 PI 401947	6393 a	94 a	43,3 c	75 c	0,000 d	48 f	6	Colômbia
16	CI 09958	5176,3 b	91 a	51,1 a	63,6 d	0,000 d	60,6 c	6	Marrocos

Continuação								
41	MCU 3827 PI 402305	4167,3 c	96 a	52,5 a	75,3 c	0,000 d	51,6 e 6	Colômbia
67	CI 13894	1314 e	64 c	47,3 b	92,6 a	0,000 d	53,6 d 6	EUA
39	CI 10501 ATHENAIS S-50-34	4236,6 c	84 a	47,6 b	58 e	0,087 b	55 d 6	Chipre
52	CI 09959	3555,3 d	84 a	53,8 a	68 c	0,000 d	54 d 6	Marrocos
36	CI 15560 QB 136-4-1	4270 c	72 b	43 c	82,3 b	0,096 a	62,3 c 6	Canadá
18	MCU 3489 PI 401967	5164,3 b	86 a	45 b	85,6 b	0,000 d	50,3 e 6	Colômbia
38	CI 06188	4239,3 c	43 d	38,3 d	74,3 c	0,100 a	63 c 6	México
64	MCU 3653 PI 402131	2257,3 e	86 a	42,1 c	61,3 e	0,000 d	50,3 e 6	Colômbia
10	CI 12920	5272,3 b	73 b	51,1 a	85,6 b	0,100 a	53,3 d 6	Etiópia
9	CI 13683 NUMAR	5285,6 b	40 d	36,8 d	70,6 c	0,000 d	66 b 6	EUA
69	MCU 3719 PI 402197	1154,6 e	73 b	45,6 b	72,6 c	0,000 d	64,6 b 6	Colômbia
66	MCU 3858 PI 402336	2201 e	74 b	42,6 c	80,6 b	0,000 d	65,6 b 6	Colômbia
11	MCU 3883 PI 402361	5259,3 b	69 b	45 b	73,6 c	0,000 d	54 d 6	Colômbia
22	GALOVER (C A N 1126) PI 361636	5039 b	76 b	45,1 b	84,6 b	0,000 d	55 d 2 e 6	Dinamarca
3	CI 10018 RASPA PRECOZ 604	6171 a	81 a	41 c	83,3 b	0,100 a	53,6 d 6	Colômbia
31	MCU 3571 PI 402049	4460,6 c	90 a	52,1 a	75 c	0,000 d	48 f 6	Colômbia
42	MCU 3721 PI 402199	4130 c	74 b	44,1 c	72 c	0,000 d	63,3 c 6	Colômbia
23	E 3/416 PI 356495	5017 b	35 d	42,3 c	72 c	0,100 a	55,3 d 6	Etiópia
5	HHOR 2325/58 PI 329126	5597,6 b	41 d	35,5 d	55,6 e	0,000 d	63,3 c 6	Afeganistão
55	MCU 3452 PI 401930	3346 d	72 b	52 a	67,3 d	0,000 d	54,6 d 6	Colômbia
25	MCU 3832 PI 402310	4702,3 c	83 a	44 c	83 b	0,000 d	62,6 c 6	Colômbia
7	MCU 3592 PI 402070	5364,3 b	84 a	43 c	73,3 c	0,000 d	46 f 6	Colômbia
19	BRS 180	5104,6 b	86 a	45,1 b	61,3 e	0,000 d	53,3 d 6	Brasil
	<b>Média</b>	<b>4249,1</b>	<b>73,1</b>	<b>45,1</b>	<b>75,7</b>	<b>0,036</b>	<b>57,6</b>	
	<b>h<sup>2</sup></b>	<b>90,0</b>	<b>90,9</b>	<b>93,8</b>	<b>96,8</b>	<b>97,3</b>	<b>97,2</b>	
	<b>CV</b>	<b>14,7</b>	<b>11</b>	<b>4,8</b>	<b>3,5</b>	<b>37,4</b>	<b>3,1</b>	

<sup>1</sup> Rank – Ranqueamento dos genótipos em relação a característica Rend.

<sup>2</sup> TE – Tipo de espiga; <sup>2</sup>PO – País de origem.

<sup>3</sup> Dados transformados em arco seno  $x^{1/2}/100$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

**Tabela 5.** Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2013 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

<sup>1</sup> Rank	Genótipo	Rend	Class1	PMS	Altura	<sup>3</sup> Acam	Ciclo	<sup>2</sup> TE	<sup>2</sup> PO*
47	CI 13824 ATLAS 68	4314,3 e	75 d	44,3 c	79,0 f	0,095 a	63,3 d	6	EUA
17	CI 10022	5444,0 b	70 e	42,3 d	69,6 i	0,098 a	58,6 g	6	Colômbia
14	CI 13711	5533,6 b	73 d	41,0 d	84,0 d	0,099 a	59,6 f	6	Colômbia
19	CI 10071 WOLFE	5337,6 b	75 d	39,0 d	91,6 b	0,098 a	60,0 f	6	Canadá
20	MCU 3870 PI 402348	5237,6 c	75 d	38,3 d	94,3 a	0,099 a	60,3 f	6	Colômbia
22	MCU 3502 PI 401980	5147,3 c	82 c	43,3 c	87,0 c	0,091 b	58,6 g	6	Colômbia
24	CI 12068 MAZOWIECKI	5128,3 c	70 e	33,3 f	81,3 e	0,096 a	60,6 f	6	Polônia
27	MCU 3654 PI 402132	5065,6 c	80 c	38,3 d	79,0 f	0,088 b	54,3 i	6	Colômbia
9	MCU 3449 PI 401927	5767,6 b	73 d	50,0 b	82,3 e	0,000 g	61,6 e	6	Colômbia
23	CI 06244	5136,3 c	71 e	40,6 d	76,0 g	0,098 a	60,3 f	6	EUA
45	CI 09952	4322,0 e	83 c	44,6 c	84,0 d	0,088 b	57,6 g	6	Rússia
25	MCU 3884 PI 402362	5111,0 c	62 f	44,6 c	64,3 k	0,098 a	52,3 j	6	Colômbia
41	MCU 3852 PI 402330	4541,0 d	75 d	39,6 d	69,6 i	0,039 f	60,3 f	6	Colômbia
58	CI 12367 BRANISOVKY	3988,0 e	53 h	44,0 c	78,6 f	0,084 b	64,3 d	2	República Tcheca
32	MCU 3865 PI 402343	4939,6 c	74 d	45,3 c	74,0 h	0,041 f	61,3 e	6	Colômbia
56	CARINA PI 371632	4050,0 e	85 b	40,6 d	80,0 f	0,000 g	67,6 b	2	Alemanha
3	MCU 3634 PI 402112	6031,6 a	71 e	35,6 e	83,3 d	0,098 a	54,6 i	6	Colômbia
43	CI 12918	4471,3 d	83 c	48,6 b	76,0 g	0,098 a	62,6 e	6	Etiópia
39	MCU 3750 PI 402228	4634,0 d	85 b	47,6 b	72,0 h	0,043 f	63,6 d	6	Colômbia
63	CI 15323 2222-79	3636,0 f	71 e	48,6 b	79,6 f	0,098 a	65,6 c	6	Tunísia
50	MCU 3878 PI 402356	4234,6 e	60 f	39,6 d	73,0 h	0,061 d	53,3 i	6	Colômbia
38	CI 09962	4671,0 d	91 a	57,0 a	69,3 i	0,063 d	60,3 f	6	Irã
15	MCU 3478 PI 401956	5524,6 b	72 d	36,0 e	83,0 e	0,085 b	60,0 f	6	Colômbia
29	CI 06109 VELVON	4987,3 c	71 e	40,6 d	79,3 f	0,078 c	68,6 a	6	EUA
64	CI 14041	3629,3 f	69 e	46,0 c	80,0 f	0,052 e	68,6 a	6	Etiópia
28	CI 07772	5005,0 c	62 f	41,3 d	69,0 i	0,088 b	52,0 j	6	Índia
4	CI 15580 QB 136-41	5983,0 a	74 d	45,3 c	95,0 a	0,075 c	62,6 e	6	Canadá
40	MCU 3454 PI 401932	4600,0 d	72 d	44,3 c	85,0 c	0,093 a	60,6 f	6	Colômbia
18	CI 15279 2528-23	5430,0 b	73 d	45,6 c	83,0 e	0,098 a	65,6 c	6	Tunísia
51	CI 10017 RASPA COMUN 1085	4193,6 e	71 e	43,6 c	78,0 f	0,098 a	65,6 c	6	Colômbia
61	CI 14031	3719,0 f	57 g	40,0 d	83,6 d	0,061 d	67,0 b	6	Etiópia
1	MCU 3484 PI 401962	6508,3 a	72 d	34,3 e	86,0 c	0,079 c	50,3 k	6	Colômbia
62	MCU 3461 PI 401939	3644,3 f	68 e	43,3 c	91,0 b	0,088 b	62,0 e	6	Colômbia
13	CI 09961	5553,3 b	86 b	48,6 b	80,0 f	0,088 b	60,3 f	6	Irã
52	CI 14925 ELS 6402-512	4171,6 e	57 g	44,6 c	79,0 f	0,099 a	66,0 c	6	Etiópia
33	CI 15565 QB 136-20	4861,3 c	72 d	42,3 d	84,0 d	0,094 a	67,0 b	6	Canadá
37	CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	4728,0 d	83 c	49,0 b	67,0 j	0,000 g	66,0 c	2	Alemanha
16	CI 10078 ATLAS 57	5516,6 b	86 b	43,0 c	85,6 c	0,055 e	68,6 a	6	EUA
67	MCU 3556 PI 402034	3455,3 f	72 d	42,0 d	87,6 c	0,000 g	64,0 d	6	Colômbia
35	CI 15591 QB 139-1	4736,0 d	63 f	35,3 e	86,0 c	0,098 a	57,6 g	6	Canadá
21	CI 06946	5234,6 c	33 j	34,0 f	84,0 d	0,098 a	60,6 f	6	Irã
48	CI 13715	4284,6 e	62 f	44,3 c	61,6 l	0,098 a	55,3 i	6	Colômbia
26	MCU 3816 PI 402294	5067,6 c	72 d	44,0 c	74,3 h	0,088 b	54,3 i	6	Colômbia
7	MCU 3851 PI 402329	5828,6 b	71 e	38,3 d	74,0 h	0,099 a	63,6 d	6	Colômbia
10	MCU 3469 PI 401947	5749,6 b	75 d	44,0 c	76,0 g	0,041 f	52,6 j	6	Colômbia

Continuação								
68	CI 09958	3199,0 g	88 a	58,0 a	76,0 g	0,062 d	57,0 h 6	Marrocos
44	MCU 3827 PI 402305	4444,0 d	64 f	41,0 d	68,0 j	0,088 b	51,0 k 6	Colômbia
8	CI 13894	5823,0 b	51 h	36,0 e	76,0 g	0,000 g	60,3 f 6	EUA
53	CI 10501 ATHENAIS S-50-34	4157,3 e	63 f	35,6 e	79,6 f	0,098 a	58,0 g 6	Chipre
31	CI 09959	4952,6 c	85 b	45,0 c	73,0 n	0,055 e	57,3 g 6	Marrocos
11	CI 15560 QB 136-4-1	5733,0 b	50 h	33,0 f	87,0 n	0,098 a	65,0 c 6	Canadá
54	MCU 3489 PI 401967	4134,0 e	69 e	40,3 d	84,0 d	0,068 d	57,0 h 6	Colômbia
60	CI 06188	3790,3 f	42 i	35,6 e	84,3 d	0,099 a	67,3 b 6	México
30	MCU 3653 PI 402131	4953,0 c	62 f	38,6 d	90,0 b	0,098 a	54,3 i 6	Colômbia
42	CI 12920	4488,0 d	54 h	40,6 d	85,3 c	0,098 a	58,3 g 6	Etiópia
5	CI 13683 NUMAR	5959,3 a	32 j	44,6 c	84,0 d	0,098 a	69,0 a 6	EUA
49	MCU 3719 PI 402197	4235,0 e	65 e	40,3 d	79,0 f	0,068 d	65,6 c 6	Colômbia
57	MCU 3858 PI 402336	4030,0 e	72 e	40,3 d	82,3 e	0,045 f	58,6 g 6	Colômbia
46	MCU 3883 PI 402361	4318,0 e	32 j	36,0 e	83,3 d	0,063 d	54,6 i 6	Colômbia
12	GALOVER (C A N 1126) PI 361636	5609,3 b	45 i	31,3 f	82,3 e	0,098 a	62,3 e 2 e 6	Dinamarca
66	CI 10018 RASPA PRECOZ 604	3484,0 f	43 i	43,0 c	74,0 h	0,098 a	56,3 h 6	Colômbia
36	MCU 3571 PI 402049	4735,0 d	62 f	32,0 f	75,6 g	0,098 a	52,0 j 6	Colômbia
69	MCU 3721 PI 402199	2845,6 g	52 h	34,0 f	76,6 g	0,055 e	63,6 d 6	Colômbia
34	E 3/416 PI 356495	4814,6 d	17 k	32,0 f	57,6 m	0,100 a	61,6 e 6	Etiópia
65	HHOR 2325/58 PI 329126	3586,6 f	36 j	35,6 e	60,3 l	0,000 g	65,0 c 6	Afeganistão
59	MCU 3452 PI 401930	3821,0 f	62 f	35,0 e	64,0 k	0,000 g	56,3 h 6	Colômbia
6	MCU 3832 PI 402310	5847,3 b	43 i	33,3 f	80,0 f	0,000 g	60,0 f 6	Colômbia
55	MCU 3592 PI 402070	4087,0 e	52 h	40,0 d	86,0 c	0,000 g	52,6 j 6	Colômbia
2	BRS 180	6244,3 a	60 f	38,6 d	78,6 f	0,048 e	58,0 g 6	Brasil
<b>Média</b>		<b>4760,1</b>	<b>65,7</b>	<b>41,1</b>	<b>78,9</b>	<b>0,072</b>	<b>60,3</b>	
<b>h<sup>2</sup></b>		<b>97,3</b>	<b>99,4</b>	<b>96,3</b>	<b>99,8</b>	<b>99,1</b>	<b>99,2</b>	
<b>CV</b>		<b>4,8</b>	<b>2,9</b>	<b>4,3</b>	<b>1,2</b>	<b>9,4</b>	<b>1,1</b>	

<sup>1</sup> Rank – Ranqueamento dos genótipos em relação a característica Rend.

<sup>2</sup> TE – Tipo de espiga; <sup>2</sup>PO – País de origem.

<sup>3</sup> Dados transformados em arco seno  $x^{1/2}/100$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

**Tabela 6.** Médias, herdabilidades e coeficientes de variação das características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias) em 69 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% no ano de 2014 na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

<sup>1</sup> Rank	Genótipo	Rend	Class1	PMS	Altura	<sup>3</sup> Acam	Ciclo	<sup>2</sup> TE	<sup>2</sup> PO
12	CI 13824 ATLAS 68	5469,3 a	61,0 b	46,6 e	82,3 b	0,092 a	57,3 d	6	EUA
25	CI 10022	5047,0 b	47,0 c	39,0 i	81,0 b	0,097 a	58,6 d	6	Colômbia
44	CI 13711	4644,0 b	62,5 b	55,4 b	76,3 c	0,026 c	55,3 e	6	Colômbia
58	CI 10071 WOLFE	4336,0 b	72,0 a	36,2 j	93,0 a	0,032 c	61,3 c	6	Canadá
10	MCU 3870 PI 402348	5534,3 a	76,5 a	37,3 j	96,0 a	0,026 c	58,0 d	6	Colômbia
42	MCU 3502 PI 401980	4663,7 b	81,5 a	40,3 i	84,6 b	0,000 c	60,0 c	6	Colômbia
47	CI 12068 MAZOWIECKI	4596,7 b	57,0 b	37,1 j	81,3 b	0,066 b	58,0 d	6	Polônia
31	MCU 3654 PI 402132	4972,0 b	56,5 b	44,3 f	75,6 c	0,018 c	55,3 e	6	Colômbia
7	MCU 3449 PI 401927	6073,7 a	72,0 a	51,4 d	73,6 c	0,013 c	58,3 d	6	Colômbia
20	CI 06244	5213,7 a	64,5 b	40,5 i	77,0 c	0,090 a	55,3 e	6	EUA
29	CI 09952	5012,3 b	80,0 a	50,5 d	84,0 b	0,022 c	59,3 c	6	Rússia
55	MCU 3884 PI 402362	4428,3 b	75,0 a	40,8 i	64,6 d	0,018 c	61,0 c	6	Colômbia
9	MCU 3852 PI 402330	5716,0 a	71,5 a	41,9 h	77,3 c	0,000 c	62,0 b	6	Colômbia
51	CI 12367 BRANISOVKY	4530,7 b	61,0 b	36,4 j	84,3 b	0,026 c	62,3 b	2	República Tcheca
17	MCU 3865 PI 402343	5348,0 a	73,5 a	49,6 d	74,6 c	0,000 c	52,6 f	6	Colômbia
68	CARINA PI 371632	3335,3 b	72,5 a	42,1 g	72,6 c	0,000 c	53,6 f	2	Alemanha
5	MCU 3634 PI 402112	6138,0 a	82,5 a	44,4 f	91,0 a	0,000 c	55,0 e	6	Colômbia
8	CI 12918	5932,3 a	62,0 b	50,5 d	85,0 b	0,091 a	58,0 d	6	Etiópia
13	MCU 3750 PI 402228	5454,3 a	70,0 a	43,3 g	93,0 a	0,000 c	57,3 d	6	Colômbia
41	CI 15323 2222-79	4689,3 b	46,5 c	35,4 k	73,0 c	0,098 a	57,3 d	6	Tunísia
4	MCU 3878 PI 402356	6382,0 a	65,5 b	44,8 f	92,6 a	0,000 c	57,3 d	6	Colômbia
67	CI 09962	3478,0 b	64,5 b	50,2 d	78,3 c	0,063 b	57,0 d	6	Irã
45	MCU 3478 PI 401956	4616,0 b	59,5 b	40,3 i	84,3 b	0,026 c	57,3 d	6	Colômbia
66	CI 06109 VELVON	3492,0 b	43,0 c	41,6 h	86,0 b	0,071 b	57,3 d	6	EUA
48	CI 14041	4587,0 b	53,5 b	40,9 h	82,3 b	0,036 c	57,3 d	6	Etiópia
19	CI 07772	5250,0 a	42,5 c	40,5 i	57,6 e	0,082 b	58,6 d	6	Índia
6	CI 15580 QB 136-41	6105,7 a	55,0 b	38,3 j	95,0 a	0,078 b	57,3 d	6	Canadá
57	MCU 3454 PI 401932	4342,0 b	59,5 b	40,3 i	63,0 d	0,048 c	58,0 d	6	Colômbia
62	CI 15279 2528-23	3943,3 b	38,0 c	50,4 d	64,0 d	0,094 a	58,0 d	6	Tunísia
34	CI 10017 RASPA COMUN 1085	4877,7 b	35,0 c	38,1 j	79,6 b	0,085 a	59,3 c	6	Colômbia
64	CI 14031	3869,0 b	41,0 c	43,1 g	84,3 b	0,066 b	61,3 c	6	Etiópia
56	MCU 3484 PI 401962	4426,7 b	81,0 a	42,7 g	78,0 c	0,000 c	59,3 c	6	Colômbia
33	MCU 3461 PI 401939	4898,3 b	76,0 a	44,3 f	80,6 b	0,000 c	59,3 c	6	Colômbia
18	CI 09961	5252,3 a	57,5 b	52,5 c	91,6 a	0,032 c	58,0 d	6	Irã
37	CI 14925 ELS 6402-512	4787,7 b	41,5 c	40,3 i	94,0 a	0,089 a	59,3 c	6	Etiópia
11	CI 15565 QB 136-20	5487,3 a	66,0 b	38,2 j	92,3 a	0,040 c	59,6 c	6	Canadá
54	CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	4452,3 b	68,5 b	53,2 c	81,0 b	0,026 c	57,3 d	2	Alemanha
65	CI 10078 ATLAS 57	3515,0 b	74,5 a	41,2 h	80,6 b	0,068 b	64,6 a	6	EUA
49	MCU 3556 PI 402034	4572,0 b	54,0 b	43,3 g	88,6 a	0,040 c	62,6 b	6	Colômbia
3	CI 15591 QB 139-1	6525,0 a	71,0 a	42,9 g	90,3 a	0,051 c	63,0 b	6	Canadá
61	CI 06946	4087,3 b	31,5 c	34,6 k	93,3 a	0,080 b	59,3 c	6	Irã
52	CI 13715	4505,7 b	74,5 a	40,6 i	82,0 b	0,000 c	59,3 c	6	Colômbia
27	MCU 3816 PI 402294	5039,0 b	64,0 b	38,2 j	73,0 c	0,055 b	54,3 e	6	Colômbia
22	MCU 3851 PI 402329	5185,3 a	74,0 a	53,5 c	85,6 b	0,000 c	62,6 b	6	Colômbia
46	MCU 3469 PI 401947	4598,3 b	73,5 a	39,9 i	80,0 b	0,000 c	64,6 a	6	Colômbia
30	CI 09958	4984,7 b	71,5 a	45,8 e	75,6 c	0,063 b	58,6 d	6	Marrocos

Continuação							
69	MCU 3827 PI 402305	3291,3	b 79,5	a 58,7	a 74,6	c 0,000	c 58,0 d 6 Colômbia
23	CI 13894	5052,3	b 33,5	c 37,5	j 85,3	b 0,063	b 54,6 e 6 EUA
39	CI 10501 ATHENAIS S-50-34	4710,7	b 60,5	b 44,2	f 55,6	e 0,097	a 56,6 d 6 Chipre
36	CI 09959	4862,3	b 72,0	a 43,4	g 76,3	c 0,000	c 57,3 d 6 Marrocos
2	CI 15560 QB 136-4-1	6627,3	a 59,0	b 43,3	g 85,0	b 0,092	a 57,3 d 6 Canadá
63	MCU 3489 PI 401967	3913,3	b 69,5	a 55,5	b 87,3	b 0,026	c 55,3 e 6 Colômbia
35	CI 06188	4871,0	b 36,5	c 41,5	h 86,0	b 0,097	a 63,0 b 6 México
28	MCU 3653 PI 402131	5025,7	b 68,0	b 43,7	g 76,0	c 0,071	b 59,3 c 6 Colômbia
50	CI 12920	4555,0	b 53,5	b 45,9	e 72,0	c 0,091	a 60,6 c 6 Etiópia
21	CI 13683 NUMAR	5213,0	a 40,5	c 46,7	e 64,6	d 0,078	b 55,3 e 6 EUA
53	MCU 3719 PI 402197	4470,7	b 75,5	a 44,2	f 79,3	c 0,032	c 55,3 e 6 Colômbia
40	MCU 3858 PI 402336	4705,0	b 73,5	a 41,5	h 78,0	c 0,040	c 57,6 d 6 Colômbia
14	MCU 3883 PI 402361	5433,7	a 51,5	b 42,6	g 75,0	c 0,026	c 57,3 d 6 Colômbia
59	GALOVER (C A N 1126) PI 361636	4280,7	b 29,5	c 37,4	j 79,3	c 0,000	c 52,6 f 2 e 6 Dinamarca
15	CI 10018 RASPA PRECOZ 604	5391,3	a 65,0	b 50,5	d 80,0	b 0,097	a 53,0 f 6 Colômbia
24	MCU 3571 PI 402049	5049,3	b 82,5	a 50,4	d 77,6	c 0,000	c 52,6 f 6 Colômbia
32	MCU 3721 PI 402199	4929,0	b 78,0	a 43,7	g 75,3	c 0,036	c 53,0 f 6 Colômbia
38	E 3/416 PI 356495	4723,7	b 55,0	b 37,4	j 94,3	a 0,095	a 53,0 f 6 Etiópia
43	HHOR 2325/58 PI 329126	4663,3	b 36,5	c 32,6	l 67,0	d 0,032	c 57,3 d 6 Afeganistão
26	MCU 3452 PI 401930	5045,7	b 74,5	a 40,5	i 76,6	c 0,026	c 56,0 d 6 Colômbia
60	MCU 3832 PI 402310	4249,3	b 57,0	b 37,5	j 77,0	c 0,000	c 57,3 d 6 Colômbia
16	MCU 3592 PI 402070	5353,3	a 64,5	b 49,9	d 71,0	c 0,032	c 58,0 d 6 Colômbia
1	BRS 180	7318,7	a 76,5	a 40,5	i 83,0	b 0,000	c 61,0 c 6 Brasil
<b>Média</b>		<b>4900,4</b>	<b>61,9</b>	<b>43,4</b>	<b>80,1</b>	<b>0,043</b>	<b>57,9</b>
<b>h<sup>2</sup></b>		<b>54,2</b>	<b>90,0</b>	<b>99,2</b>	<b>89,6</b>	<b>88,2</b>	<b>92,7</b>
<b>CV</b>		<b>18,5</b>	<b>12,5</b>	<b>1,9</b>	<b>6,1</b>	<b>66,5</b>	<b>2,2</b>

<sup>1</sup> Rank – Ranqueamento dos genótipos em relação a característica Rend.

<sup>2</sup> TE – Tipo de espiga; <sup>2</sup>PO – País de origem.

<sup>3</sup> Dados transformados em arco seno  $x^{1/2}/100$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

### Dados Climatológicos

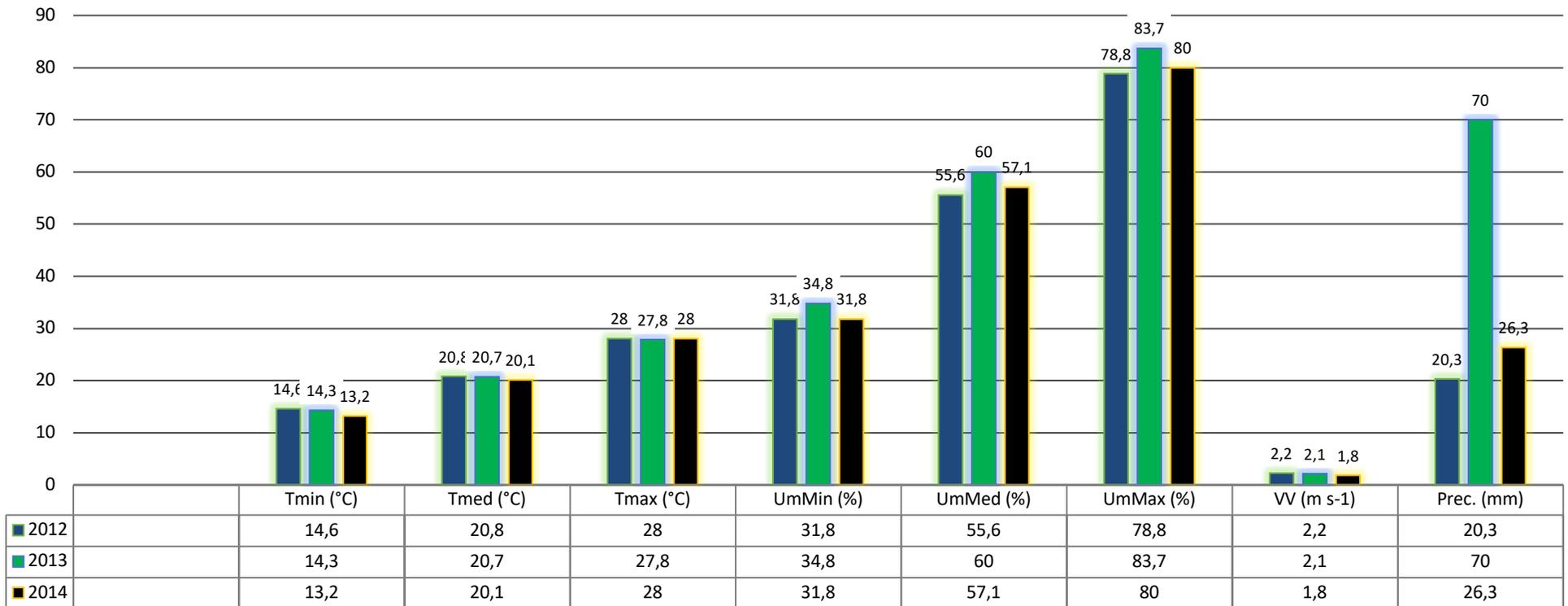


Figura 1. Dados climatológicos médios de Temperatura mínima (Tmin), temperatura média (Tmed), temperatura máxima (Tmax), umidade relativa do ar mínima (UmMin), umidade relativa do ar média (UmMed), umidade relativa do ar máxima (UmMax), velocidade do vento (VV) e precipitação pluviométrica (Prec.) anos de 2012, 2013 e 2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADDISU, A.; SHUMET, T. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in Ethiopia. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 9, p. 68-76, 2015.

AHMADI, J.; VAEZI, B.; POUR-ABOUGHADAREH, A. Analysis of variability, heritability, and interrelationships among grain yield and related characters in barley advanced lines. **Genetika**. v. 48, p. 73-85, 2016.

AMABILE, R. F. **Caracterização molecular, morfoagronômica e de qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2013, 220 f. Tese de Doutorado. 2013.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G. **A cevada irrigada no Cerrado: estado da arte, recursos genéticos e melhoramento**. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 127 p.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; PEIXOTO, J. R.; SAYD, R. Estimation of genetic parameters, phenotypic, genotypic and environmental correlations on barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under irrigation conditions in the Brazilian savanna. **Interciencia**, v. 40, p. 255-262, 2015.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E. GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Eds.). **101 culturas: manual de tecnologias agrícolas**. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007. p. 263-268.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de novembro de 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 25 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF: MAPA, 2009. 395 p.

CARVALHO, F. I. F. de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação: no melhoramento vegetal**. Pelotas: Ed. da UFPel, 2004. 142 p.

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

DABA, S. D. **Genetic diversity and genome-wide association mapping of agronomic, disease resistance, and quality traits in barley accessions from Ethiopia, ICARDA, and the US.** 2015. 171 f. Tese de Doutorado. North Dakota State University, 2015.

DELOGU, G.; CATTIVELLI, L.; PECCHIONI, N.; DE FALCIS, D.; MAGGIORE, T.; STANCA, A. M. Uptake and agronomic efficiency of nitrogen in winter barley and winter wheat. **European Journal of Agronomy**, v. 9, n. 1, p. 11-20, 1998.

EBRAHIM, S.; SHIFERAW, E.; HAILU, F. Evaluation of genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L.) from Wollo high land areas using agromorphological traits and hordein. **African Journal of Biotechnology**, v. 14, n. 22, p. 1886-1896, 2015.

GARDNER, K. M.; LATTA, R. G. Shared quantitative trait loci underlying the genetic correlation between continuous traits. **Molecular ecology**, v. 16, n. 20, p. 4195-4209, 2007.

GEBERE, K. T. **Genetic variability and association among yield and yield related traits in Ethiopian highland barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes.** 2016. 63 f. Dissertação de Mestrado - Haramaya University, Haramaya. 2016.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**, 3rd edition. Longman, London, UK. 1989. n.p.

HAILU, A.; ALAMEREW, S.; NIGUSSIE, M.; ASSEFA, E. Performance evaluation of introduced barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm for yield and its related traits at Atsbi, Ofla and Quiha, Northern Ethiopia. **Middle-East Journal of Scientific Research**, v. 23, n. 12, p. 2888-2894, 2015.

JALATA, Z.; AYANA, A.; ZELEKE, R. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 5, n. 1, p. 44-52, 2011.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics.** New York: John Wiley & Sons, 1966. 545 p.

LUSH, J. L. Heritability of quantitative traits in farm animals. **Proceeding of 8th International Congress on Genetics**, v. 35, p. 356-375, 1949.

NADZIAK, J.; KUDŁA, M.; MAŁYSA, M. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Polskim Banku Genów. **Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin**, n. 215, p. 39-57, 1994. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Evaluation of winter barley cultivars collected in the Polish gene bank.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil.** Rio de Janeiro: IBGE, 1989. 422 p.

ORDON, F.; AHLEMEYER, J.; WERNER, K.; KÖHLER, W.; FRIEDT, W. Molecular assessment of genetic diversity in winter barley and its use in breeding. **Euphytica**, v. 146, n. 1-2, p. 21-28, 2005.

PESARAKLU, S.; SOLTANLOO, H.; RAMEZANPOUR, S. S.; KALATE, A. M.; NASROLLAH, N. G. A. A. An estimation of the combining ability of barley genotypes and

heterosis for some quantitative traits. **Iran Agricultural Research**, v. 35, n. 1, p. 73-80, 2016.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Nobel, 1985. 467 p.

RAHAM, M. The correlation study of important barley agronomic traits and grain yield by path analysis. In: **Biological Forum**. Research Trend, 2015. p. 1211.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations: biometrical genetics**. New York: Pergamon, 1959. 186 p.

SAMERI, M.; TAKEDA, K.; KOMATSUDA, T. Quantitative trait loci controlling agronomic traits in recombinant inbred lines from a cross of oriental and occidental-type barley cultivars. **Breeding Science**, v. 56, n. 3, p. 243-252, 2006.

SAYD, R. M. **Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. F.) sob irrigação no Cerrado**. 2014. 83 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade de Brasília, Brasília.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; MONTALVÃO, A. P. L.; COELHO, M. C. Agronomic characterization of high-yielding irrigated barley accessions in the Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 2, p. 84-94, 2017.

SHTAYA, M. J. Y.; ABDALLAH, J.; AL-FARES, H.; ABU-QAOUH, H.; BAKER, O. A.; KORF, M. V.; HADDAD, M. Detecting genetic diversity among barley landraces grown in the west-bank, Palestine in 2010-2011. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 25, n. 5, p. 1365-1370, 2015.

SOLONECHNYI, P.; VASKO, N.; NAUMOV, A.; SOLONECHNAYA, O.; VAZHENINA, O.; BONDAREVA, O.; LOGVINENKO, Y. GGE biplot analysis of genotype by environment interaction of spring barley varieties. **Zemdirbyste-Agriculture**, v. 102, n. 4, p. 431-436, 2015.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2<sup>nd</sup> ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 633 p.

YADAV, S. K.; SINGH, A. K.; PANDEY, P.; SINGH, S. Genetic variability and direct selection criterion for seed yield in segregating generations of barley (*Hordeum vulgare* L.). **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, p. 1543-1549, 2015.

# CAPÍTULO III - COMPARAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO PARAMÉTRICOS E NÃO PARAMÉTRICOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CEVADA CERVEJEIRA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO

## 1. RESUMO

A seleção simultânea de várias características é, para algumas espécies, fundamental em um programa de melhoramento genético. Selecionar genótipos ao mesmo tempo produtivos, com qualidade industrial e com vantagens competitivas ao produtor é a principal meta dos programas de cevada, utilizando-se índices de seleção. Objetivou-se comparar índices de seleção em 69 genótipos de cevada cervejeira cultivada em cinco ambientes, visando ao desenvolvimento de cultivares com alta produtividade, alta qualidade de grãos e baixo acamamento, além de maior estabilidade. Três características foram analisadas: rendimento estimado de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) - Rend; classificação comercial de primeira (%) - Class1; grau de acamamento (%) - Acam. Outras três características secundárias também foram analisadas para estimativas dos ganhos de seleção indiretos: peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) e ciclo de espigamento (Ciclo). Os índices de seleção utilizados foram Índice Livre de Pesos e Parâmetros, Índice dos Ganhos Genéticos Desejados, Soma de Ranks e Índice da Distância Genótipo-Ideótipo. Os quatro índices utilizados serviram de base para a Seleção Combinada. Os índices Livre de Pesos e Parâmetros e de Ganhos Desejados obtiveram maiores ganhos de seleção para uma ou duas características de interesse, no entanto não selecionaram genótipos com ganhos expressivos para as três características simultaneamente. Os índices de Soma de Ranks e Genótipo-Ideótipo selecionaram genótipos com ganhos intermediários para as três características de interesse. Os índices de seleção de Soma de Ranks e Genótipo-Ideótipo foram considerados mais interessantes para seleção simultânea devido aos ganhos de seleção de magnitude satisfatória para as três características de interesse. Com base na seleção dos genótipos em cada ambiente, utilizando os diferentes índices de seleção, verifica-se a possibilidade de seleção dos genótipos mais estáveis, ou seja, os genótipos com maior frequência de seleção nos diferentes ambientes através da seleção combinada.

**Palavras-chave:** ganho de seleção, índice de coincidência, *Hordeum vulgare* L.

**COMPARISON OF PARAMETRIC AND NON-PARAMETRIC SELECTION  
INDICES IN GENETIC BREEDING OF MALTING BARLEY UNDER IRRIGATION  
IN THE BRAZILIAN SAVANNA**

**ABSTRACT**

The simultaneous selection of several traits is, for some species, fundamental in a breeding program. Selecting genotypes that are at the same time productive, with industrial quality, and with competitive advantages to the producer is the main goal of the barley programs. Thus, the purpose of this work was to compare selection indices, in five environments, two sites, in 3 years, among 69 barley genotypes, in order to obtain the selection of the most stable genotypes. Three characters were used in the selection: estimated grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) - Rend; kernel plumpness ( $>2,5 \text{ mm}$ ) (%) – Class1; degree of lodging (%) - Acam. Other three characters were used only to observe the indirect selection gains: thousand seeds weight (PMS), plant height (Altura), and earing cycle (Ciclo). The selection indices used were Weight-free and Parameter-free index, Desired Genetic Gain index, Rank Sum and Genotype-Ideotype Distance index. The four indices used served as a base for the Combined Selection. The Weight-free and Parameter-free and Desired Genetic Gain indices obtained higher selection gains for the characters Class1, Acam, and Rend, respectively; however, they did not select genotypes with significant gains for the other characters. The Rank Sum and Genotype-Ideotype indices selected genotypes with intermediate gains for the three characters of interest. The Weight-free and Parameter-free and Desired Genetic Gain indices were not adequate to simultaneously select the three characters of interest for barley. The Rank Sum and Genotype-Ideotype selection indices were considered more interesting for simultaneous selection due to the selection gains of a satisfactory magnitude for the three characters of interest. Based on the selection of genotypes for each index within the environments, it was more efficient to select the most stable materials, since they obtained a higher frequency of selection among the other indices.

**Key words:** selection gain, coincidence index, *Hordeum vulgare* L.

## 2. INTRODUÇÃO

A seleção de genótipos superiores tem alta complexidade devido ao fato dos caracteres agronômicos de maior relevância econômica serem de natureza quantitativa e correlacionados entre si (NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos promissores devem unir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento e satisfazer as exigências do mercado (CRUZ, 2013). Na cevada cervejeira, além da importância do rendimento de grãos, o tamanho e a uniformidade dos grãos (classificação comercial de primeira) têm grande influência na qualidade do produto final (AMABILE & FALEIRO, 2014). No entanto, a seleção de progênies superiores é, em geral, dificultada pelo fato de os caracteres de importância agronômica, em sua maioria, apresentarem baixa herdabilidade e correlação entre si.

Associar elevados rendimentos a alta classificação comercial de primeira não é uma tarefa simples; a baixa correlação genotípica e fenotípica entre essas características (SAYD et al., 2017; SAYD, 2014; AMABILE et al., 2015) diminui a eficiência do trabalho do melhorista, sobretudo quando se pretende utilizar a seleção indireta.

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014). Desse modo, os índices de seleção constituem técnicas multivariadas que associam as informações relativas a várias características de interesse agronômico com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, criam-se valores numéricos que funcionam como uma característica adicional, teórica, resultante da combinação de determinadas características selecionadas pelo melhorista, sobre as quais se deseja realizar a seleção simultânea (CRUZ & CARNEIRO, 2006). Diferentes índices representam variadas alternativas e metodologias de seleção nos programas de melhoramento, e consequentemente diferentes ganhos percentuais.

Existem diversas opções de índices de seleção na literatura. O primeiro índice foi proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), é um índice paramétrico onde se utiliza as matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica, contando ainda com a habilidade do melhorista para definir os pesos econômicos para cada característica.

Outro índice baseado nos parâmetros genéticos foi proposto por Pesek e Baker (1969) nomeado de “ganhos genéticos desejados” de características individuais. Esse índice foi proposto sem a necessidade de atribuir pesos econômicos relativos no cálculo dos índices de seleção. O índice obtido resultará em um ganho máximo para cada característica, de acordo

com a importância relativa assumida pelo melhorista na definição do ganho desejado, com a limitação imposta pela constituição fenotípica e genotípica da população.

Existem índices não paramétricos onde não há a necessidade de utilizar as matrizes de variância e covariância para a obtenção dos índices de seleção. O índice proposto por Elston (1963) pode ser aplicado tanto em fases iniciais de programas de melhoramento, quanto nas etapas finais, por permitir a fixação de valores críticos, abaixo dos quais os genótipos são descartados. O índice multiplicativo possibilita que sejam selecionados aproximadamente os mesmos genótipos que seriam pelo emprego de índice linear, com a vantagem de prescindir da atribuição de pesos aos caracteres e de estimativas de variâncias e covariâncias, o que torna sua aplicação mais fácil, em relação aos índices lineares ou paramétricos (GARCIA, 1998).

Outro índice não paramétrico, a soma de rankings, proposto por Mulamba & Mock (1978), consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento (ranks), por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Em seguida, os valores atribuídos a cada característica são somados, para se obter a soma de ranking que mostra a classificação dos genótipos (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

O índice genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006), não paramétrico, é obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Esses índices são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica. É possível ainda, definir valores ótimos assim como o valor mínimo ideal para seleção de cada característica.

Neste trabalho, utilizou-se dessas ferramentas, com o intuito de selecionar os genótipos de cevada cervejeira mais promissores para serem utilizados em blocos de cruzamento ou mesmo como potenciais cultivares. No trabalho de seleção dos genótipos foram consideradas como características principais a produtividade, qualidade dos grãos e resistência ao acamamento, comparando-se diferentes estratégias e índices de seleção, analisando os ganhos genéticos e a coincidência de seleção dos genótipos nos diferentes índices utilizados nos diferentes ambientes.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

A seleção foi baseada em cinco experimentos, conduzidos durante três anos e dois locais sob irrigação no Distrito Federal. Os locais são: Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, com altitude de 1.007 m, num Latossolo Vermelho

distrófico típico, argiloso; e Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), localizada no Recanto das Emas-DF, com altitude de 1.254 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso. Os experimentos foram nomeados como Amb1 (CPAC em 2012), Amb2 (CPAC em 2013), Amb3 (CPAC em 2014), Amb4 (SPM em 2013) e Amb5 (SPM em 2014).

Foram avaliados 69 genótipos de cevada (Tabela 1), utilizando um delineamento experimental em Blocos ao Acaso com três repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>. Três características foram utilizadas na seleção: 1. Rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) - Rend; 2. Classificação comercial de primeira (%) - Class1; 3. Grau de acamamento (%) - Acam. (valor de acamamento igual a zero significa acamamento mínimo ou inexistente, e contrariamente, quando igual a 100, o acamamento é máximo). Outras três características secundárias também foram analisadas para estimativas dos ganhos de seleção indiretos: peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) e ciclo de espigamento (Ciclo).

Os caracteres rendimento de grãos e classificação comercial de primeira utilizados na seleção foram avaliados no sentido de acréscimo do caráter, enquanto grau de acamamento foi selecionada para decréscimo do caráter, por ser uma característica prejudicial à colheita e a qualidade dos grãos.

Primeiramente, foram selecionados os genótipos com base numa combinação dos índices de seleção soma de rankings modificado (Mulamba e Mock, 1978) baseado apenas na característica rendimento estimado de grãos nos cinco ambientes, juntamente ao índice de seleção livre de pesos e parâmetros de Elston (1963), selecionando apenas genótipos com mais de 70% para classificação comercial de primeira e menos de 30% para Acam, em pelo menos 3 dos 5 ensaios. Este método foi chamado de Seleção Combinada (SC).

A Seleção Combinada foi comparada com quatro índices clássicos de seleção em cada ambiente: Índice Livre de Pesos e Parâmetros (ELSTON, 1963), Índice dos Ganhos Genéticos Desejados (PESEK & BAKER, 1971), Soma de Ranks (MULAMBA & MOCK, 1978) e Índice da Distância Genótipo-Ideótipo (CRUZ, 2006).

Para o índice livre de pesos e parâmetros de Elston, foram padronizados valores para que fossem selecionados pelo menos 21 genótipos em cada ensaio. Para rendimento estimado de grãos, foram selecionados genótipos acima de 4.000 kg ha<sup>-1</sup>, com classificação comercial acima de 64% e com nível de acamamento abaixo de 77%.

No Índice de Pesek e Baker (1971), os ganhos foram definidos com base no desvio padrão genotípico. Para a característica Rend, devido sua maior importância, foi atribuído o dobro do desvio padrão genotípico (10,1%). O ganho desejado para as características classificação comercial de primeira (4,5%) e grau de acamamento (11,39%) foi o desvio padrão genotípico.

O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Os pesos econômicos foram definidos atribuindo-se um peso maior para Rend, seguindo a proporção para as características Rend, Class1 e Acam de 5-3-3, respectivamente.

O Índice da Distância Genótipo-Ideótipo (IDGI), não paramétrico, foi obtido a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. Os valores do ideótipo são diferentes para cada ensaio, sendo o valor máximo ou mínimo de cada característica definido como ideal. Foram também definidos valores mínimos (Rend e Class1) e máximos (Acam) desejáveis para cada característica (Rend = 4.000 kg ha<sup>-1</sup>, Class1 = 60,0% e Acam = 50,0%). Os pesos econômicos definidos foram os mesmos utilizados para “soma de ranks”, sendo 5 para rendimento de grãos e 3 para Class1 e 3 para Acam.

Para cada índice de seleção em cada ensaio foi obtido o índice de coincidência (número de genótipos selecionados que coincidem com a SC dividido pelo número total de genótipos selecionados). Foram obtidos os índices de coincidência médio, sendo a média da coincidência para cada índice e para cada ensaio. Foi obtida ainda a frequência em que cada genótipo foi selecionado por cada índice. A partir dessa frequência foi gerado um gráfico de frequência.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do Programa GENES (CRUZ, 2013).

#### **4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

##### *Comparação de índices de seleção entre ambientes*

A comparação dos ganhos de seleção (GS) obtidos com os genótipos selecionados por meio dos diferentes índices de seleção foi realizada para cada ambiente, selecionando 21 genótipos dentre os 69, ou seja, com intensidade de seleção de 30%.

No Amb1, CPAC 2012, o índice de seleção que propiciou o maior ganho de seleção (%) para rendimento de grãos foi o índice dos ganhos desejados (PB) com 25,4%, seguido dos índices de Mulamba e Mock (MM) com 19,2%, Genótipo-Ideótipo (GI) com 18,0% e Elston

(14,2%) (Tabela 2). Os ganhos para rendimento de grãos foram considerados altos para todos os índices quando comparados aos demais ambientes. No entanto, o índice PB apesar de possibilitar alto ganho para Rend, apresentou o menor GS para classificação comercial de primeira (3,94%), ou seja, selecionou genótipos com baixa qualidade industrial. Os índices de Elston e MM permitiram GS da ordem de 13% enquanto o índice GI um acréscimo de 11,28% para essa característica.

A terceira característica de interesse para a seleção foi o acamamento (Acam). Dentre os índices, o de Elston foi o que apresentou o maior ganho absoluto, sendo de -83,81%. A seleção para essa característica é no sentido de eliminar o acamamento, que proporciona maior eficiência na colheita e maior qualidade e sanidade aos grãos. Os índices GI (-65,2%) e MM (-38,7%) também apresentaram ganhos desejáveis, selecionando genótipos com menor índice de Acam. O índice PB proporcionou GS de 14,0% (Tabela 2), o único em que os genótipos selecionados apesar de serem os mais produtivos, apresentaram aumento no nível de acamamento.

A seleção indireta ocasionou ganhos negativos para Ciclo, variando de -5% a -6% para todos os índices (Tabela 2). Esses ganhos são considerados desejáveis, uma vez que levaram à seleção de genótipos mais precoces, o que é uma vantagem no sistema de produção irrigado do Cerrado.

A herdabilidade ( $h^2$ ) em sentido amplo foi superior a 90% para todas as características no Amb1, fator este que favorece a seleção direta para cada caráter (Tabela 2). Valores de herdabilidade acima de 90% para as características as agronômicas rendimento de grãos e classificação comercial de primeira também foram reportados por Amabile et al. (2013), relatando ainda baixa  $h^2$  para grau de acamamento (42%).

No Amb2, CPAC 2013, apesar dos maiores valores para herdabilidade ampla, os GS (%) para rendimento de grãos e para grau de acamamento foram menores aos obtidos no Amb1. Isso demonstra a diferença de comportamento genotípico em relação a mudança de ano agrícola.

Assim como no Amb1, no Amb2 o índice PB foi o que propiciou o maior ganho para rendimento de grãos com 19,41%. Os índices MM e GI apresentaram GS de 13% seguido do índice de Elston com 4,8%. Para classificação comercial de primeira, os GS mostraram-se satisfatórios para os genótipos selecionados pelos índices de Elston (18,0%), MM (13,6%) e GI (11,8%). Já para o índice PB, o ganho foi negativo de -1,3%, o que acarreta em genótipos

com grãos menores e conseqüentemente menor teor de extrato, o que gera prejuízo financeiro para a indústria cervejeira.

Novamente como no Amb1, no Amb2 o índice de Elston mostrou-se mais interessante para grau de acamamento (GS = -35,9%), porém com ganhos próximos aos possibilitados pelos índices MM (-31,0%) e GI (-28,2%). Os genótipos selecionados pelo índice PB obtiveram acréscimo de grau de acamamento em 6,2% (Tabela 2).

Contrariamente às altas herdabilidades dos ambientes 1 e 2, no Amb3 (CPAC 2014) a  $h^2$  para rendimento de grãos foi de 52,2%. Esse baixo valor de  $h^2$  contribuiu para que os GS para rendimento de grãos fossem consideravelmente inferiores aos demais ambientes. Os ganhos de seleção foram de 9,5% nos genótipos selecionados pelo índice PB, 7,4% para MM, 7,1% para GI e 3,9% para o índice de Elston (Tabela 2).

No Amb3, para a característica classificação comercial de primeira, o índice de Elston possibilitou o maior GS (20%), quando comparado a todos os ambientes e todos os índices de seleção. Os demais índices proporcionaram ganhos positivos de 15,1% para MM, 11,9% para GI e 6,8% para PB (Tabela 2).

Foram selecionados, por meio dos índices de seleção, genótipos com altos ganhos de seleção para grau de acamamento (pelo menos -50,0%), exceto ao utilizar o índice PB (-11,8%). Assim como nos outros ambientes, o índice de Elston foi o que apresentou os genótipos com maior ganho (-76,2%) para essa característica (Tabela 2).

Analisando as demais características não utilizadas na seleção, os genótipos selecionados por todos os índices, apresentaram acréscimo em relação à média dos genótipos variando de 1,8% a 3,8% para Altura e de 1,75% a 4,6% para PMS. Para a característica Ciclo não houve acréscimo acima de 1% (Tabela 2).

No amb4, SPM 2013, os ganhos de seleção foram menores aos obtidos no Amb2, CPAC 2013, para todos os índices de seleção em relação as características rendimento de grãos e classificação comercial de primeira. O índice PB, assim como nos demais ambientes, foi o que propiciou maior ganho para rendimento de grãos (12,6%). Os baixos ganhos para classificação comercial de primeira nesse ambiente têm influência direta do menor valor de herdabilidade (74,9%) quando comparado aos demais ambientes. O índice com maior ganho de seleção para classificação comercial de primeira foi o GI com 2,5% (Tabela1).

Para a característica grau de acamamento no Amb4, o índice de Elston, assim como nos demais ambientes, selecionou os genótipos com maior GS (-71,2%). Os índices MM e GI

apresentaram ganhos negativos de -27,9% e -22,6% respectivamente. O índice PB apesar de ter tido ganho negativo (-7,4%), o que é esperado, foi de pequena magnitude.

O índice que demonstrou os ganhos de seleção mais adequados de acordo com os objetivos do programa de melhoramento para esse ambiente foi o de MM, com ganhos de seleção de 10,63%; 2,06% e -27,93% para Rend, Class1 e Acam, respectivamente.

Os GS obtidos para rendimento de grãos no Amb5, SPM 2014, foram de baixa magnitude e baixa amplitude entre os índices variando de 4,9% para Elston a 8,1% para PB. Assim como no Amb3, CPAC 2014, a herdabilidade foi baixa (54,2%), o que influenciou obter ganhos de seleção abaixo dos 10% (Tabela 2).

O índice de PB apresentou genótipos com decréscimo de 1% para classificação comercial de primeira, enquanto os demais índices, acréscimo de pelo menos 5%. Ainda, o índice de MM, não apresentou ganho de seleção em relação a característica Acam. Os demais índices proporcionaram ganhos negativos de pelo menos 55%.

Em uma análise geral dos ganhos de seleção médios, o índice de PB demonstrou os melhores resultados para a característica Rend, com baixa eficiência na seleção de genótipos para classificação comercial de primeira e algumas vezes com prejuízo na seleção em relação a acamamento. Diferentemente ao índice PB, o índice de Elston obteve os melhores resultados para classificação comercial de primeira e Acam, porém com menor eficiência na seleção de genótipos para Rend.

Os índices de seleção MM e GI foram os que possibilitaram os ganhos de seleção mais adequados em relação às três características de interesse simultaneamente (Tabela 2). Os ganhos de seleção foram intermediários em comparação aos demais índices, no entanto, as três características apresentaram ganhos significativos. Esses ganhos tornam esses índices mais interessantes do ponto de vista agrônomo e para fins de melhoramento no uso da seleção simultânea de características dos genótipos.

Foram obtidos ganhos de seleção negativos para o ciclo de espigamento (Ciclo), e também para o peso de mil sementes (PMS) (Tabela 3). O PMS é um caráter que contribui para o aumento do rendimento de grãos (RASMUSSEN, 1987), entretanto, para os genótipos selecionados, o PMS não afetou significativamente esta característica.

Dados relacionados aos ganhos de seleção obtidos por índices de seleção para caracteres agrônomo em cevada são raros na literatura. Recentemente, Amabile et al., (2013) utilizou índice de Elston em 30 genótipos elite de cevada sob irrigação, e relatou ganhos de 14,0% para rendimento de grãos e -42,0% para Acam. No entanto, os ganhos para

classificação comercial de primeira foram praticamente nulos (0,45%). Nesse caso, o ganho nulo não representou um entrave, uma vez que a seleção ocorreu em genótipos elite com a média da população X0 (média da população original) igual a 85% para classificação comercial de primeira, valor dentro dos padrões desejados para cevada cervejeira (>80%) (BRASIL, 1996).

#### *Seleção Combinada*

Os genótipos selecionados (21) através da SC são em sua maioria de origem colombiana (18), os outros três genótipos são de origem brasileira (a cultivar recomendada para o Cerrado BRS 180), de origem canadense e de origem russa. Todos os genótipos têm espiga com seis fileiras de grãos e com a cariopse de coloração creme. Os ganhos de seleção médios na SC para Rend, Class1 e Acam foram 4,39%, 8,16% e -39,96%, respectivamente (Tabela 2).

Apesar dos ganhos de seleção não terem sido os maiores quando comparados aos dos índices de seleção utilizados, os genótipos selecionados apresentam maior estabilidade em relação às características utilizadas na seleção. Tal fato se deu porque a SC foi baseada nos cinco ambientes, diminuindo a influência ambiental na seleção dos melhores genótipos. Maior estabilidade na seleção é demonstrada pelo gráfico de frequência, uma vez que dos 21 genótipos selecionados, 18 estão entre os que mais foram selecionados pelos outros quatro índices (Figura 1). A Tabela 4 apresenta o número de genótipos selecionados pelos índices simultaneamente nos diversos ambientes. Fica evidente a dificuldade em se obter um número comum de genótipos que foram selecionados nos cinco ambientes utilizados, uma vez que apenas três genótipos foram selecionados nos cinco ambientes.

Dos 21 genótipos da SC, 18 foram selecionados em pelo menos três ambientes e 11 foram selecionados em pelo menos quatro ambientes. Comparativamente, com base nos quatro índices de seleção utilizados, foram selecionados de 15 a 19 genótipos em pelo menos três ambientes, totalizando 28 genótipos diferentes (Tabela 4).

O genótipo que mais foi selecionado foi a cultivar brasileira BRS 180, que foi selecionada 18 vezes das 20 possíveis. Outros dois genótipos destacaram-se dos demais por serem mais estáveis, e foram selecionados 16 vezes pelos índices de seleção empregados nos cinco ambientes, foram os genótipos MCU 3634 PI 402112 e MCU 3851 PI 402329, ambos com média de rendimento de grãos acima dos 6.000 kg ha<sup>-1</sup> e classificação comercial de primeira acima de 78,9% (Tabela 1).

Os genótipos selecionados obtiveram médias de rendimento de grãos de 5.611 kg ha<sup>-1</sup>, classificação comercial de primeira de 77,9% e grau de acamamento de 30,8% (Tabela 3). Esses valores estão muito próximos aos valores considerados ideais para o sistema de produção irrigado no Cerrado (AMABILE & FALEIRO, 2014) e superiores aos valores médios obtidos em cevada nua em condições irrigadas por Sayd et al., (2015). A média de rendimento de grãos para os ambientes 4 e 5 (acima de 6.700 kg ha<sup>-1</sup>) são valores considerados muito altos visto que são médias de 21 genótipos, e que a produtividade média do Estado do Paraná (estado de maior produtividade) está em torno de 4.000 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2016). O nível de grau de acamamento próximo ao limite aceitável (30%) ocorreu principalmente devido ao ano de 2013, em que o alto nível de acamamento nos ambientes 2 e 4 contribuíram para o incremento nos níveis dessa característica na média dos genótipos.

#### *Índice de coincidência*

A seleção combinada é a combinação dos índices de seleção de Mulamba e Mock com o índice de Elston. Portanto genótipos com acamamento superior a 30% e classificação comercial de primeira inferior a 70% em 3 ambientes foram descartados, possibilitando obter altos ganhos de seleção para essas características.

O Amb3 foi o ambiente em que ocorreu maior coincidência entre a SC e a seleção dos demais índices, exceto com o índice de PB. Isso foi ocasionado devido aos altos ganhos de seleção para classificação comercial de primeira e grau de acamamento que foram possíveis obter nesse ambiente, o que vai de encontro com a seleção de PB que obteve alto desempenho na seleção para Rend. Não aleatoriamente, o índice de Elston apresentou coincidência de 76%, visto sua eficiência para seleção de genótipos para esses caracteres (Tabela 5).

No Ambiente 2, obteve-se a menor média de coincidência com a SC entre os ambientes, provavelmente devido aos baixos ganhos de seleção em relação a grau de acamamento obtidas nesse ambiente por todos os índices de seleção quando comparados aos demais ambientes (Tabela 5).

O índice de seleção genótipo-ideótipo foi o que maior coincidência (0,61) apresentou com a SC (Tabela 5). Assim como o índice de MM, o índice GI possibilitou ganhos intermediários para as três características de interesse. Esta maior coincidência entre o GI e a SC é bastante interessante para o melhoramento da cevada cervejeira, uma vez que ganhos intermediários em todas as características de interesse resultam em genótipos mais atrativos tanto para o produtor quanto para a indústria cervejeira.

## 5. CONCLUSÕES

Os índices de Livre de Pesos e Parâmetros e de Ganhos Desejados não se mostram adequados para selecionar simultaneamente as características rendimento de grãos, classificação comercial de primeira e ausência de acamamento nas condições de cultivo irrigado.

Os índices de seleção de Mulamba e Mock e da Distância Genótipo-Ideótipo mostraram-se efetivos na seleção simultânea devido aos ganhos de seleção de magnitude satisfatória para as três características de interesse.

Com base na seleção dos genótipos em cada ambiente, utilizando os diferentes índices de seleção, verifica-se a possibilidade de seleção de genótipos estáveis com maior frequência de seleção nos diferentes ambientes através da seleção combinada.

## 6. TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Média de rendimento estimado de grãos (Rend - kg ha<sup>-1</sup>), classificação comercial de primeira (Class1 - %) e acamamento (Acam - %) e país de origem (Origem) e número de fileira de grãos por espiga (NFG) de 69 genótipos cevada avaliados em cinco ambientes. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

	Genótipos	Rend	Class1	Acam	Origem	NFG
1	CI 13824 ATLAS 68	5049,5	69,9	62,7	EUA	6
2	CI 10022	5662,4	65,6	97,7	Colômbia	6
3	CI 13711	5106,6	72,5	34,3	Colômbia	6
4	CI 10071 WOLFE	5012,7	76,1	23	Canadá	6
5*	MCU 3870 PI 402348	5594,3	79,4	46,3	Colômbia	6
6*	MCU 3502 PI 401980	5286,7	85,5	17,3	Colômbia	6
7	CI 12068 MAZOWIECKI	5114,5	64	32,7	Polônia	6
8	MCU 3654 PI 402132	5732,5	79,9	63	Colômbia	6
9*	MCU 3449 PI 401927	6184,9	73,8	40,3	Colômbia	6
10	CI 06244	5385,1	76	75,7	EUA	6
11*	CI 09952	5417,3	81	43,7	Rússia	6
12*	MCU 3884 PI 402362	5285,5	77,9	43,3	Colômbia	6
13*	MCU 3852 PI 402330	5536,1	74,9	24	Colômbia	6
14	CI 12367 BRANISOVICKY	5034,7	78,3	23,5	República Tcheca	2
15*	MCU 3865 PI 402343	5694,5	78,8	30,7	Colômbia	6
16	CARINA PI 371632	4704,1	76,7	21,3	Alemanha	2
17*	MCU 3634 PI 402112	6109	83,5	34,3	Colômbia	6
18	CI 12918	5642,1	77,1	92,3	Etiópia	6
19*	MCU 3750 PI 402228	5151,7	78,8	25	Colômbia	6
20	CI 15323 2222-79	4840,5	65,2	96,7	Tunísia	6
21	MCU 3878 PI 402356	5824,3	70,6	25,3	Colômbia	6
22	CI 09962	4413,5	79	49	Irã	6
23	MCU 3478 PI 401956	5675,1	68	53,3	Colômbia	6
24	CI 06109 VELVON	4407,7	68,3	64,7	EUA	6
25	CI 14041	4524,3	73	41,7	Etiópia	6
26	CI 07772	5419,4	67,9	74,7	Índia	6
27	CI 15580 QB 136-41	6020,7	70,8	56,3	Canadá	6
28	MCU 3454 PI 401932	5138	69	43	Colômbia	6
29	CI 15279 2528-23	4856,3	59,6	77	Tunísia	6
30	CI 10017 RASPA COMUN 1085	4799,6	58,3	92,7	Colômbia	6
31	CI 14031	4800,8	59,9	29,7	Etiópia	6
32*	MCU 3484 PI 401962	5123,7	76	21,7	Colômbia	6
33*	MCU 3461 PI 401939	5385,6	77,3	36	Colômbia	6
34	CI 09961	5298,9	76,5	64,3	Irã	6
35	CI 14925 ELS 6402-512	5225,7	60,5	64,7	Etiópia	6
36*	CI 15565 QB 136-20	5325,4	78,7	39,7	Canadá	6
37	CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	4688,3	78,7	25	Alemanha	2

Continuação						
38	CI 10078 ATLAS 57	4907,7	80,9	24	EUA	6
39	MCU 3556 PI 402034	4958,7	68,9	21,3	Colômbia	6
40	CI 15591 QB 139-1	5926,4	74,3	70	Canadá	6
41	CI 06946	4596,6	45,2	89,3	Irã	6
42*	CI 13715	5621,1	73,4	31,3	Colômbia	6
43	MCU 3816 PI 402294	5369	80,7	53,3	Colômbia	6
44*	MCU 3851 PI 402329	6009,1	78,9	43,7	Colômbia	6
45*	MCU 3469 PI 401947	6150,3	79,9	22	Colômbia	6
46	CI 09958	5319,7	85,2	33	Marrocos	6
47	MCU 3827 PI 402305	4636,9	83,9	41,3	Colômbia	6
48	CI 13894	4984,7	58,9	32,7	EUA	6
49	CI 10501 ATHENAI S-50-34	4529	75,9	87,3	Chipre	6
50	CI 09959	4970,2	82,3	22	Marrocos	6
51	CI 15560 QB 136-4-1	5835	67,1	84	Canadá	6
52*	MCU 3489 PI 401967	5275	78,3	32,7	Colômbia	6
53	CI 06188	4998,3	56,1	91,7	México	6
54	MCU 3653 PI 402131	4785,8	76,1	42,3	Colômbia	6
55	CI 12920	5402,8	66,8	77	Etiópia	6
56	CI 13683 NUMAR	6039	49,4	42	EUA	6
57	MCU 3719 PI 402197	4253,6	78,4	38	Colômbia	6
58	MCU 3858 PI 402336	4561,1	73,4	36	Colômbia	6
59	MCU 3883 PI 402361	5454,5	58,3	31,3	Colômbia	6
60	GALOVER (C A N 1126) PI 361636	5130,8	59,8	34	Dinamarca	2 e 6
61	CI 10018 RASPA PRECOZ 604	5422,1	67,1	88,3	Colômbia	6
62*	MCU 3571 PI 402049	5422,9	81,6	44	Colômbia	6
63	MCU 3721 PI 402199	4681,9	72,3	12,7	Colômbia	6
64	E 3/416 PI 356495	5653	52,8	69,3	Etiópia	6
65	H HOR 2325/58 PI 329126	5846,4	52,9	22	Afeganistão	6
66*	MCU 3452 PI 401930	5311,5	73,1	27,3	Colômbia	6
67*	MCU 3832 PI 402310	5758,7	69,6	20	Colômbia	6
68*	MCU 3592 PI 402070	5506,3	71,5	34	Colômbia	6
69*	BRS 180	6688,1	79,9	5,3	Brasil	6

\*Genótipos selecionados pela Seleção Combinada.

**Tabela 2.** Estimativas de ganhos com a seleção (GS%), herdabilidade em sentido amplo (h<sup>2</sup>) e média dos 69 genótipos (X0) obtidos para as características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias) por meio de cinco índices de seleção em cinco experimentos no Distrito Federal, nos anos agrícolas de 2012/2013/2014. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

GS (%)								GS							
Amb1	h <sup>2</sup>	X0	Elston	PB	MM	GI	SC	Amb4	h <sup>2</sup>	X0	Elston	PB	MM	GI	SC
Rend	90,07	4.249	14,27	25,44	19,2	18,00	2,37	Rend	98,41	6.399	2,17	12,63	10,63	8,43	5,09
Class1	90,97	72,6	13,80	3,94	13,03	11,28	11,40	Class1	74,99	82,4	0,93	0,46	2,06	2,58	3,03
PMS	93,89	45,1	0,85	-1,20	1,56	-0,21	0,42	PMS	97,58	46,8	-0,38	-1,11	-2,23	-1,34	-3,42
Altura	96,82	75,7	-0,22	-0,26	2,18	1,71	-0,23	Altura	92,18	85,7	-2,19	-0,91	0,23	1,1	-0,20
Acam	97,30	32,1	-83,81	14,00	-38,76	-65,26	-50,09	Acam	98,91	71,9	-71,28	-7,4	-27,93	-22,69	-12,42
Ciclo	97,28	57,6	-5,95	-5,25	-6,81	-5,92	-5,59	Ciclo	98,48	54,4	1,48	-2,69	-2,06	-1,68	-3,44

GS								GS							
Amb2	h <sup>2</sup>	X0	Elston	PB	MM	GI	SC	Amb5	h <sup>2</sup>	X0	Elston	PB	MM	Ideótipo	SC
Rend	97,30	4.760	4,87	19,41	13,66	13,04	5,37	Rend	54,23	6.083	4,92	8,15	6,05	6,82	6,21
Class1	99,46	65,1	18,08	-1,3	13,69	11,87	5,91	Class1	95,56	77,0	7,78	-1	5,34	5,04	3,11
PMS	96,39	41,1	5,66	-3,46	3,5	2,68	-1,01	PMS	99,55	40,8	-0,21	3,03	0,72	2,16	0,45
Altura	99,83	77,0	-1,34	3,02	-0,31	-1,5	2,07	Altura	88,35	92,3	1,12	-1,32	0,43	0,22	3,11
Acam	99,11	62,6	-35,99	6,25	-31,09	-28,2	-15,81	Acam	81,49	41,2	-60,91	-56,35	-0,25	-55,72	-41,11
Ciclo	99,29	60,3	0,18	0,57	-0,78	0,47	-3,93	Ciclo	92,88	55,1	0,58	1,52	-0,06	-0,06	0,29

GS								GS							
Amb3	h <sup>2</sup>	X0	Elston	PB	MM	GI	SC	Média	X0	Elston	PB	MM	GI	SC	
Rend	54,29	4.900	3,98	9,56	7,45	7,12	2,90	Rend	5.278	6,04	15,04	11,40	10,68	4,39	
Class1	90,01	61,9	20,02	6,86	15,1	11,96	17,36	Class1	71,8	12,12	1,79	9,84	8,55	8,16	
PMS	99,22	43,4	1,75	4,6	2,83	3,93	2,43	PMS	43,4	1,53	0,37	1,28	1,44	-0,23	
Altura	89,64	80,2	1,8	3,54	2,79	3,8	1,43	Altura	82,2	-0,17	0,81	1,06	1,07	1,24	
Acam	88,22	30,3	-76,22	-11,83	-63,53	-53,83	-80,37	Acam	47,6	-65,64	-11,07	-32,31	-45,14	-39,96	
Ciclo	92,77	58,0	0,51	-0,2	0	-0,43	0,89	Ciclo	57,1	-0,64	-1,21	-1,94	-1,52	-2,36	

\*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006); SC: Seleção Combinada

\*\*Rend: rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); Class1: classificação comercial de primeira (%); PMS: peso de mil sementes (g); Altura: altura de plantas (cm); Acam: acamamento de plantas (%); Ciclo: ciclo de espigamento (dias)

**Tabela 3.** Média dos 21 genótipos selecionados por meio da Seleção Combinada (SC) para as características Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), Class1 – classificação comercial de primeira (%), PMS – peso de mil sementes (%), Altura – altura de plantas (cm), Acam – grau de acamamento (%) e Ciclo – ciclo de espigamento (dias). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Local/característica	Rend	Class1	PMS	Altura	Acam	Ciclo
Amb1	4.360,9	81,7	45,3	75,5	15,6	54,3
Amb2	5.022,7	69,0	40,7	78,6	52,6	57,9
Amb3	5.161,9	73,8	44,5	81,4	2,7	58,5
Amb4	6.730,7	85,8	45,1	85,6	62,9	52,5
Amb5	6.780,3	79,5	41,0	95,5	20,4	55,2
X0*	5.278	71,8	43,4	82,2	47,6	57,1
Média	5.611,3	77,9	43,3	83,3	30,8	55,7

\* X0: Média dos 69 genótipos

**Tabela 4.** Número de genótipos selecionados pelos índices de seleção simultaneamente nos ambientes.

		Elston	PB	MM	GI	NGS**
Número de genótipos selecionados simultaneamente em pelo menos:	1 ambiente	49	50	52	48	64
	2 ambientes	32	32	25	30	48
	3 ambientes	19	15	17	18	28
	4 ambientes	5	7	7	7	13
	5 ambientes	0	1	1	2	3

\*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006);

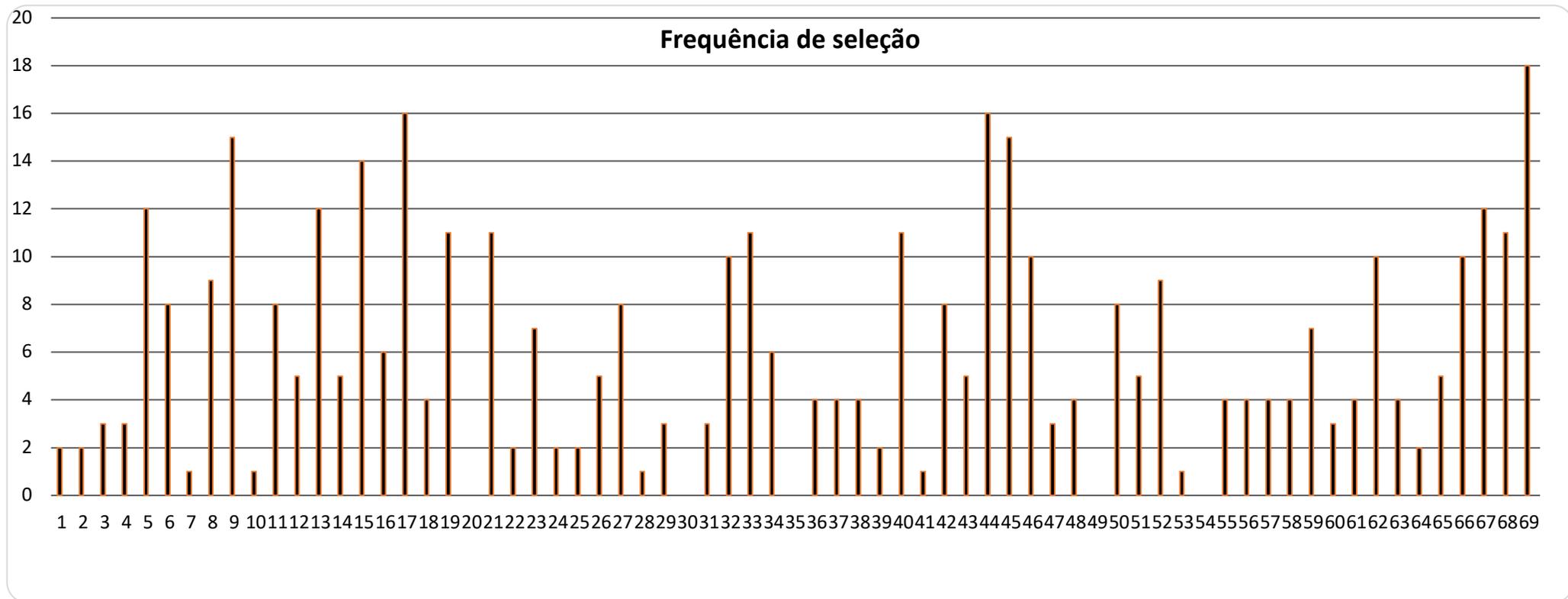
\*\*NGS: Número total de genótipos selecionados

**Tabela 5.** Índice de coincidência entre os índices de seleção e a Seleção Combinada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Local/Índice de seleção	Elston	PB	MM	GI	Média
Amb1	0,62	0,33	0,57	0,62	0,536
Amb2	0,38	0,38	0,48	0,48	0,429
Amb3	0,76	0,52	0,71	0,62	0,655
Amb4	0,43	0,57	0,62	0,62	0,560
Amb5	0,67	0,62	0,48	0,71	0,619
Média	0,571	0,486	0,571	0,610	

\*Elston: Índice de Elston (1963); PB: Índice de Pesek e Baker (1969); MM: Índice de Mulamba e Mock (1978); GI: Índice da distância Genótipo-Ideótipo (2006); SC: Seleção Combinada

Figura 1. Gráfico de frequência de seleção dos 69 genótipos de cevada através de quatro índices de seleção em cinco ambientes. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.



## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G. **A cevada irrigada no Cerrado: estado da arte, recursos genéticos e melhoramento**. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 127 p.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; PEIXOTO, J. R.; SAYD, R. Estimation of genetic parameters, phenotypic, genotypic and environmental correlations on barley (*Hordeum vulgare* L.) grown under irrigation conditions in the Brazilian savanna. **Interciencia**, v. 40, p. 255-262, 2015.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A.; PEIXOTO, J. R.; CAPETTINI, F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Genetic diversity of irrigated barley based on molecular and quantitative data and on malting quality. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n.7, p. 748-756, 2013.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de nov de 1996. Brasília, 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 26 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.

CONAB. Acomp. safra bras. grãos, v. 9 Safra 2015/16 - Nono levantamento, Brasília, p. 1-178, junho 2016. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16\\_06\\_09\\_09\\_00\\_00\\_boletim\\_graos\\_junho\\_\\_2016\\_-\\_final.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_06_09_09_00_00_boletim_graos_junho__2016_-_final.pdf), acesso em: fev. 2017.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271- 276, 2013.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

GARCIA, A. A. F. **Índice para a seleção de cultivares**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 112 f. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Esalq – USP. 1998.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-490, 1943.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 7, p. 40-51, 1978.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804, 1969.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9, p. 347-353, 2014.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SAYD, R. M. **Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. F.) sob irrigação no Cerrado**. 2014. 83 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade de Brasília, Brasília.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; MONTALVÃO, A. P. L.; COELHO, M. C. Genetic parameters and agronomic characterization of high productivity irrigated barley accessions in the Brazilian Savanna. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 1, p. 84-94, 2017.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G. Genetic variability of hull-less barley accessions based on molecular and quantitative data. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 2, p. 160-167, 2015.

## **CAPÍTULO IV - DIVERSIDADE GENÉTICA MOLECULAR E AGRONÔMICA ENTRE GENÓTIPOS DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO**

### **1. RESUMO**

O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 29 genótipos elite de cevada oriundos da seleção de genótipos do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, com base no desempenho agronômico sob irrigação no Cerrado. O estudo da variabilidade foi realizado utilizando marcadores moleculares RAPD, ISSR e SSR além de características agronômicas quantitativas avaliadas em dois ambientes no Cerrado: Rend - rendimento estimado de grãos; Class1- classificação comercial de primeira; PMS - peso de mil sementes; Altura - altura de plantas; Acam - grau de acamamento; Ciclo – ciclo de espigamento. Os polimorfismos dos marcadores foram de 91% (RAPD), 51,46% (ISSR) e 85% (SSR). Houve correlação significativa entre as distâncias obtidas em marcadores RAPD e SSR e entre as distâncias obtidas em características agronômicas e marcadores ISSR. Não ocorreu tendência de agrupamento dos genótipos em relação ao país de origem e tipo de espiga. Foi detectada a existência de variabilidade entre os genótipos, evidenciando a possibilidade de ganhos com a seleção em populações segregantes devido a possibilidade de complementariedade gênica por meio de cruzamentos. As baixas correlações entre as distâncias genéticas demonstram a importância da análise de diferentes tipos de marcadores moleculares e de características agronômicas para realização de estudos mais completos sobre variabilidade genética em cevada.

**Palavras-chave:** Variabilidade genética, marcadores moleculares, recursos genéticos, ISSR.

**MOLECULAR AND AGRONOMIC GENETIC DIVERSITY BETWEEN  
BARLEY GENOTYPES UNDER IRRIGATION IN THE BRAZILIAN  
SAVANNA**

**2. ABSTRACT**

The aim of this work was to characterize and quantify the genetic variability of 29 elite barley genotypes from a selection from the bank of Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia based on agronomic performance under irrigation in the Cerrado. The variability study was carried out using RAPD, ISSR and SSR molecular markers and the quantitative agronomic traits were evaluated in two environments in the Cerrado: Rend - estimated yield of grains; Class1 - plumpness kernel; PMS - thousand seed weight; Altura – plant height; Acam - degree of lodging; Ciclo – days to heading. The polymorphisms of marker were 91% (RAPD), 51.46% (ISSR) and 85% (SSR). There was a significant correlation between distances obtained based on RAPD and SSR markers and between agronomic characteristics and ISSR markers. There was no trend of clustering in relation to the country of origin and the type of spike. The existence of variability was detected among the genotypes, evidencing the opportunity of gains with a selection in segregating populations due to the possibility of gene complementarity through crosses. The low correlations between genetic distances demonstrated the importance of the analysis of different types of molecular markers and agronomic characteristics to carry out more complete studies of genetic variability.

**Key words:** Genetic variability, molecular markers, genetic resources, ISSR.

### 3. INTRODUÇÃO

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é a planta domesticada que possui uma das bases genéticas mais diversas dentre os cereais (BAIK & ULLRICH, 2008). No entanto, nos últimos 100 anos, as linhagens melhoradas praticamente substituíram totalmente as variedades locais, resultando em menor diversidade. Inúmeras cultivares de cevada foram desenvolvidas através de esforços extensivos de melhoramento de plantas com parâmetros rigorosos de seleção. Híbridações visando à obtenção de novas cultivares, normalmente, são realizados utilizando cultivares adaptadas, cruzadas com linhagens obtidas por cruzamentos entre parentais elite, o que pode acarretar em redução da variabilidade genética. Embora a criação de cultivares seja baseada majoritariamente em germoplasma elite, algumas características específicas podem ser incorporadas a partir de cruzamentos de cevadas selvagens/variedades locais através da técnica do retrocruzamento (NEVO, 1992).

Na busca por incorporar genótipos de alta performance com alta variabilidade aos programas de melhoramento, as análises de diversidade genética são ferramentas que podem ser utilizadas para identificar a variabilidade genética existente dentre um grupo de genótipos; facilitar a identificação de linhagens a serem utilizadas na obtenção de variedades híbridas ou populações segregantes superiores; evitar o uso de germoplasma muito próximos geneticamente, prevenindo a ocorrência do estreitamento genético; além de poder ajudar na introgressão de genes/alelos desejáveis de fontes de germoplasma diversos em germoplasma elite (SINGH & SINGH, 2015).

Isto posto, a compreensão dos recursos genéticos torna-se essencial para garantir um contínuo ganho com seleção de genótipos superiores aos existentes, possibilitando cada vez mais o desenvolvimento de cultivares estáveis, produtivas e de alta qualidade industrial via programas de melhoramento genético. A análise de variabilidade genética é a base para o desenvolvimento dos programas de melhoramento e pode ser realizada, utilizando dados qualitativos e/ou quantitativos assim como dados moleculares.

A análise molecular é obtida a partir de marcadores moleculares. Dentre os vários tipos existentes, a opção por um deles ou por vários pode ser norteadas por alguns fatores, como o objetivo do estudo, disponibilidade de infraestrutura, equipe treinada, recursos financeiros e do nível de conhecimento de genética molecular da espécie a ser estudada. Cada tipo de marcador molecular apresenta vantagens e desvantagens relacionadas à reproducibilidade, custo e nível de informação fornecida por loco,

podendo ser dominante (não diferencia alelos por loco) ou codominante (diferencia alelos por loco). Entre os marcadores moleculares dominantes, pode-se citar o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) e RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). As isoenzimas, RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e SSR (*Simple Sequence Repeats*), dentre outros, compõem o grupo dos marcadores do tipo codominante (FALEIRO, 2007).

Para o estudo da diversidade em caracteres quantitativos, podem ser estimadas as distâncias entre os genótipos por meio de coeficientes como a distância euclidiana, distância euclidiana média, distância euclidiana padronizada, distância euclidiana média padronizada, quadrado da distância euclidiana, quadrado da distância euclidiana padronizada, distância generalizada de Mahalanobis D<sup>2</sup> e Mahalanobis padronizada (CRUZ, 2006) e o coeficiente de Pearson (VICINI, 2005).

Estudos conjuntos de diversidade genética em cevada, tanto de características agronômicas, quanto a nível molecular têm sido realizados ao longo das últimas décadas (HAMZA et al, 2004; ESHGHI & AKHUNDOVA, 2010; KARIM et al., 2010). A Embrapa possui um programa de melhoramento genético da cevada e os estudos sobre a diversidade genética de recursos genéticos e genótipos elite tem contribuído para o avanço dos ciclos de seleção e recombinação. Amabile et al. (2013) estudaram a diversidade genética molecular, agronômica e de qualidade malteira de 30 genótipos elite de cevada em condições irrigadas no Cerrado, separando em grupos genótipos dísticos e hexásticos e também de acordo com a origem. A partir desse trabalho, foi verificada a necessidade de ampliar a base genética do programa de melhoramento genético de cevada para o Cerrado na Embrapa.

O objetivo desse trabalho foi avaliar e comparar a diversidade genética desses 29 genótipos de cevada com base em três tipos de marcadores moleculares e características agronômicas quantitativas avaliadas em dois ambientes experimentais irrigados no Cerrado, a partir de 435 acessos do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

#### **4. MATERIAL E MÉTODOS**

Os estudos de variabilidade genética (com base em dados moleculares e agronômicos) foram realizados com 29 genótipos elite de cevada cervejeira, selecionados a partir de 435 acessos e cultivares de cevada do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, analisados por Monteiro (2012). Dentre

os genótipos elite cinco são cultivares adaptadas às condições do Cerrado utilizadas como testemunhas (Tabela 1). Seleções, baseadas em comparações locais (SAYD et al., 2017) e temporais (ao longo dos anos de 2012, 2013 e 2014), auxiliadas pelo uso de quatro índices de seleção em cinco experimentos foram realizadas para obter os genótipos elite. As análises de diversidade genética foram feitas com base em dados quantitativos de seis características agrônômicas e três marcadores moleculares, dois dominantes (ISSR e RAPD) e um codominante (SSR). As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados, Planaltina-DF.

### ***Marcadores moleculares***

Foram extraídas amostras de DNA genômico de cada planta selecionada a partir do tecido foliar em plantas com 25 dias após a semeadura utilizando o método do CTAB, com modificações (FALEIRO et al., 2003). Foi realizada a maceração dos tecidos foliares mecanicamente com auxílio do nitrogênio líquido e em seguida foram acrescentados 800 µL de um tampão composto de água Milli-Q, CTAB 7%, NaCl 5M, EDTA (0,5M), Tris-HCl (pH 8,0) 1M, PVP 40 (sólido) e β Mercaptoetanol. Logo após, as amostras ficaram em banho-maria (65 °C) por uma hora. Ao retirar as amostras do banho-maria, as amostras passaram pelo processo de desproteinização, adicionando 700 µL de solução clorofórmio: álcool isoamílico (24:1); sendo agitadas e colocadas na centrífuga a 14.000 rpm durante dez minutos, para em seguida ser retirado o sobrenadante, e então, o sobrenadante foi colocado em microtubos de dois mL. Foram incluídos ao sobrenadante, 700 µL de isopropanol (5 °C), invertendo-se os microtubos para promover a precipitação do DNA. Os tubos foram acondicionados refrigerados a -20 °C durante 2 horas, e então centrifugados a 14.000 rpm, por dez minutos, removendo-se o sobrenadante.

Foram realizadas a limpeza dos pellets formados utilizando 300 µL de etanol (70%) e logo em seguida secos em local escuro. Depois de secos, os pellets foram ressuspensos em 150 µL de água Milli-Q, adicionados RNase na concentração de 40 µL/mL. A quantificação do DNA foi estimada através da espectrofotometria a 260 nm (A260), sendo analisada também a relação A260/A280 para a avaliação da pureza e da qualidade da amostra (SAMBROOCK et al., 1989). As amostras de DNA de cada acesso foram diluídas para 10ng/µL para RAPD e 5ng/µL para ISSR e SSR.

A amplificações realizadas para o marcador RAPD foram feitas em um volume total de 13  $\mu\text{L}$  para cada genótipo, contendo 10  $\mu\text{L}$  de solução tampão, contendo Tris-HCl 10 mM (pH 8,3); 50 mM de KCl; 3 mM de  $\text{MgCl}_2$ ; 100  $\mu\text{M}$  de cada um dos desoxiribonucleotídeos (dATP, dTTP, dGTP e dCTP); 0,4  $\mu\text{M}$  de um iniciador (Operon Technologies Inc., Alameda, CA, EUA), uma unidade da enzima *Taq* polimerase e, aproximadamente, 3  $\mu\text{L}$  de DNA (15  $\eta\text{g}$ ). Foram utilizados sete *primers* decâmeros: OPD (04, 07 e 19), OPE (20) e OPF (1, 14 e 20). As amplificações foram efetuadas em termociclador programado para 40 ciclos, cada um constituído pela seguinte sequência: 15 segundos a 94 °C, 30 segundos a 35 °C e 90 segundos a 72 °C. Após os 40 ciclos, foi feita uma etapa de extensão final de seis minutos a 72 °C, e finalmente, a temperatura foi reduzida para 4 °C.

Para marcadores ISSR, o DNA foi amplificado utilizando-se oito *primers* (ISSR-2, ISSR-3, ISSR-4, ISSR-5, ISSR-8, ISSR-13, ISSR-14 e ISSR-15) e a seguinte reação: 20  $\eta\text{g}$  de DNA genômico, 1 unidade de *Taq* DNA polimerase, 0,3  $\mu\text{M}$  de *primer* em solução de 13  $\mu\text{l}$  contendo Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), KCl 50 mM,  $\text{MgCl}_2$  3 mM, 100  $\mu\text{M}$  de cada um dos desoxiribonucleotídeos (dATP, dTTP, dGTP e dCTP). As amplificações foram efetuadas em termociclador programado por 5 minutos a 94 °C, 35 ciclos cada um constituído pela seguinte sequência: 40 segundos a 94 °C, 40 segundos a 48 °C e 1 minuto a 72 °C. Após os 35 ciclos, foi feita uma etapa de extensão final de dois minutos a 72 °C, e finalmente, a temperatura foi reduzida para 4 °C.

Para obtenção dos marcadores SSR, o DNA foi amplificado utilizando sete *primers* (MAG 149, GB371, BMAC624, MAG210, MAG13, GB318 e V13GEIII) e o programa de 30 ciclos de 30 segundos a 94 °C, 30 segundos a 65-56 °C e 5 segundos a 72 °C. A temperatura de anelamento começou a 65 °C e foi decaindo 0,3 °C a cada ciclo, seguindo-se três ciclos com anelamento a 56 °C.

Após as amplificações para obtenção dos marcadores RAPD, ISSR e SSR, adicionou-se a cada amostra, 3  $\mu\text{l}$  de uma mistura de azul de bromofenol (0,25%) e glicerol (60%) em água. Essas amostras foram aplicadas em gel de agarose (1,2%) para RAPD e ISSR e gel de agarose (3,0%) para SSR, corado com brometo de etídio, submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM) para serem submetidos a eletroforese. Após a eletroforese, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta.

### ***Dados Agronômicos***

Dois experimentos foram conduzidos sob irrigação via pivô central de maio a setembro de 2015. O experimento 1 foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, numa altitude de 1.007 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso. O experimento 2 foi implantado no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas-DF, em uma altitude de 1.254 m, num Latossolo Vermelho distrófico típico, argiloso.

O delineamento experimental foi o de Blocos ao Acaso com quatro repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>.

Foram avaliadas seis características: 1. Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. Class1- classificação comercial de primeira (>2,5 mm) em % (BRASIL, 1996); 3. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 4. Altura - altura de plantas (cm) (média de três plantas por parcela); 5. Acam - grau de acamamento (dados transformados em  $\arcsen X^{0,5} 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); 6. Ciclo – ciclo de espigamento (período da emergência até que 50% das espigas, da área útil da parcela, estivessem visíveis), em dias.

### ***Análise dos dados obtidos***

A partir dos dados obtidos pelos marcadores RAPD e ISSR foram geradas matrizes de dados binários e com a ajuda do Programa Genes (CRUZ, 2013) foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os acessos, utilizando o coeficiente de similaridade de Nei & Li (1979). No caso dos marcadores SSR, as dissimilaridades genéticas foram calculadas com auxílio do Programa Genes, baseando-se na seguinte fórmula:

$D_{Gij} = 1 - (NLC/NTL)$  sendo:  $D_{Gij}$  = Distância genética entre os acessos i e j; NLC = Número de Locus Coincidentes; NTL = Número Total de locos.

O NLC é o somatório das coincidências alélicas de cada loco analisado, sendo que cada coincidência pode assumir o valor 1 (dois alelos coincidentes); 0,5 (um alelo coincidente) e 0 (nenhum alelo coincidente) para encontros (0 1) e (1 0).

Os dados das características agronômicas avaliadas foram submetidos a análise variância. A dissimilaridade genética foi estimada, entre todos os pares de genótipos, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{2 ij}$ ) nos dois ambientes (CPAC e SPM) (CRUZ et al., 2004).

Para as análises de agrupamento, as matrizes de dissimilaridades genéticas obtidas com base em cada marcador molecular e características agronômicas de cada ambiente foram padronizadas, ou seja, as distâncias genéticas foram ajustadas em valores em que a maior distância foi considerada 100 e as demais foram proporcionais a ela. A partir de cada matriz de dissimilaridade padronizada, foram realizadas análises de agrupamento pelo método hierárquico aglomerativo da média aritmética não ponderada entre pares (UPGMA) por meio de dendrograma, e a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS INSTITUTE Inc., 1989) e Statistica (STATSOFT Inc, 1999).

Os valores de dissimilaridade genética obtidas em marcadores moleculares (RAPD, ISSR e SSR) e características agronômicas avaliadas nos dois locais (CPAC e SPM) foram correlacionadas, com base no coeficiente de correlação de Pearson, com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

Para os dados agronômicos, a contribuição relativa dos caracteres avaliados quanto à diversidade genética foi mensurada empregando-se o método de Singh (SINGH, 1981), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

## **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Foram obtidos 67 marcadores RAPD, sendo que 91% foram polimórficos. Os níveis de polimorfismo observados nos marcadores RAPD, foram considerados elevados, e de mesma magnitude aos reportados por Giancarla et al. (2012) de 91% e Olgun et al. (2015) de 93%. O dendrograma baseado nos marcadores RAPD (Figura 1), separou os genótipos em cinco grupos distintos. Os genótipos oriundos da seleção por alto desempenho agronômico ficaram em sua maioria distribuídos nos grupos 1 e 2. O grupo 3, formado por nove genótipos, agrupou os quatro genótipos escolhidos como genitores, além de outros quatro genótipos colombianos e a testemunha dística BRS 195. As testemunhas distribuíram-se em diferentes grupos de similaridade.

Os genótipos mais dissimilares entre si foram os colombianos MCU 3634 PI 402112 e MCU 3469 PI 401947 (100). Os genótipos de maior similaridade foram os genitores CI 09958 com MCU 3827 PI 402305 (19,78) e entre os colombianos MCU 3851 PI 402329 e MCU 3469 PI 401947 (22,41).

Através da distribuição gráfica dos genótipos (Figura 1), é possível visualizar que não houve tendência de agrupamento dos genótipos por origem geográfica. No entanto, as testemunhas e os genótipos selecionados como genitores estão posicionados

no terceiro e quarto quadrantes. Os genótipos mostraram-se distribuídos espaçadamente por todo o gráfico. Esses resultados demonstram existência de alta variabilidade entre os genótipos selecionados. Do ponto de vista do melhoramento genético, é interessante a utilização em blocos de cruzamento dos genótipos mais promissores agronomicamente e ao mesmo tempo distantes geneticamente, para que haja complementariedade gênica passível de ser selecionada em populações segregantes.

As análises dos marcadores moleculares ISSR geraram 70 bandas das quais 36 (51,46%) foram polimórficas, valores considerados baixos para cevada se comparado aos trabalhos publicados por Olgun et al. (2015) com 85% em 12 genótipos de cevada dísticas e hexásticas e Giancarla et al. (2012) com 89% em 19 genótipos de cevada de diferentes origens, porém de maior magnitude ao obtido por El-Awady et al. (2012) em seis genótipos de cevada locais da Arábia Saudita (30%).

Os 29 genótipos avaliados se estabeleceram em três grupos distintos no dendrograma gerado a partir dos marcadores ISSR (Figura 2). O primeiro grupamento foi composto por 14 genótipos, dentre os quais estão as cinco testemunhas, sete genótipos colombianos de 6 fileiras de grãos e dois genótipos selecionados como genitores, um de origem marroquina e outro de origem americana. As menores distâncias genéticas ocorreram entre o genótipo colombiano MCU 3592 PI 402070 e a cultivar BRS Sampa (12,74), as cultivares dísticas BRS 195 e BRS Deméter (16,42) e entre o genótipo MCU 3592 PI 402070 e a cultivar hexástica BRS 180 (17,60). As maiores distâncias ocorreram entre o genótipo selecionado como genitor de origem afegã H HOR 2325/58 PI 329126 e os genótipos colombianos MCU 3870 PI 402348 (100) e MCU 3502 PI 401980 (97,7). A maior dissimilaridade genética do genótipo afegão provavelmente se explica por ser o único genótipo de origem asiática dentre os 29. O gráfico de dispersão (Figura 2) mostra tendência de agrupamento das testemunhas (genótipos 21 a 25) no primeiro quadrante. Os genótipos (1 ao 20), selecionados por alto desempenho agrônômico, encontram-se posicionados espaçadamente no segundo quadrante, o que representa variabilidade entre eles. O genótipo de origem afegã H HOR 2325/58 PI 329126 ficou isolado no terceiro quadrante.

O estudo de diversidade dos marcadores microssatélites (SSR) foi realizado utilizando sete pares de *primers*, dos quais seis foram polimórficos (85%). O conteúdo de informação polimórfica (PIC) variou de 0,07 (BMAC624) a 0,52 (MAG149), com uma média de 0,22. Os valores de PIC observados são considerados baixos quando comparados com o valor médio de 0,57 (0,07 a 0,86) de 34 marcadores SSR relatados

por Ferreira et al. (2016) em 64 cultivares de cevada na região sul do Brasil e com os valores de 0,28 a 0,98 de 12 marcadores em 25 genótipos de cevada indianos, reportados por Chourasia et al. (2016).

O dendrograma (Figura 3) representativo das distâncias genéticas dos marcadores SSR separam os genótipos em sete grupos de similaridade. O primeiro grupo foi composto por seis genótipos colombianos e um genótipo americano selecionado como genitor CI 13683 NUMAR. O segundo grupo foi formado por 15 genótipos, dentre os quais estão quatro testemunhas e dois genitores. Os genótipos mais próximos geneticamente (15 - MCU 3469 PI 401947 e 25 - BRS SAVANNA) encontram-se nesses dois primeiros grupos, com valores iguais a 0. Esse fato pode ser explicado devido ao pequeno número de locos analisados e também pela baixa resolução existente no uso de gel de agarose na eletroforese e fotodocumentação, o que dificulta a diferenciação dos alelos com pequenas diferenças de tamanho. Os grupos 3, 4 e 5 foram formados por genótipos colombianos hexásticos, enquanto os grupamentos 6 e 7 foram formados por apenas um genótipo cada, sendo eles os que apresentaram a maior distância genética em relação aos demais. O grupo 6 foi formado pela cultivar dística BRS Sampa, e o grupo 7 pelo genótipo russo CI 09952.

O gráfico de dispersão obtido a partir das dissimilaridades genéticas dos genótipos estimadas com marcadores SSR (Figura 3) mostra maior distribuição dos genótipos pelo gráfico em comparação a Figura 1B. Existe tendência de agrupamento dos genótipos do grupo 2 na região central do gráfico, agrupando junto as testemunhas o genótipo afegão H HOR 2325/58 PI 329126, comportamento contrário ao observado nos marcadores ISSR.

As distâncias originais das matrizes baseadas nos marcadores mostram que os marcadores SSR e RAPD detectaram maior variabilidade se comparado o marcador ISSR. As dissimilaridades genéticas média obtidas com base em SSR e RAPD foram de 0,46 e 0,40, respectivamente enquanto a obtida com base em ISSR foi apenas de 0,14. Russell et al. (1997), utilizando marcadores RAPD em 18 genótipos de cevada de diferentes países europeus, relataram dissimilaridade média de 0,52. Em outro trabalho, 30 acessos americanos apresentaram dissimilaridade genética média de 0,68 (PILLEN et al., 2000). Em uma avaliação de 21 genótipos de cevada nua no Cerrado oriundos de diferentes continentes e utilizando marcadores RAPD, a dissimilaridade genética média foi de 0,28 (SAYD et al., 2015). Também em condições irrigadas de Cerrado, Amabile et al. (2014), analisando 39 genótipos elite cevada utilizando marcadores RAPD,

relataram dissimilaridade genética média de 0,18. Neste cenário, os valores de dissimilaridade genética obtidos neste trabalho, demonstraram que os genótipos avaliados possuem grau de variabilidade considerável, apesar de possuírem, em sua maioria, origem colombiana e terem sido selecionados para as mesmas características agronômicas.

As distâncias genéticas com base nas características agronômicas avaliadas em dois ambientes SPM e CPAC foram também utilizadas para as análises de agrupamento e dispersão gráfica (Figura 4 e 5).

Apesar da correlação existente entre as distâncias genéticas agronômicas nos dois ambientes (Tabela 2), os genótipos elite ficaram distribuídos de maneira diferente nos dendrogramas e gráficos de dispersão. No ambiente CPAC houve concentração dos genótipos a direita do gráfico (Figura 4). No SPM os genótipos ficaram distribuídos uniformemente ao centro do gráfico (Figura 5). Em ambos os casos, o genótipo afegão, H HOR 2325/58 PI 329126, ficou afastado dos demais, assim como ocorreu no marcador ISSR. Em ambos os gráficos, as testemunhas ficaram muito próximas, principalmente devido ao alto desempenho agronômico apresentado para classificação comercial de primeira e Rend.

A análise de agrupamento obtida com base nas características agronômicas avaliadas no CPAC (Figura 4) mostra a formação de três grupos de similaridade com ponto de corte a 11,28. Dos 29 genótipos avaliados, 25 ficaram situados no grupo I com distância média de 8,69. Os genótipos deste grupo apresentaram, em geral, rendimento de grãos acima de 3.500 kg ha<sup>-1</sup> e classificação comercial de primeira acima de 70%.

No grupo II estabeleceram-se os genótipos MCU 3484 PI 401962, MCU 3571 PI 402049 e CI 13683 NUMAR, com distância média de 15,96. Eles se diferenciaram dos demais principalmente pelos baixos valores de classificação comercial de primeira (<55%) e de Rend.

No grupo III, o genótipo afegão H HOR 2325/58 PI 329126, foi o que obteve os menores valores para rendimento de grãos e classificação comercial de primeira, e, portanto, se agrupando isoladamente dos demais genótipos com distância média de 61,95.

Tanto no CPAC como no SPM não houve tendência de agrupamento de genótipos dísticos ou hexásticos, opondo ao que foi observado por Amabile et al. (2017) em 39 genótipos elite de cevada cervejeira no Cerrado. No SPM, o dendrograma foi estruturado em quatro grupos, considerando a média das distâncias (19,27) como ponto

de corte. As cultivares BRS 195 e BRS Sampa foram os genótipos mais próximos e se agruparam dentro do primeiro grupo. Esse fato pode ser explicado por a BRS Sampa ser filha da BRS 195 e terem desempenhos agronômicos muito próximos (Figura 5). O grupo I teve média de 15,61 e englobou 19 dos 29 genótipos. O grupo se caracterizou por apresentar elevados valores de Rend, Class1 e altura.

O grupo II apresentou distância média de 24,10 e contém três genótipos (MCU 3571 PI 402049, MCU 3852 PI 402330 e a testemunha dística BRS Deméter). A principal característica desse grupo é o pequeno grau de acamamento, associado aos baixos valores de classificação comercial de primeira e Rend, além de ciclo precoce de aproximadamente 51 dias.

O grupo III com distância média de 24,67 (BRS Savanna, MCU 3489 PI 401967, MCU 3489 PI 401947, MCU 3634 PI 402112 e MCU 3865 PI 402343), apresentou genótipos altamente produtivos, com rendimento de grãos acima de 8.000 kg ha<sup>-1</sup>, classificação comercial de primeira variando de 70% a 78% e PMS próximos a 42g.

No grupo IV, o genótipo H HOR 2325/58 PI 329126 novamente foi o mais distante, porém ficou agrupado ao genótipo americano CI 13683 NUMAR. Eles obtiveram rendimento de grãos por volta de 5.000 kg ha<sup>-1</sup>, classificação comercial de primeira abaixo de 70%, com elevado grau de acamamento e ciclo de espigamento precoce.

Pelo fato dos genótipos terem passado por alto grau de seleção para características agronômicas, era esperado maior agrupamento agronômico em comparação aos dados moleculares. Esse fato pode ser benéfico para o melhoramento, uma vez que encontramos genótipos com alto potencial produtivo e que ainda possuem variabilidade genética e que podem ser exploradas através de cruzamentos, proporcionando consideráveis ganhos de seleção.

As características que mais influenciaram a diversidade para o ensaio no CPAC foi classificação comercial de primeira, contribuindo com 55,01% da variabilidade total. O peso de mil sementes contribuiu com 18,51% e rendimento de grãos com 12,27. No SPM, a característica rendimento de grãos foi a que mais contribuiu (44,47%), seguidas de classificação comercial de primeira (17,06), ACAM (16,53) e Ciclo (12,10%) (Tabela 3). Em experimento sob irrigação no Cerrado, Amabile et al. (2017) reportaram maiores contribuições para Ciclo, PMS e Rend. Características muito influenciadas pelo ambiente como acamamento, pode ter influência direta na diferença entre os

agrupamentos dos locais. Isso reforça a ideia de que é necessário o estudo em mais de um experimento para determinar a variabilidade genética em dados agronômicos.

As análises das correlações entre as distâncias padronizadas foram significativas ( $p \leq 0,01$ ) entre a distância molecular ISSR e as distâncias agronômicas no SPM e CPAC, entre as distâncias agronômicas SPM e CPAC e entre as distâncias moleculares SSR e RAPD (Tabela 2). Dentre as correlações significativas, a de maior magnitude foi observada entre as distâncias agronômicas SPM e CPAC (0,3764). A de menor computo foi entre as distâncias moleculares SSR e RAPD (0,1536). Correlações significativas entre RAPD e SSR já foram reportadas por Faleiro et al. (2001) em caracterização de variedades clonais de *Theobroma cacao*, Garcia et al. (2004) em linhagens de milho e Uptmoor et al. (2003) em acessos sul africanos de sorgo (*Sorghum bicolor*). Garcia et al. (2004) reportaram que a correlação entre RAPD e SSR ( $r = 0,33$ ) foram as menores entre os quatro tipos de marcadores testados em linhagens de milho. Correlação de baixa intensidade (0,113) também foi observada por Hou et al. (2005) entre os marcadores ISSR e RAPD em cevada do oeste da China, corroborando com a correlação de baixa magnitude e não significativa obtida nesse trabalho (Tabela 2). Amabile et al. (2013) não encontraram correlações significativas entre distâncias baseadas em caracteres moleculares (RAPD), morfo-agronômicos e de qualidade. Essa falta de correlação também pode ocorrer entre diferentes ambientes, o que dificulta o trabalho do melhorista e mostra a necessidade do uso complementar de diferentes grupos de características no processo de seleção de genitores (PIEPHO & WILLIAMS, 2006).

## 6. CONCLUSÕES

É observada a existência de variabilidade genética entre os genótipos elite selecionados em ambiente irrigado no Cerrado verificado em três marcadores moleculares, assim como em características agronômicas,

As baixas correlações entre as distâncias genéticas obtidas em diferentes tipos de marcadores moleculares e características agronômicas avaliadas em locais diversos demonstram a importância da análise complementar do marcador molecular/agronômico em estudos mais completos da variabilidade genética.

## 7. TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Genótipos de cevada utilizados para estudo de diversidade genética, país de origem (Origem) e número de fileira de grãos (NFG). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

	Genótipos	Origem	NFG
1	MCU 3870 PI 402348	Colômbia	6
2	MCU 3502 PI 401980	Colômbia	6
3	MCU 3449 PI 401927	Colômbia	6
4	CI 09952	Rússia	6
5	MCU 3884 PI 402362	Colômbia	6
6	MCU 3852 PI 402330	Colômbia	6
7	MCU 3865 PI 402343	Colômbia	6
8	MCU 3634 PI 402112	Colômbia	6
9	MCU 3750 PI 402228	Colômbia	6
10	MCU 3484 PI 401962	Colômbia	6
11	MCU 3461 PI 401939	Colômbia	6
12	CI 15565 QB 136-20	Canadá	6
13	CI 13715	Colômbia	6
14	MCU 3851 PI 402329	Colômbia	6
15	MCU 3469 PI 401947	Colômbia	6
16	MCU 3489 PI 401967	Colômbia	6
17	MCU 3571 PI 402049	Colômbia	6
18	MCU 3452 PI 401930	Colômbia	6
19	MCU 3832 PI 402310	Colômbia	6
20	MCU 3592 PI 402070	Colômbia	6
21*	BRS 180	Brasil	6
22*	BRS 195	Brasil	2
23*	BRS DEMÉTER	Brasil	2
24*	BRS SAMPA	Brasil	2
25*	BRS SAVANNA	Brasil	6
26	CI 09958	Marrocos	6
27	MCU 3827 PI 402305	Colômbia	6
28	CI 13683 NUMAR	EUA	6
29	H HOR 2325/58 PI 329126	Afeganistão	6

\*Genótipos utilizados como testemunhas

**Tabela 2.** Correlações entre as distâncias genéticas entre 29 genótipos elite de cevada obtidas a partir de três marcadores moleculares (ISSR, SSR e RAPD) e características agronômicas avaliadas em dois ambientes (CPAC e SPM). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Marcadores	ISSR	SSR	RAPD	SPM
ISSR				
SSR	-0.0427			
RAPD	-0.0158	0.1536**		
SPM	0.2093**	0.0213	0.0561	
CPAC	0.3535**	-0.0459	0.0459	0.3764**

**Tabela 3.** Contribuição Relativa para a Diversidade Genética, utilizando o método de Singh para as características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura) grau de acamamento (Acam) e ciclo de espigamento (Ciclo) avaliadas em dois ambientes (CPAC e SPM). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

SINGH (%)		
	CPAC	SPM
Rend	12,27	44,47
Class1	55,01	17,06
PMS	18,51	3,99
Altura	1,87	5,85
Acam	0,97	16,53
Ciclo	1,14	12,10

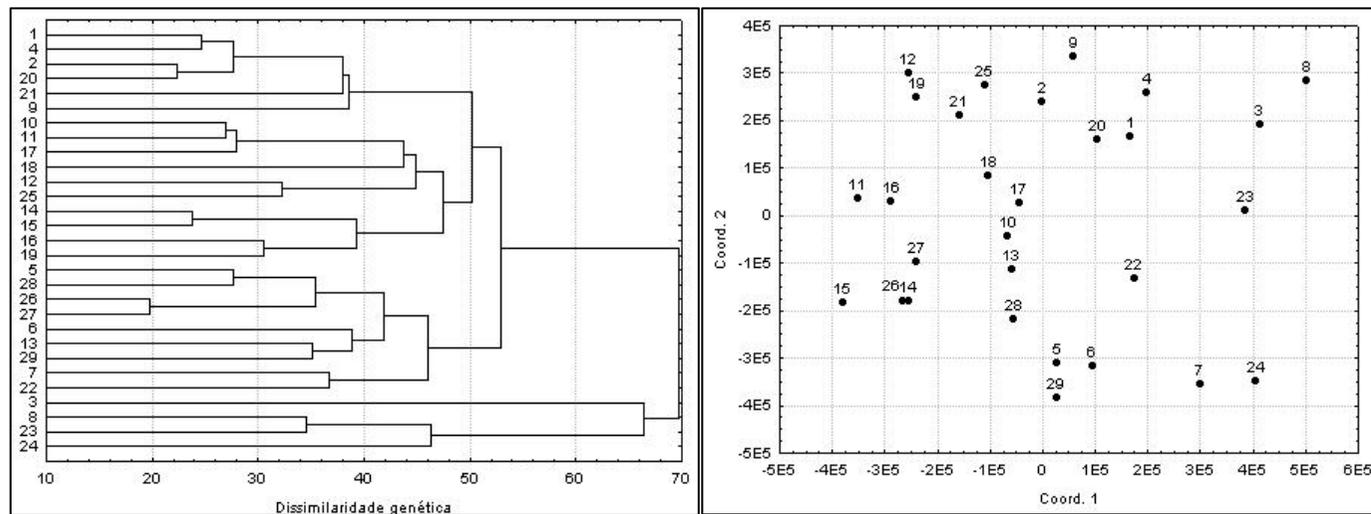


Figura 1. Dendrograma (A) e gráfico de dispersão (B) obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares RAPD.

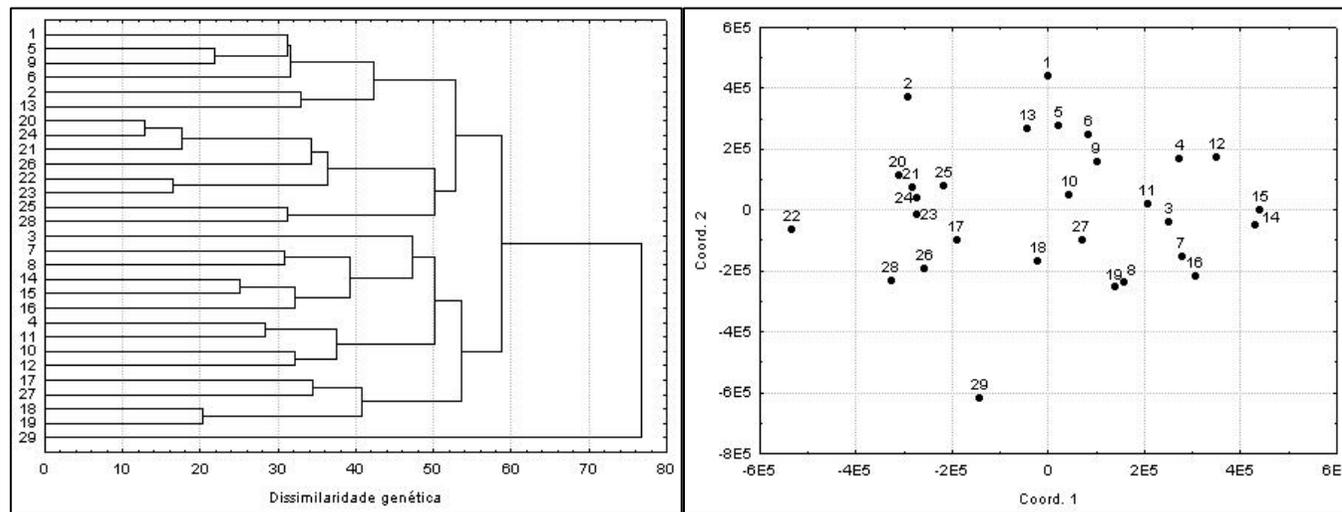


Figura 2. Dendrograma (A) e gráfico de dispersão (B) obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares ISSR.

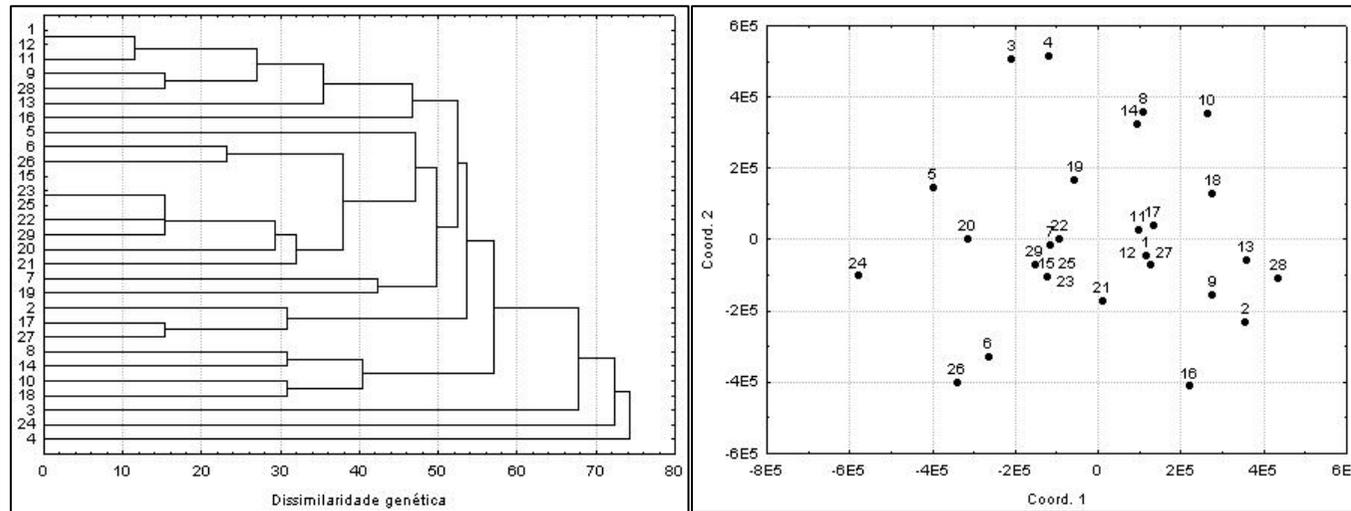


Figura 3. Dendrograma (A) e gráfico de dispersão (B) obtidos a partir da matriz de dissimilaridades genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em marcadores moleculares SSR.

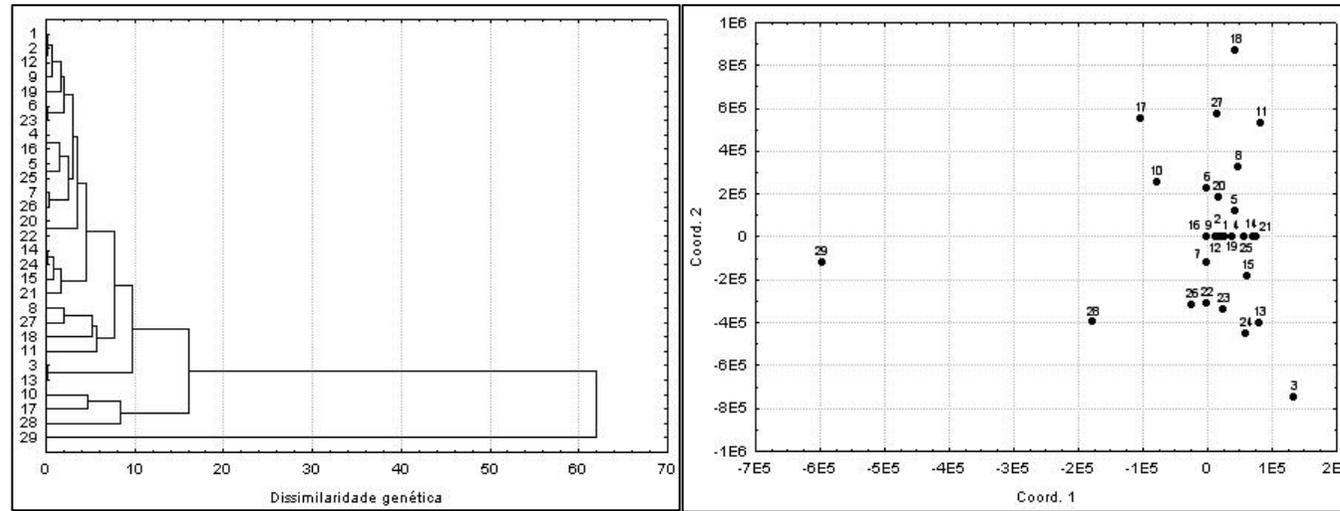


Figura 4. Dendrograma (A) e gráfico de dispersão (B) obtidos a partir da matriz de dissimilaridade genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em características agrônômicas avaliadas no ambiente CPAC.

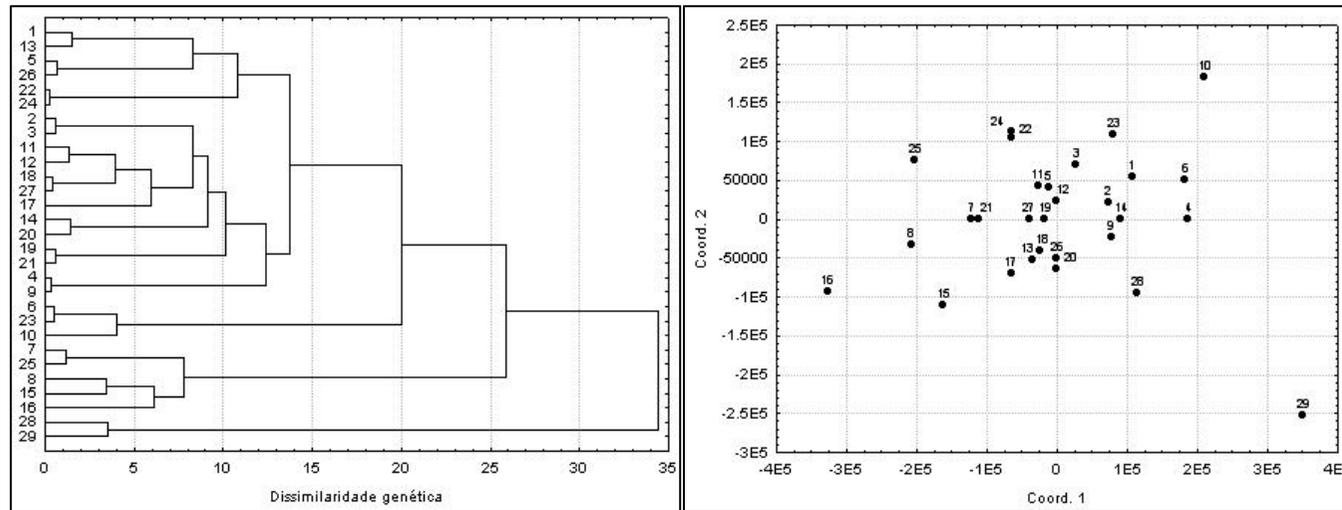


Figura 5. Dendrograma (A) e gráfico de dispersão (B) obtidos a partir da matriz de dissimilaridade genéticas entre 29 genótipos elite de cevada estimadas em características agrônômicas avaliadas no ambiente SPM.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; JÚNIOR, W. Q. R.; PEIXOTO, J. R.; DE ALMEIDA, B. C. Genetic variability of elite barley genotypes for brazilian savanna irrigated systems based on RAPD markers. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 4, p. 1118-1126, 2014.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; CAPETTINI, F.; PEIXOTO, J. R.; SAYD, R. M. Genetic variability in elite barley genotypes based on the agro-morphological characteristics evaluated under irrigated system. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n. 2, p. 147-158, 2017.

AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A.; PEIXOTO, J. R.; CAPETTINI, F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Genetic diversity of irrigated barley based on molecular and quantitative data and on malting quality. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 7, p. 748-756, 2013.

BAIK, B. K.; ULLRICH, S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de novembro de 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 25 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF, 2009. 395 p.

CHOURASIA, K. N.; PRASAD, L. C.; PRAKASH, O. Morphological and molecular characterization in diverse genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.). **The Bioscan**, v. 11, n. 3, p. 1913-1916, 2016.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

EL-AWADY, M. A. H. M.; EL-TARRAS, A. A. E.; EL-ASSAL, S. E. D. Genetic diversity of some Saudi barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces based on two types of molecular markers. **American Journal of Applied Sciences**, v. 9, n. 5, p. 752-758, 2012.

ESHGHI, R.; AKHUNDOVA, E. Inheritance of some important agronomic traits in hulless barley. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 12, p. 73-76, 2010.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; YAMADA, M. M.; PIRES, J. L.; BAHIA, R. C.; SANTOS, R. S.; MELO, G. R. Caracterização de variedades clonais de *Theobroma cacao* L. com base em marcadores RAPD, AFLP e microssatélites. **Agrotrópica**, v. 13, n. 2, 2001.

FALEIRO, F. G.; PIRES, J. L.; LOPES, U. V. Uso de marcadores moleculares RAPD e microssatélites visando a confirmação da fecundação cruzada entre *Theobroma cacao* e *Theobroma grandiflorum*. **Agrotrópica**, v. 15, p. 41-46, 2003.

FERREIRA, J. R.; PEREIRA, J. F.; TURCHETTO, C.; MINELLA, E.; CONSOLI, L.; DELATORRE, C. A. Assessment of genetic diversity in Brazilian barley using SSR markers. **Genetics and molecular biology**, v. 39, n. 1, p. 86-96, 2016.

GARCIA, A. A.; BENCHIMOL, L. L.; BARBOSA, A. M.; GERALDI, I. O.; SOUZA JR, C. L.; SOUZA, A. P. D. Comparison of RAPD, RFLP, AFLP and SSR markers for diversity studies in tropical maize inbred lines. **Genetics and Molecular Biology**, v. 27, n. 4, p. 579-588, 2004.

GIANCARLA, V.; EMILIAN, M. A. D. O. Ş. Ă.; RADU, S.; SORIN, C.; SORINA, P.; CERASELA, P. The use of RAPD and ISSR markers for genetic diversity among some barley cultivars. **Romanian Biotechnological Letters**, v. 17, n. 4, p. 7493-7503, 2012.

HAMZA, S.; HAMIDA, W. B.; REBAÏ, A.; HARRABI, M. SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. **Euphytica**, v. 135, n. 1, p. 107-118, 2004.

HOU, Y. C.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity in barley from west China based on RAPD and ISSR analysis. **Barley Genetics Newsletter**, v. 35, n. 1, p. 9-22, 2005.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. M.; M'BAREK, B. N. RAPD markers and morpho-physiological characterization of some Tunisian Barley ecotypes. **Biological Diversity and Conservation**, v. 3/2, p. 1-11, 2010.

MONTEIRO, V. A. **Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro**. 2012. 136 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade de Brasília, Brasília.2012.

NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 76, p. 5269-5273, 1979.

NEVO, E. Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the Fertile Crescent. In: **Barley: genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology**. 1992. p. 19-43.

OLGUN, M.; BUDAK BAŞÇİFTÇİ, Z.; AYTER, N. G.; TURAN, M.; KOYUNCU, O.; ARDIÇ, M.; AĞAR, G.; TAKIL, E. Genetic Divergence in Some Barley (*Hordeum vulgare* L.) Genotypes by RAPD and ISSR Analyses. **SDU Journal of the Faculty of Agriculture**, v. 10, n. 2, p. 102-109, 2015.

PIEPHO, H. P.; WILLIAMS, E. R. A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, p. 1505-1515, 2006.

PILLEN, K.; BINDER, A.; KREUZKAM, B.; RAMSAY, L.; WAUGH, R.; FÖRSTER, J.; LEON, J. Mapping new EMBL-derived barley microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, p. 652-660, 2000.

RUSSELL, J. R.; FULLER, J. D.; MACAULAY, M.; HATZ, B. G.; JAHOR, A.; POWELL, W.; WAUGH, R. Direct comparison of levels of genetic variation among barley accessions detected by RFLPs, AFLPs, SSRs and RAPDs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, n. 4, p. 714-722, 1997.

SAMBROOCK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual**. 2nd. ed. New York: Cold Spring Harbor, 1989. 653 p.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT ® 9.2 user's guide**. 7857 p. Disponível em: <<http://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/59654/PDF/default/statug.pdf>>. Acesso em: 20 mar. 2017.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; MONTALVÃO, A. P. L.; COELHO, M. C. Agronomic characterization of high-yielding irrigated barley accessions in the Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 2, p. 84-94, 2017.

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G. Genetic variability of hull-less barley accessions based on molecular and quantitative data. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 50, n. 2, p. 160-167, 2015.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic diversity. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SINGH, B. D.; SINGH, A. K. Phylogenetic Relationships and Genetic Diversity. In: **Marker-Assisted Plant Breeding: Principles and Practices**. New Delhi: Springer India; 2015. p. 313-339.

STATSOFT INC. **Statistica for Windows [Computer program manual]** Tulsa: StatSoft Inc., 1999.

UPTMOOR, R.; WENZEL, W.; FRIEDT, W.; DONALDSON, G.; AYISI, K.; ORDON, F. Comparative analysis on the genetic relatedness of Sorghum bicolor accessions from Southern Africa by RAPDs, AFLPs and SSRs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 106, n. 7, p. 1316-1325, 2003.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. 2005. 215 f. Monografia (Especialização) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria. 2005.