

AGRONOMIA

001

Análise associativa usando *loci* SSR e SNP para encontrar QTLs para o conteúdo de óleo de soja na soja

Regina Helena Geribello Priolli

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2008/56249-9

Vigência: 1/2/2009 a 31/1/2013

Mapeamento associativo será usado para identificar regiões do genoma e polimorfismo de genes candidatos associados à produção de óleo e à composição de ácidos graxos em populações de soja. A população do mapeamento consistirá de duas subpopulações de 48 acessos de soja cada, uma das quais com alto e outra com baixo conteúdo de óleo. Para confirmar que esses traços poderiam ser úteis em um programa de produção de soja, composições de ácidos graxos serão determinadas em cada um dos 96 indivíduos. Todas as plantas serão genotipadas por todo o genoma com cem marcadores de sequências simples repetidas (SSR), algumas das quais serão selecionadas com base em sua associação com *loci* de traços quantitativos (QTL) para o conteúdo de óleo e com base no polimorfismo mostrado em estudos anteriores. Concomitantemente, sequenciaremos porções de até dez genes que são *loci* candidatos envolvidos na biossíntese de óleo numa amostra de dez acessos de soja selecionados para óleo alto e baixo. O sequenciamento conduzirá à identificação dos polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) que se desenvolveram em marcadores para aqueles genes específicos. Os SNPs que são causais de variação fenotípica serão prioridade para genotipar cada um dos 96 indivíduos. Coeficientes de desequilíbrio (D') padronizados e correlações de frequência de alelos ao quadrado (r^2) para pares de *loci* SSR e SNP serão medidas para estimar o desequilíbrio de ligação. A detecção do conteúdo de óleo de soja será feita pelo teste para identificar diferenças significativas em frequências de alelos entre os grupos de alto e baixo teor de óleo. QTL putativo poderá ser identificado com base em marcadores altamente significativos, tornando-se uma ferramenta útil num programa de produção de óleo para um rápido aumento de taxas de ganhos genéticos.

002

Plantas de cobertura e adubação nitrogenada em rotação de culturas: composição, decomposição, liberação de nutrientes dos resíduos vegetais e balanço de nitrogênio no sistema solo-planta

Edson Cabral da Silva

Centro de Energia Nuclear na Agricultura

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2008/54502-9

Vigência: 1/2/2009 a 31/1/2011

Os objetivos deste estudo serão avaliar a dinâmica de decomposição dos resíduos de plantas de cobertura, a partir da sua composição orgânica e química, mensurando a liberação dos macronutrientes; avaliar os efeitos do uso de espécies de cobertura sobre a produtividade das culturas de arroz e milho, em rotação sob plantio direto; avaliar o efeito residual e a recuperação do N das plantas de cobertura e da ureia no sistema solo-planta, utilizando a técnica da diluição isotópica com ^{15}N associada à de sacos de decomposição. O estudo será desenvolvido na fazenda experimental da Feisiunesp, Selvíria-MS, em um latossolo vermelho distroférrico, fase cerrado, e as análises laboratoriais realizadas no Centro de Energia Nuclear na Agricultura (Cena/USP). O delineamento experimental será o de blocos casualizados com quatro repetições, dispostos em esquema fatorial 5×2 , compreendendo quatro espécies de cobertura: crotalaria juncea, guandu, mucuna verde, milheto e a vegetação espontânea (testemunha); e presença e ausência de N mineral em cobertura, aplicado às culturas de arroz e milho. Serão avaliados a relação C/N, C/P, C/S, os teores de lignina e polifenóis, relação lignina/N, polifenóis/N e os teores de N, P, K, Ca, Mg e S nos resíduos vegetais. A taxa de decomposição e liberação de nutrientes será avaliada em sacos de tela de náilon (*itter bags*) com malha de 2 mm de abertura, contendo uma quantidade de resíduos por área equivalente à de fitomassa produzida pela espécie correspondente. As coletas dos sacos serão realizadas aos 15, 30, 60, 90, 120, 180, 240 e 300 dias após a disposição no campo. Será realizado o balanço do N no sistema solo-planta, considerando o aproveitamento do N das fontes orgânica e mineral pelo cultivo imediato (arroz) e subsequente (milho), o N no compartimento resíduo e o N liberado e presente no solo.

003

Uso da eletroantenografia como estratégia para a obtenção de feromônios sexuais de insetos-praga

Ana Lia Parra Pedrazzoli

Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2008/53391-9

Vigência: 1/9/2009 a 31/8/2013

O uso de feromônio sexual tem-se mostrado eficiente e promissor para o manejo de insetos-praga em um grande número de culturas, propiciando um controle mais racional e efetivo, reduzindo os custos de produção e, principalmente, minimizando o impacto dos inseticidas no ambiente. Contudo, no Brasil, são raros os laboratórios que dispõem de tecnologia para a identificação de fe-

romônios e, especialmente que possuem especialistas na técnica da cromatografia gasosa acoplada ao detector eletroantegráfico (CG-EAG). Por essa razão, o número de feromônios identificados em nosso país é extremamente baixo, devido à dependência de laboratórios no exterior que possuam tal tecnologia, o que torna o processo demorado e caro. Este projeto visa instituir no Departamento de Entomologia, Fitopatologia e Zoologia Agrícola da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz um núcleo de pesquisa em eletroantegráfia para que possam ser detectados os compostos biologicamente ativos dos feromônios de insetos-praga de importância econômica para o Brasil, fornecendo subsídios imprescindíveis para a sua identificação. Para o processo de implantação desta técnica propõe-se o isolamento e a detecção dos compostos biologicamente ativos dos feromônios dos lepidópteros *Diatraea saccharalis* (Fabr.) (Lepidoptera: Pyralidae), *Cerconota anonella* (Sepp.) (Lepidoptera: Oecophoridae), *Stenoma catenifer* Walsingham (Lepidoptera: Elachistidae), e do hemíptero *Scaptocoris carvalhoi* Becker (Hemiptera: Cydnidae) por serem pragas responsáveis por sérios prejuízos na cultura da cana-de-açúcar, da grão-violeira, do abacateiro e em pastagem, respectivamente, possibilitando a geração de novos produtos tecnológicos a serem incorporados ao Manejo Integrado de Pragas. A partir deste projeto, o laboratório estará capacitado para o desenvolvimento de outras pesquisas nesta área, além do treinamento de estudantes de pós-graduação da Esalq/USP e de outras instituições.

004

Desenvolvimento de uma metodologia utilizando a espectroscopia do infravermelho próximo (Nirs) para a seleção e classificação de frutos íntegros de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) e palmitreiro-jussara (*Euterpe edulis* Mart.)

Gustavo Henrique de Almeida Teixeira
Centro Nacional de Instrumentação Agropecuária
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)
Processo 2008/51408-1
Vigência: 1/1/2010 a 31/12/2012

As técnicas não invasivas e/ou destrutivas estão sendo mundialmente utilizadas, com bastante sucesso, para a determinação da qualidade de produtos hortifrutícolas. Dentre essas técnicas, a espectroscopia do infravermelho próximo (Nirs) é uma ferramenta que pode ser usada para melhorar o processo de seleção, classificação e, conseqüentemente, a qualidade do produto final. Dentre as várias vantagens desta técnica destacam-se a sua rapidez, não ser destrutiva, ser relativamente barata e proporcionar automação dos processos de controle de qualidade nas casas de embalagens e agroindústrias. Apesar da simplicidade aparente quanto à utilização da Nirs e sua possível

aplicação como uma técnica não invasiva para seleção e classificação de frutos íntegros, esta só pode ser adequadamente implementada utilizando-se de modelos matemáticos obtidos a partir de grandes bases de dados, oriundos de indústrias e/ou advindas de experimentos. A Nirs é utilizada no Brasil em uma diversidade de processos, principalmente para a determinação da composição química, porém esta técnica não está sendo utilizada em produtos *in natura* visando à determinação de sua qualidade. Desse modo, este trabalho tem por objetivo o desenvolvimento de uma metodologia utilizando a Nirs para seleção e classificação de frutos íntegros de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) e de palmitreiro-jussara (*Euterpe edulis* Mart.) quanto aos teores de antocianinas e parâmetros físicos e químicos, bem como para estabelecer modelos matemáticos que possam ser usados futuramente pelas agroindústrias que exploram estes frutos.

005

Mapeamento genético e identificação de marcadores moleculares genômicos e funcionais associados às características agrônômicas de interesse em cana-de-açúcar

Luciana Rossini Pinto
Instituto Agrônômico (IAC)
Secretaria de Agricultura e Abastecimento
Processo 2005/55258-6
Vigência: 1/12/2005 a 30/11/2009

No Brasil, o agronegócio da cana-de-açúcar movimenta cerca de R\$ 36 bilhões por ano e constitui um dos setores de maior geração de empregos diretos e indiretos. A construção de mapas genéticos de ligação contribui para a elaboração de estratégias a serem introduzidas no programa de melhoramento, de forma a acelerar o desenvolvimento de novas variedades. O mapeamento de lócus associados com o teor de açúcar e os componentes de produção (número de perfilhos, diâmetro e altura de colmos) é de grande importância para o melhoramento da cana-de-açúcar. O banco de dados Sucest tem viabilizado o desenvolvimento de marcadores funcionais para serem aplicados no mapeamento genético. Esses marcadores são considerados ideais para seleção assistida, visto que os mesmos podem ser os responsáveis pela característica em questão. O presente projeto visa iniciar um programa de mapeamento genético para o programa Cana IAC. Para tanto, marcadores moleculares do tipo AFLP (polimorfismos de comprimento do DNA amplificado), microssatélites genômicos (gSSRs) e microssatélites provenientes de sequências expressas (EST-SSRs) com homologia a genes de interesse serão utilizados para a construção de um mapa genético a partir de um cruzamento biparental, entre materiais elites do programa. Pretende-se também detectar e mapear QTLs associados ao teor de açúcar e