



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA – UnB

FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA – FAV

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA SOB SISTEMA
DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO DO PLANALTO
CENTRAL BRASILEIRO**

VITOR ANTUNES MONTEIRO

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA

BRASÍLIA/DF

MARÇO/2012



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

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA SOB SISTEMA
DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL
BRASILEIRO**

VITOR ANTUNES MONTEIRO

ORIENTADOR: CARLOS ROBERTO SPEHAR
CO-ORIENTADOR: WALTER QUADROS RIBEIRO JÚNIOR

PUBLICAÇÃO: 39/2012

BRASÍLIA/DF
MARÇO/2012



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

*DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA SOB SISTEMA DE
PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL
BRASILEIRO*

VITOR ANTUNES MONTEIRO

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO 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 MESTRE EM AGRONOMIA, LINHA DE PESQUISA EM MELHORAMENTO VEGETAL.

APROVADA POR:

Carlos Roberto Spehar, Ph.D.
Professor da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária
Universidade de Brasília (UnB)
(Orientador)

Fábio Gelape Faleiro, D. Sc.
Pesquisador Classe A
Embrapa Cerrados
(Examinador interno)

Eduardo Alano Vieira, D. Sc.
Pesquisador Classe A
Embrapa Cerrados
(Examinador externo)

BRASÍLIA/DF, 19 de MARÇO de 2012.

FICHA CATALOGRÁFICA

Monteiro, Vitor Antunes.

Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro/Vitor Antunes Monteiro; orientação de Carlos Roberto Spehar; co-orientação de Walter Quadros Ribeiro Júnior. – Brasília, 2012.

136 p. ; il.

Dissertação de mestrado (M) – Universidade de Brasília/Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2012.

1. *Hordeum vulgare* L. 2. Banco de germoplasma 3. Parâmetros Genéticos 4. Recursos genéticos vegetais 5. Melhoramento genético vegetal. I. Spehar, C. R. II. PhD.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

MONTEIRO, V. A. Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2011, 136 p. Dissertação de Mestrado.

CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Vitor Antunes Monteiro.

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO DE MESTRADO: Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro.

GRAU: Mestre. ANO: 2012.

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

Vitor Antunes Monteiro

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela dádiva da vida e pela fé nos momentos de desilusão.

Aos meus pais José Roberto e Leila, por me ouvirem, me aconselharem e me apoiarem em minhas decisões.

Ao meu irmão José Henrique, por me ensinar a acreditar nos nossos sonhos e batalhar por eles.

Aos meus avós, pelo carinho e confiança incondicionais.

A todos da família que me apoiaram nessa jornada.

Em especial à Desirée, que me provou que devemos seguir em frente, mesmo que os obstáculos se apresentem. Pelo amor e carinho que me foram dedicados. Por acreditar em um futuro juntos.

Ao orientador e amigo Renato Amabile, pela doutrina acadêmica e também pessoal, por facilitar o contato entre todas as pessoas responsáveis pela implantação, condução e conclusão deste mestrado. Uma amizade que produzirá frutos pela vida.

Ao mestre e orientador Carlos Spehar, que iluminou meus passos no sentido de melhorar, esmiuçar, aprofundar cada dado obtido, explanar de forma mais clara e concisa cada parágrafo deste volume. Levarei para sempre suas direções.

Aos colegas da Embrapa Cerrados, especialmente aos doutores Fábio Faleiro e Eduardo Alano, além de toda equipe de laboratório e campo, principalmente ao amigo Amiltinho. Aos pesquisadores da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, por me cederem os acessos de cevada e auxiliarem em sua separação, em especial à Dra. Clara Goedert, Dra. Solange Carvalho, ao Sr. Leonel Gonçalves e à estagiária Laissa Schwingel.

Aos grandes mestres da Universidade de Brasília Dr. José Ricardo Peixoto, Dr. Alberto Pinto, Dr. Nilton Junqueira, por todos os conhecimentos transmitidos.

Agradeço e reconheço a importância de todas as instituições que me ofereceram suporte neste mestrado: Universidade de Brasília, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Embrapa Cerrados e Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Obrigado!

SUMÁRIO

1. RESUMO	1
2. ABSTRACT	2
3. INTRODUÇÃO GERAL	3
4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
4.1 Cerrado	5
4.2 Cevada	6
4.3 Situação mundial e brasileira	9
4.4 Diversidade genética	10
4.5 Parâmetros genéticos	14
4.6 Caracterização morfológica	17
5. OBJETIVOS	18
5.1 Geral	18
5.2 Específicos	18
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	19
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE ACESSOS DE CEVADA EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL BRASILEIRO	
1. Resumo	31
2. Abstract	32
3. Introdução	33
4. Material e métodos	35
Tabela 1	37
5. Resultados e discussão	39
6. Conclusões	44
Tabela 2	46
Tabela 3	47
7. Referências bibliográficas	49
DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS ENTRE 435 ACESSOS DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL	
1. Resumo	56
2. Abstract	57

3. Introdução.....	58
4. Material e métodos	60
5. Resultados e discussão	63
6. Conclusões	73
Tabela 1	74
Tabela 2	75
Tabela 3	78
Tabela 4	83
Tabela 5	84
Figura 1.....	86
Figura 2.....	87
Figura 3.....	88
7. Referências bibliográficas	89
7. APÊNDICE	98
Tabela 1	99
Figura 1.....	116
Figura 2.....	116
Figura 3.....	117
Figura 4.....	117
Figura 5.....	118
Figura 6.....	118
Figura 7.....	119
Figura 8.....	119
Figura 9.....	120
8. CONSIDERAÇÕES FINAIS	121
9. ANEXOS	122

1. RESUMO

O início da produção comercial de cevada (*Hordeum vulgare* L.) no Brasil data da década de 1930, nos estados do Sul. Sua inserção no Cerrado do planalto central brasileiro ocorreu em 1976 graças à sua adaptabilidade às condições edafoclimáticas deste bioma e aos apoios governamentais, da EMBRAPA e de iniciativas privadas. O sucesso do cultivo, entretanto, depende do conhecimento e utilização da variabilidade genética existente em bancos de germoplasma. No Brasil, ainda que se disponha de ampla coleção de acessos, não se tem uma caracterização sistemática e nem informações sobre o valor dos mesmos em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de componentes de produção e caracteres morfoagronômicos por análise da diversidade entre acessos de cevada pré-selecionados, para formar coleção de trabalho, identificando genótipos a serem utilizados no melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado. Conduziu-se o experimento na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, sob irrigação, entre 18 de junho e 17 de outubro de 2010, composto por 433 acessos, além de BRS 180 e BRS 195 (testemunhas), em delineamento de testemunhas intercalares. Para estimar os parâmetros genéticos foram utilizados 13 descritores morfoagronômicos quantitativos e, para a comparação entre acessos, onze quantitativos e quatro categóricos. Foram encontradas altas magnitudes de herdabilidade e coeficiente de variação genético para as características agronômicas avaliadas, além de forte correlação negativa para interação rendimento x dias para espigamento e teor de proteína. A dissimilaridade genética entre os pares de acessos foi estimada utilizando o coeficiente de Gower e, a partir disso, foram aplicados o método de otimização de Tocher e a dispersão gráfica das distâncias no plano. As distâncias genéticas variaram de 0,025 a 0,572, com média de 0,256. Os acessos foram distribuídos em 18 grupos pelo método de Tocher, de forma coerente ao observado na dispersão gráfica. A divergência genética existente na coleção pesquisada, aliada às altas herdabilidades e coeficientes de variação genética, permitem definir acessos para compor blocos de cruzamentos em programas de melhoramento genético de cevada em ambiente de Cerrado irrigado.

PALAVRAS-CHAVE: *Hordeum vulgare* L., banco de germoplasma, parâmetros genéticos, Recursos genéticos vegetais, melhoramento genético vegetal.

2. ABSTRACT

The commercial production of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Brazil began in the 1930s, at first in the southern states. Its insertion into the Brazilian Savannah Highland occurred in 1976 thanks to its adaptability to the edafoclimatic conditions of this biome and to the government subsidies, EMBRAPA and private initiatives. The success of this crop relies, however, on the knowledge and use of genetic variability present in germplasm banks. In Brazil, even though large access collections are available, a systematic characterization of them, with information on genetic parameters estimates and statistics does not exist. The aim of this work was to estimate genetic, phenotypic and environmental parameters of yield components and morfoagronomic characters, by analyzing diversity among pre-selected accessions, to integrate a core collection for barley breeding at irrigated savannah conditon. The experiment was conducted in Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, Brazil, located at 15°35'30" south latitude and 47°42'30" west longitude at an altitude of 1007 m, under irrigation, between 18 June and 17 October 2010, composed of 433 accesses, plus BRS180 and BRS 195 (checks), in an interpolated control design. To estimate the genetic parameters 13 quantitative morphological descriptors were used while the comparison between accesses were made by eleven quantitative and four discrete. High magnitudes of heritability and genetic variation coefficient were found for the agronomic traits evaluated, besides of strong negative correlation between yield x days to earing and protein content. The genetic dissimilarity between access pairs was estimated using Gower's coefficient and, from this, the optimizing Tocher method and the graphic dispersion distance were applied. The genetic distances varied between 0.025 and 0.572, with mean of 0.256. The accessions were distributed in 18 groups by the Tocher method, which were directly related to the graphic dispersion. The existing genetic divergence in the collection under study, ally to high heritabilities and genetic variation coefficients, allows the identification of accessions to be used in crossing blocs from a breeding programme directed to savannah environment.

KEY WORDS: *Hordeum vulgare* L., germplasm bank, genetic parameters, genetic resources, crop breeding.

3. INTRODUÇÃO GERAL

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é uma das primeiras plantas domesticadas pelo ser humano há cerca de 10.000 anos. Originária da região do Oriente Médio, é o quarto cereal mais produzido no mundo, destinando-se principalmente à indústria malteira. Ainda que o Brasil utilize praticamente toda a cevada nacional, faz-se necessária a importação de 80% de malte para atender à demanda interna, tornando o país um dos maiores importadores de malte do mundo. Baseando-se na produtividade média nacional e na importação de malte (FAOSTAT, 2012), estima-se que a autossuficiência do Brasil neste cereal depende da consolidação de uma área aproximada de 255.000 hectares além da que já é cultivada.

Com crescente demanda, a produção nas regiões tradicionais, como nos estados do Sul, está aquém de atender às necessidades do mercado. Para suprir essa lacuna, as indústrias malteiras passaram a concentrar-se na adaptação da cevada ao Cerrado brasileiro. O sucesso da introdução de novas espécies na região tem sido possível em razão dos avanços da pesquisa visando sua adaptação a ambiente muito distinto dos seus centros de origem. Em cevada, os esforços têm se embasado no melhoramento genético, com introdução e adaptação de genótipos para cultivo comercial, promovendo o crescimento, o desenvolvimento e a sustentabilidade agrícola da cultura. A sua inserção no bioma Cerrado tem propiciado aumentar a produção nacional, diminuindo, assim, a dependência do país em relação ao malte estrangeiro.

No Cerrado a cevada é cultivada na entressafra, sob irrigação, o que possibilita a colheita na ausência de chuvas, resultando em sementes com alta qualidade, limpas, sem a presença de fungos e dormência. Segundo Amabile *et al.* (2002), essas condições favorecem à indústria malteira, que pode utilizar tais sementes sem necessidade de armazenamento. Porém, sua inserção nos sistemas agrícolas do Cerrado ainda necessita de estudos direcionados à sua adaptação, como a caracterização de acessos para, posteriormente, utilizá-los como ferramenta para o melhoramento genético, e na busca de estratégias agronômicas que visem explorar, com maior eficiência e diversidade, a sua produção.

Apesar dos progressos obtidos com a seleção da cevada no Cerrado irrigado, até o presente momento pouco se sabe sobre a variabilidade genética do germoplasma existente no país quanto ao desempenho agronômico no Cerrado do Brasil central sob sistema de produção irrigado.

Em programas de melhoramento genético, a caracterização dos recursos genéticos torna-se fundamental para que se obtenham ganhos qualitativos e quantitativos na agricultura do país. Para fazer frente à demanda por cultivares de alto potencial produtivo, estabilidade de rendimento e qualidade de grão para malteação, ampla variabilidade genética deve ser disponibilizada, devidamente caracterizada e organizada. Portanto, o maior conhecimento sobre os recursos genéticos de cevada é essencial, tendo sido o principal objetivo do presente trabalho. Os dados obtidos com a pesquisa gerarão subsídios para programas de melhoramento genético de cevada, principalmente fornecendo informações até então desconhecidas sobre o comportamento de acessos de cevada de ampla variabilidade morfoagronômica no bioma Cerrado.

4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 Cerrado

O Cerrado é o segundo maior bioma do Brasil, superado apenas pela Amazônia, abrangendo os estados da Bahia, Ceará, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará, Rondônia e Tocantins e o Distrito Federal. Também são encontradas áreas de Cerrado nos estados do Piauí, Roraima, Amapá e São Paulo. Em sua totalidade, é responsável por aproximadamente 204 milhões de hectares, cerca de 24% do território nacional. Atualmente restam 61,2% do território original do Cerrado, sua grande maioria na região Meio-Norte (EITEN, 1993; RIBEIRO & WALTER, 1998; EMBRAPA, 2007). Reúne cerca 30% da biodiversidade nacional e 5% da flora e fauna mundiais, caracterizando-o como a savana mais diversa do mundo (INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS, 2000).

Há 25 anos, o enorme potencial agrícola do Cerrado já era discutido, destacando-se a necessidade de grandes investimentos em pesquisa, transferência de tecnologia e infraestrutura (GOEDERT, 1985).

O clima do bioma é bastante característico, tendo dois períodos definidos: um chuvoso na primavera-verão, com precipitações médias entre 1200 a 1800 mm, e outro seco, no outono-inverno, com início em maio e término em setembro (ADÁMOLI *et al.*, 1986). Durante a estação chuvosa podem ocorrer curtos períodos de estresse hídrico, (veranicos), responsáveis por prejuízos à agricultura (ASSAD, 1994). As temperaturas médias do ar variam entre 22 °C a 27 °C (ADÁMOLI *et al.*, 1986). Segundo a classificação de Köpen, o clima predominante da região é do tipo Aw (tropical úmido de savana, com inverno seco e verão chuvoso), ocorrendo ainda os tipos Cwa (tropical de altitude, com semestre de inverno seco e verões quentes) e Cwb (tropical de altitude, com semestre de inverno seco e verões brandos) nas regiões de altitude mais elevadas (EITEN, 1993).

Os solos do Cerrado são predominantemente das classes latossolos-vermelhos e latossolos vermelho-amarelos, com cerca de 46% de toda a extensão do bioma (REATTO *et al.*, 1998; CORREIA *et al.*, 2004). Além destes, ainda podem ser encontrados neossolos quartzarênicos, cambissolos, neossolos flúvicos e hidromórficos (RESENDE *et al.*, 2007).

As principais características dos latossolos são: baixo conteúdo de matéria orgânica, variando entre 3,0 a 5,0%, presença de óxidos de ferro e alumínio, altamente intemperizados, baixa capacidade de troca catiônica (CTC), baixo pH e carência de nutrientes, principalmente fósforo (LOPES, 1983; MALAVOLTA & KLIEMANN, 1985; RESENDE *et al.* 2007). Portanto, para se obter rendimentos econômicos torna-se necessário o uso de fertilizantes corretivos.

As necessidades edafoclimáticas da cevada são supridas pelas características da região, tendo demonstrado bastante adaptabilidade ao cultivo no outono-inverno (FAGUNDES, 2003). O cultivo de cevada favorece uma rotação de culturas com os demais cultivos, ajudando na quebra do ciclo de várias pragas e doenças observadas com a monocultura intensiva.

O sistema de cultivo sob irrigação em áreas de Cerrado tem demonstrado elevados rendimentos durante o período de seca, totalizando uma área de 478.632 hectares (menos de 1% da área total do bioma) coberta por cerca de 6.000 pivôs-centrais (LIMA *et al.*, 2007). A produção de cevada sob irrigação contorna o principal empecilho encontrado nos estados do Sul do país. Naquela região, o clima favorável à ocorrência de doenças e de geadas, as chuvas após a maturação fisiológica do grão e a competição com outros cereais de inverno, como o trigo, comprometem a produção do grão, reduzindo sua qualidade. Resultados de pesquisa indicam que o Cerrado reúne condições favoráveis ao cultivo e suprimento da demanda por grãos de cevada, ampliando o negócio agrícola, tornando-o mais competitivo. Além disso, o sistema de produção agrícola tem agregado inovações tecnológicas, atendendo as necessidades crescentes de diversificação de cultivos, tanto em condições de sequeiro como irrigado (AMABILE *et al.*, 2007).

4.2 Cevada

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) pertence à família das *Poaceae* (antiga *Gramineae*), tribo *Triticeae*, gênero *Hordeum* e espécie *vulgare*, constituída por duas subespécies: *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum* L. e *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* L., esta corresponde a todas as formas cultivadas. Tem distribuição ampla, ocorrendo em grande parte das regiões temperadas do mundo. A subespécie *spontaneum*, forma silvestre de duas fileiras de grãos, é reconhecida como a ancestral imediata de todas as cevadas cultivadas (SMITH, 1995;

MINELLA, 2001b). O gênero *Hordeum* é composto por 32 espécies, incluindo diplóides, tetraplóides e hexaplóides com número básico de cromossomos $n = 14$ (BOTHMER *et al.*, 1995). Smith (1995) evidenciou a rápida evolução da cevada quando comparada a outras culturas, em que uma mutação na espécie silvestre deu origem à cevada cultivada atualmente. Ambas as subespécies são diplóides ($2n = 14$ cromossomos) e cleistogâmicas, portanto autógamas e hermafroditas, sendo que plantas da subespécie *spontaneum* apresentam sua flor bastante aberta, podendo haver fecundação cruzada (BOTHMER *et al.*, 1995; MINELLA, 2005).

As espécies incluem formas perenes e anuais, sendo a maioria perene, que se encontram principalmente em áreas temperadas, estendendo-se às regiões árticas e subárticas na Sibéria, no Alasca e na Patagônia (BOTHMER, 1995; *apud* MINELLA, 1999b). Algumas ocorrem próximas às zonas subtropicais da América do Sul, no Sudoeste brasileiro e Nordeste argentino. O maior número de espécies é encontrado no Sudeste asiático e no Sul da América do Sul (MINELLA, 1999b).

Dentro das espécies cultivadas, ainda pode-se distinguir duas covariedades: *distichum* (que contém duas fileiras de grãos) e *vulgare* (de seis fileiras de grãos). Essas formas resultaram de mutações na fertilidade das espiguetas laterais (BOTHMER & JACOBSEN, 1985; *apud* MINELLA, 1999b).

Restos arqueológicos de grãos foram encontrados na região do Oriente Médio conhecida como Crescente Fértil (“*the Fertile Crescent*”), atualmente constituído pelos países Israel, Iraque, Turquia, Síria e Jordânia (HARLAN, 1979), remetendo a domesticação da cultura a cerca de 8.500 a. C. (MILLER, 1992; ZOHARY & HOPF, 2001; DIAMOND, 2008). A primeira cevada descrita foi a de duas fileiras de grãos (díptica). Apenas por volta de 6.000 a.C. surgem indícios da cevada de seis fileiras de grãos e da cevada nua (cujo grão não é aderido à pálea e à lema) (SMITH, 1995).

Existem dois centros de origem da cevada, de acordo com Vavilov (1951) (*apud* POEHLMAN, 1959), um compreendendo a Etiópia e o Norte da África, com cevadas de aristas compridas, e o outro na China, Japão e Tibet, com aristas curtas ou sem aristas. Segundo Bothmer *et al.* (1995) quatro centros de diversidade do gênero *Hordeum* podem ser descritos, baseados na distribuição e frequência de espécies. São eles o sudoeste da Ásia e Ásia central, oeste da América do Norte e sul da América do Sul, sendo que o último contém o maior número de espécies nativas.

A cevada pode ser cultivada tanto no inverno quanto na primavera, semelhante ao trigo. Baixas temperaturas do ar (até 10 °C) são necessárias durante o período de reprodução para as cevadas de inverno, podendo influenciar na produtividade quando não ocorrem (SMITH, 1995).

A morfologia interna da cevada é descrita como sendo composta de uma espiga terminal, com três espiguetas ligadas alternadamente em nós da ráquis. Na cevada dística as espiguetas laterais são estéreis, sendo apenas a central fértil e formadora de semente, já na cevada hexástica as três espiguetas são férteis e, portanto, originam semente (STARLING, 1980; SMITH, 1995). Cada espiguetas é constituída por duas glumas e uma flor completa com três estames e o pistilo encobertos pela pálea e a lema (glumelas). O ápice da lema pode ser em arista ou em capuz. Na cevada nua, a pálea e a lema não são aderidas ao grão. A folha possui uma bainha que inclui pecíolo, lígula, aurícula, colar e folha bandeira. A lígula é fina e não possui uma função definida, no entanto é encontrada na maioria das cultivares de cevada e de trigo. A aurícula consiste de duas pinças acessórias que abraçam o pecíolo. Em cevada, as aurículas são bem proeminentes, ao contrário das encontradas no trigo (SMITH, 1995).

A folha bandeira, posicionada imediatamente abaixo da espiga, origina-se durante a fase vegetativa da planta, marcando o seu final. Sua bainha envolve a espiga e, com o crescimento do pedúnculo, esta acaba emergindo (ANDERSON *et al.*, 2002). Berdahl *et al.* (1972) e Antoniazzi (2005) observaram que o rendimento final e o peso dos grãos de cevada dependem da taxa fotossintética da folha bandeira e da sua largura. O mesmo foi evidenciado em aveia e trigo (FLOSS & ALVES, 1995; TERUEL & SMIDERLE, 1999). A redução de área da folha bandeira, seja por desfolha ou por injúrias fitopatogênicas, implica em uma queda na produtividade (BHATHAL *et al.*, 2003; JEBBOUJ & EL YOUSFI, 2009). Além disso, Petr *et al.* (1988) demonstraram que se mantendo o mesmo índice de área da folha bandeira e aumentando sua duração em estado verde há um aumento no rendimento de grãos.

A fecundação cruzada ou alogamia existe, apesar da presença de cleistogamia, podendo chegar a 1%. Essa taxa pode ser favorecida quando a planta é exposta a temperaturas mais amenas, umidade adequada e luminosidade abundante (GILES, 1989; ABDEL-GHANI *et al.*, 2004; MINELLA, 2005).

Apesar da sensibilidade ao fotoperíodo, a cevada cultivada no Cerrado vem obtendo rendimentos de grãos bem superiores aos provenientes da região Sul, com cerca de 8.500 kg ha⁻¹ em campo experimental e 7.200 kg ha⁻¹ em lavoura comercial (EMBRAPA CERRADOS,

1999). Na entressafra, sob irrigação, apresenta baixa incidência de doenças e elevado potencial produtivo. Além disso, o plantio nesse período propicia a colheita na ausência de chuvas, o que resulta em sementes com alta qualidade, limpas, sem a presença de fungos e dormência (AMABILE *et al.*, 2004). Segundo Amabile *et al.* (2002), essas condições favorecem à indústria malteira, que pode utilizar essas sementes sem necessidade de armazenamento.

O principal fator que determina esse elevado rendimento de grãos é o intensivo processo de melhoramento genético, selecionando progênies com alta adaptabilidade, aperfeiçoando de forma eficiente a interação genótipo x ambiente. Soma-se a isso uma correta adubação, aliada à época de semeadura adequada, resultando em uma colheita sem incidência de chuvas e um total controle dos aspectos agronômicos, como irrigação, fertilizantes e agrotóxicos.

4.3 Situação mundial e brasileira

A cevada é o quarto cereal mais semeado no mundo, ficando atrás apenas de milho, arroz e trigo (FAOSTAT, 2012). Os grãos são utilizados principalmente para obtenção de malte (MINELLA *et al.*, 2007). Sua demanda no mercado nacional é crescente e a produção, concentrada principalmente nos estados tradicionais do Sul do país, estando longe de atender as necessidades industriais. O déficit gerado no mercado interno pelo cereal é suprido com importações que oneram a balança comercial do país. Os elevados rendimentos que têm sido obtidos no Cerrado ensejam o suprimento desta demanda, dando oportunidade e oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas opções comerciais (AMABILE *et al.*, 2007).

Segundo a Organização das Nações Unidas para Alimento e Agricultura (Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO), a produção mundial de cevada no ano de 2010 foi de aproximadamente 123,7 milhões de toneladas, colhidas em uma área de 47,5 milhões hectares, reportando uma produtividade mundial média de aproximadamente 2.600 kg ha⁻¹. Os maiores produtores mundiais são:

- 1º) Alemanha, com cerca de 10,4 milhões de toneladas colhidas em 1,65 milhões de hectares;
- 2º) França, com 10,1 milhões de toneladas em 1,58 milhões de hectares;
- 3º) Ucrânia, com 8,8 milhões de toneladas em 4,32 milhões de hectares;

4º) Rússia, com 8,5 milhões de toneladas em 4,94 milhões de hectares (FAOSTAT, 2012).

A Argentina é o maior produtor na América Latina, com aproximadamente 3,0 milhões de toneladas em 753 mil hectares, seguida pelo México, com 672 mil toneladas em 267 mil hectares (FAOSTAT, 2012). Atualmente o Brasil é o terceiro no ranking na América Latina, com produção de 274 mil toneladas em mais de 83 mil hectares (FAOSTAT, 2012). Apesar de figurar na terceira posição, o país apresenta uma boa produtividade média, superior a 3.000 kg ha⁻¹, revelando-se mais eficiente que o México (FAOSTAT, 2012).

O cereal começou a ser produzido comercialmente no país a partir de 1930 nos estados do Sul. O cultivo irrigado de cevada foi iniciado em 1976, com o lançamento do Plano Nacional de Autossuficiência de Cevada e Malte (PLANACEM) e dos ensaios nacionais, teve apoio da Embrapa e de algumas companhias cervejeiras (MINELLA, 1999a).

O rendimento médio obtido em 2004 no estado de Goiás foi de 4.227 kg ha⁻¹, sendo aproximadamente 35% maior do que a média do Paraná e 37,5% maior que o do Rio Grande do Sul (MINELLA *et al.*, 2005). No ano de 2005 a produtividade média registrada no estado de Goiás (3.979 kg ha⁻¹) também foi superior à do Rio Grande do Sul (2.272 kg ha⁻¹) e Paraná (2.209 kg ha⁻¹) (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO, 2008).

Ainda que o país utilize praticamente toda a cevada nacional, faz-se necessária a importação de 80% de malte para atender à demanda interna, o que coloca o Brasil entre os maiores importadores de malte do mundo. (FAGUNDES, 2003). De janeiro a dezembro de 2007, segundo dados da Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB (2009), o malte importado esteve na ordem de 751 mil toneladas, causando prejuízo aproximado de 327 milhões de dólares para a Balança Comercial. Em 2009, foram importados mais de 832 mil toneladas, correspondendo a aproximadamente 534 milhões de dólares (FAOSTAT, 2012).

4.4 Diversidade genética

O conhecimento da diversidade genética presente em bancos de germoplasma é de grande relevância para programas de melhoramento, pois possibilita identificar a variabilidade genética dos acessos e gerar informações úteis para sua preservação e uso (CRUZ *et al.*, 2004). É, ainda, um instrumento importante para eleger descritores essenciais na

caracterização e identificação de amostras duplicadas em bancos de germoplasma (FERREIRA *et al.*, 2003).

A variabilidade genética em um programa de melhoramento pode ser incrementada por meio da introdução de formas exóticas (VIEIRA *et al.*, 2006). Sua avaliação em diferentes regiões tem por finalidade tanto o estudo do comportamento agrônomo da espécie como a recomendação e o emprego das mesmas dentro dos sistemas agrícolas regionais. O fundamental na introdução de plantas não é se limitar ao plantio de determinada espécie, mas verificar a sua adaptação às condições locais para melhor manejar a interação entre o genótipo e o ambiente (ROCHA, 1971).

Segundo Poehlman & Sleper (1995), o progresso genético em programas de melhoramento depende da diversidade genética disponível no germoplasma em estudo. Portanto, é fundamental a caracterização e avaliação da diversidade genética, objetivando a organização do germoplasma, estabelecimento de coleção de trabalho, identificação de genitores e seleção de cultivares. Segue-se a obtenção de populações com ampla variabilidade genética, possibilitando expressar efeito heterótico nas progênes (CRUZ *et al.*, 1994; MOHAMMADI & PRASANNA, 2003; CRUZ *et al.*, 2004), uma vez que a diversidade expressa a diferença entre as frequências alélicas das populações (FALCONER, 1987).

Shelbourne (1972) define interação genótipo x ambiente como sendo a variação na expressão fenotípica entre genótipos em resposta a diferentes condições ambientais. O resultado dessa interação é refletido no fenótipo da espécie (CRUZ *et al.*, 2004; BORÉM & MIRANDA, 2005). Coimbra *et al.* (1999) reportaram que, para uma determinada variável, seu fenótipo será construído a partir do genótipo da espécie, da expressão no ambiente onde é cultivada e da interação entre ambos. Os fatores fisiológicos e bioquímicos de cada genótipo estão envolvidos em um sistema dinâmico, desde a semeadura até a maturação fisiológica, resultando em uma diferenciação entre genótipos, para um mesmo ambiente (FELÍCIO *et al.*, 2001). De acordo com Borém & Miranda (2005), dois ou mais genótipos incluídos em um mesmo ambiente não irão necessariamente obter desempenho semelhante, em função de fatores ambientais previsíveis e imprevisíveis.

O desenvolvimento de cultivares produtivas com base genética ampla é fundamental para assegurar a competitividade do mercado agrícola. Uma boa estratégia para a seleção de genótipos superiores é via recombinação gênica entre o germoplasma local adaptado e o material genético exótico, de qualidade e tipo agrônomo superiores (ALLARD, 1999).

Porém, para obter sucesso faz-se necessária a avaliação e caracterização desses genótipos (LEISTRUMAITE *et al.*, 2010).

A caracterização da diversidade genética bem como sua distribuição são informações importantes para a conservação *in situ* e *ex situ* de recursos genéticos (BAUM, 2000). A utilização deste conhecimento torna-se fundamental para a introgressão de genes de genitores superiores em novos genótipos a serem obtidos e no estudo de variabilidade genética (DAWSON *et al.*, 1993; WEINING & HENRY, 1995).

A utilização de genótipos com características desejáveis depende da variabilidade genética disponível no germoplasma (POEHLMAN & SLEPER, 1995). Assim, são fundamentais as informações a respeito da sua amplitude e da herdabilidade dos caracteres de interesse para o progresso de programas de melhoramento (ARRIEL *et al.*, 2001). Estudos indicaram que a variabilidade existente no germoplasma mundial e no Brasil é suficientemente abrangente, propiciando avanços no melhoramento da cevada (FOSTER, 1987; BOTHMER, 1992; ÁRIAS, 1995; MINELLA & SORRELLS, 1997; MINELLA, 2001a).

Os bancos de germoplasma passam a ter utilidade a partir da caracterização morfológica e molecular, avaliação agrônômica preliminar, estudos básicos sobre a variabilidade e, ainda, todas as informações sobre os acessos (NASS, 2001). Existe, porém, grande dificuldade na exploração dessa variabilidade devido ao grande número de acessos que compõe as coleções. A construção de coleção nuclear que represente a maior diversidade genética com um mínimo de acessos representativos contornaria esse problema (FRANKEL & BROWN, 1994).

Existe, porém, um dissentimento quanto à utilização da ampla diversidade genética em programa de melhoramento genético de cevada com fins industriais. Alguns autores defendem o uso de uma base genética estreita, imposta por dificuldade na obtenção de novas combinações gênicas a partir de acessos divergentes, limitando a obtenção de novas cultivares pela indústria malteira (WYCH & RASMUSSEN, 1983; MATUS & HAYES, 2002; HAYES *et al.*, 2003). Por outro lado, face às vulnerabilidades dessa base estreita, há uma tendência de se aproveitar a grande variabilidade existente no germoplasma mundial para programas de melhoramento genético de cevada no Brasil e no mundo, com o intuito de selecionar genótipos superiores em ambientes específicos (FOSTER, 1987; ÁRIAS, 1995; TSUCHIYA *et al.*, 1995; MOLINA-CANO *et al.*, 1997; MINELLA, 1999b; WRIGHT, 2000; LASA *et al.*, 2001; VERMA & SARKAR, 2010).

A determinação da distância genética entre acessos pode ser baseada em métodos biométricos, os quais são analisados por estatística multivariada permitindo resumir em um conjunto de dados as variáveis resposta extraídas do experimento, oferecendo ao melhorista informações mais objetivas sobre a população em estudo (SUDRÉ *et al.*, 2005). Na análise multivariada, diversas características morfoagronômicas e de marcadores moleculares são utilizadas simultaneamente (AMARAL JÚNIOR, 1999), constituindo-se em um conjunto de técnicas analíticas que permitem considerar o conjunto, possibilitando integrar as múltiplas informações extraídas das avaliações experimentais e/ou amostrais.

O conhecimento da diversidade genética por meio de análises biométricas permite agrupar genótipos similares e quantificar a divergência entre os grupos formados no conjunto de uma coleção. Dentre as ferramentas estatísticas, destaca-se o uso de distância genética, que pode ser definida como diferenças entre dois genótipos passíveis de serem descritas pela variação alélica. Estas diferenças podem ainda ser examinadas comparando as distâncias genéticas mediante o uso de marcadores morfológicos ou moleculares (STAUB *et al.*, 1996).

Os métodos preditivos da divergência entre genótipos ou grupos têm atingido lugar de destaque, permitindo definir previamente as combinações híbridas em um programa de melhoramento. As diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares apresentadas pelos genótipos têm sido quantificadas por medida de dissimilaridade (CRUZ, 1990). Vários métodos podem ser utilizados, como análise multivariada, envolvendo a distância Euclidiana, a distância generalizada de Mahalanobis e a distância de Gower (1971); agrupamentos envolvendo hierárquização, por UPGMA e vizinho mais próximo, além da otimização de Tocher (RAO, 1952); e técnicas de dispersão gráfica, envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas. A escolha do método a ser utilizado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ *et al.*, 2004).

No Brasil, e especificamente no Cerrado, são escassos os estudos sobre a diversidade genética da cevada. É necessário o discernimento entre os genótipos em função da alta variabilidade genética existente atualmente, uma vez que os mesmos são capazes de demonstrar diferentes comportamentos produtivos. O conhecimento aprofundado da variabilidade genética das cultivares de cevada para o bioma Cerrado só será obtido por meio da caracterização dos mesmos. São informados cerca de 378.000 acessos de cevada nos

bancos de germoplasma mundiais (VAN HINTUM & MENTING, 2003). No Brasil, o banco de germoplasma conta com mais de 29.000 acessos (SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÕES EM RECURSOS GENÉTICOS, 2011). A cevada possui a maior diversidade genética entre os grãos de cereais. Existem variedades de cevada nuas ou cobertas, cerosas e não cerosas, de duas ou seis fileiras de grãos, aristas curtas ou longas, presentes ou ausentes, com pálea e lema de diversas colorações, como branco, preto, laranja, roxo, azul e vermelho (BUCKLEY, 1930; MYLER & STANFORD, 1942; BAIK & CZUCHAJOWSKA, 1997).

4.5 Parâmetros genéticos

Para o processo de seleção e predição do comportamento das gerações segregantes, o conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial. As principais estatísticas que podem ser empregadas em caracteres quantitativos são a média, a variância e a covariância, porém na variância é que estão centralizados os estudos dos caracteres quantitativos. Além disso, é importante conhecer a magnitude da variância genética em relação à variância total, bem como a natureza da variabilidade genética disponível na coleção de trabalho (MOLL & STUBER, 1974; FALCONER & MACKAY, 1996; CRUZ *et al.*, 2004).

A obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos é essencial para quantificar a magnitude da variabilidade e a extensão em que os caracteres desejáveis são herdados (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), a fim de promover o planejamento e o avanço de um programa eficiente de melhoramento genético (CARVALHO *et al.*, 2004). O grau de associação entre os caracteres é de grande valor em estratégias de melhoramento, permitindo esclarecer e quantificar as relações entre eles, principalmente quando a seleção de um caráter promove alterações em outro correlacionado (RAMALHO *et al.*, 1979; KHALIQ *et al.*, 2004; RAMALHO *et al.*, 2008).

A correlação é uma medida da associação linear entre variáveis, ou do grau em que interdependem, podendo ocorrer de forma sinérgica ou antagônica. Portanto, pode ser positiva, quando crescem ou decrescem juntas, ou negativa, com relação inversa (STEEL & TORRIE, 1980). Essa importante ferramenta permite a seleção indireta, usada quando um caráter de interesse apresenta baixa herdabilidade ou problemas de mensuração e de aferição

(FALCONER & MACKAY, 1996; CRUZ *et al.*, 2004), além de contribuir para a eficiência na seleção simultânea de características de interesse (SANTOS & VENCOVSKY, 1986).

A obtenção de informações sobre a natureza e a grandeza dos componentes das variâncias genóticas e fenotípicas é fundamental para uma seleção eficiente dentro de programas de melhoramento genético (RAMALHO *et al.*, 2000; SMITH *et al.*, 2001; CRUZ *et al.*, 2004). Por meio da relação entre as duas variâncias é possível estimar outros parâmetros, como a herdabilidade e a acurácia, possibilitando inferências das médias genóticas a partir das fenotípicas (RESENDE & DUARTE, 2007; CARGNELUTTI FILHO & STORCK, 2009; STORCK *et al.*, 2010).

Herdabilidade (h^2) é uma das propriedades mais importantes de um caráter métrico, pois corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética, ou seja, ao quociente entre a variância genética e a variância total (ALLARD, 1999). Em outras palavras, expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o mérito genético, indicando a superioridade fenotípica de origem genética que pode ser transmitida aos descendentes (CARVALHO *et al.*, 2001). Por meio da herdabilidade é possível antever sucesso com a seleção, fixando-se a proporção da variação fenotípica herdada, além de predizer ganhos, avaliar a viabilidade de determinado programa de melhoramento e orientar a adoção da estratégia mais eficiente de seleção em populações derivadas de hibridações entre acessos com efeito de complementaridade (MORAIS *et al.*, 1997; RAMALHO *et al.*, 2008).

Quanto maior for o valor de h^2 , menor é a variância ambiental e, portanto, a característica em estudo é transmitida à geração seguinte, quando se fixa o fenótipo, resultando em ganho por seleção (RAMALHO *et al.*, 2008). A magnitude de h^2 é influenciada pelo próprio caráter, pela constituição genética do genótipo e pelas condições ambientais às quais está submetido (CARVALHO *et al.*, 2004).

Ainda que reflita a proporção herdável, essa medida reflete o conjunto dos genes que controlam determinada característica fenotípica. Assim, herdabilidade no sentido restrito considera apenas a variância genética devida a efeitos aditivos, definida como o efeito médio de cada alelo na formação do fenótipo. É a mais importante para o melhorista, uma vez que representa toda a carga genética efetivamente fixada na seleção. A herdabilidade no sentido amplo representa toda a variância genética, ou seja, variância genética aditiva somada à variância genética dominante e suas interações. As interações gênicas, tais como epistasia ou ligação, são muito complexas, sendo, portanto, impossível estabelecer generalizações

detalhadas a respeito da maneira como os mesmos afetam a distribuição de efeito aditivo e de dominância dentro da variância genética durante as gerações. Uma vez afetada a variância genética, fica afetada também a herdabilidade de forma geral, pois genes ligados ou epistáticos para uma característica terão maior herdabilidade que outro independente ou não epistático (RAMALHO *et al.*, 2008).

O coeficiente de herdabilidade não é uma constante, mas indica a proporção de variação causada por diferenças nos efeitos gênicos aditivos. É importante frisar que a herdabilidade não é imutável, nem propriedade do caráter. Suas estimativas variam de acordo com a característica estudada, o método de estimação, a diversidade e o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra, o ambiente, a unidade experimental e a precisão na condução e coleta dos dados (BERTAN *et al.*, 2004).

Características condicionadas por vários genes de efeito menor (quantitativos) são, em geral, fortemente influenciadas pelo ambiente, demandando conhecimento mais aprofundado dos componentes de sua variância genética, assim como de sua herdabilidade e acurácia. Esse conhecimento permite orientar o melhoramento, predizer o sucesso na seleção e decidir por alternativas mais eficazes em determinada fase do programa de melhoramento (CRUZ *et al.*, 2004; RESENDE & DUARTE, 2007).

A avaliação de acessos componentes de um banco de germoplasma não deve ser feita apenas pela perspectiva estatística. A acurácia seletiva expõe dados interessantes ao melhorista, auxiliando-o na maximização de ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos. Este parâmetro aborda os estudos pela ótica genética e estatística, considerando as proporções entre as variações da natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação, além da amplitude da variação residual (RESENDE & DUARTE, 2007).

Em cevada, poucos estudos foram conduzidos no Brasil para obter parâmetros genéticos e estatísticos a partir de coleções de acessos. Estas informações são indispensáveis para programas de melhoramento, visando sua plena adaptação ao cultivo comercial. Este trabalho objetivou identificar informações sobre a variabilidade em caracteres agrônômicos de acessos de cevada provenientes da coleção internacional, cultivado em ambiente de Cerrado, sob irrigação na época da seca, por estimativas de parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais.

4.6 Caracterização morfológica

O conhecimento da identidade de cada acesso através de uma série de dados que permitam estudar sua variabilidade genética está fundamentada na caracterização morfológica e agrônômica de espécies vegetais (RAMOS & QUEIROZ, 1999), constituindo uma tarefa de grande importância por evitar duplicação e o estreitamento da base genética da espécie. O uso eficiente do germoplasma depende de sua caracterização e avaliação, permitindo apurar o potencial do germoplasma para emprego imediato ou futuro em trabalhos de melhoramento genético (MOREIRA *et al.*, 1994; VALOIS, 1998; WETZEL & FERREIRA, 2007).

As características ou descritores permitem conhecer a amplitude de variação do germoplasma e determinar a sua utilidade potencial (JARAMILLO & BAENA, 2001). São peculiares para cada espécie, diferenciando genótipos e expressando seu atributo de maneira precisa e uniforme, permitindo discriminação fácil e rápida entre os fenótipos. Em cevada são, geralmente, características de alta herdabilidade, visualizadas diretamente na planta, expressando-se nos mais diversos ambientes, como, por exemplo, altura de plantas, cor da lema, número de fileiras de grãos, peso de mil sementes, teor de proteína e taxa de acamamento, além de outras informações como rendimento, classificação comercial e ciclo (INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE, 1994; MACKAY *et al.*, 2009).

Apesar de estarem sujeitos à influência ambiental e a problemas de identificação de duplicatas, os descritores morfológicos têm sido utilizados com êxito para caracterizar um grande número de espécies (STAUB *et al.*, 1996).

O conhecimento da diversidade genética em cevada é importante para a conservação, utilização e valoração dos recursos genéticos existentes (BAUM, 2000; RASMUSSEN, 2000; AHMAD *et al.*, 2008). Neste contexto, o estudo da variabilidade de acessos de cevada tem-se baseado em caracteres morfológicos e fenológicos para conhecer a divergência genética disponível, a fim de utilizá-los programas de melhoramento genético (KNÜPFER & VAN HINTUM, 2003; MANJUNATHA *et al.*, 2007; SHAKHATREH *et al.*, 2010; BOCKELMAN & VALKOUN, 2011).

5. OBJETIVOS

5.1 Geral

Analisar e quantificar a diversidade genética de 433 acessos de cevada com base em descritores morfoagronômicos, de rendimento de grãos e composição industrial visando determinar a variabilidade genética em apoio à obtenção de cultivares para o cultivo sob irrigação no Cerrado, visando atender às demandas da indústria de malte e de cerveja.

5.2 Específicos

1) Estimar parâmetros genéticos e caracterizar o desempenho agrônomico e qualitativo de acessos de cevada irrigada no Cerrado;

2) Analisar de forma conjunta e complementar a variabilidade genética dos acessos de cevada em subsídio à seleção de genótipos a serem utilizados no cultivo comercial e hibridações para aumento da eficiência do programa de melhoramento da cevada irrigada no Cerrado.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-GHANI, A. H.; PARZIES, H. K.; OMARY, A.; GEIGER, H. H. Estimating the outcrossing rate of barley landraces and wild barley populations collected from ecologically different regions of Jordan. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 109, p. 588-595. 2004.

ADÂMOLI, J.; MACÊDO, J.; AZEVEDO, L. G. de; MADEIRA NETO, J. S. Caracterização da região dos Cerrados. In: GOEDERT, W. J. (Ed.). **Solos dos Cerrados: tecnologias e estratégias de manejo**. Planaltina: Embrapa-CPAC, 1986. p. 33-74.

AHMAD, Z.; AJMAL, S. U.; MUNIR, M.; ZUBAIR, M.; MASOOD, M. S. Genetic diversity for morpho-genetic traits in barley germplasm. **Pakistan Journal of Botany**, v. 40, n. 3, p. 1217-1224. 2008.

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2 ed. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254p.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de 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.

AMABILE, R. F.; SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F. **Cevada irrigada conquista Cerrado**. 2004. Disponível em: <<http://www.embrapa.br/imprensa/noticias/2000/agosto/bn.2004-11-25.9407345058/>>. Acesso em: jun. 2009.

AMABILE, R. F.; SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F. Cevada irrigada e realidade no Cerrado. **Revista Guinness**, Formosa, v. 1, n. 2, nov./dez. 2002. p. 6-8.

AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 03-06, suplemento. 1999.

ANDERSON, P. M.; OELKE, E. A.; SIMMONS, S. R. **Growth and development guide for spring barley**. University of Minnesota, 2002. Disponível em: <<http://www.extension.umn.edu/distribution/cropsystems/DC2548.html#fig1>>. Acesso em: 22 jun. 2009.

ANTONIAZZI, N. **Desenvolvimento de cevada em resposta ao uso de elicitores para o controle de *Bipolaris sorokiniana***. 2005. 74 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, UFPR, Paraná.

ARIAS, G. **Mejoramiento genético y producción de cebada cervecera en America del Sur**. Santiago: FAO, 1995. 1.157 p.

ARRIEL, N. H. C.; FREIRE, E. C.; ANDRADE, F. P. Melhoramento genético. In: BELTRÃO, N. E. M.; VIEIRA, D. J. **O agronegócio do gergelim no Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Campina Grande: Embrapa Algodão, 2001. p. 247-284.

ASSAD, E. D. (Ed.) **Chuva nos Cerrados: análise e espacialização**. Brasília: Embrapa/SPI, 1994. 423 p.

BAIK, B. K.; CZUCHAJOWSKA, Z. Barley in udon noodles Tallarines elaborados con cevada. **Food Science and Technology International**, v. 3, p. 423. 1997.

BAUM, B. R.; MECHANANDA, S.; SOLEIMANI, V. Identification of Canadian six row barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars with primers derived from STSs obtained from RAPD diagnostic bands. **Seed Science and Technology**, v. 28, p. 445-466. 2000.

BERDAHL, J. D.; RASMUSSEN, D. C.; MOSS, D. N. Effects of leaf area on photosynthetic rate, light penetration, and grain yield in barley. **Crop Science**, v. 12, n. 2, p. 177-180. 1972.

BERTAN, I.; KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F. de; ASSMANN, I. C.; SILVA, G. O. da; COSSA, M. L. Estimativa do ganho genotípico por meio da seleção em geração segregante de aveia. **Scientia Agrária**, v.5, n. 1-2. p. 29-33. 2004.

BHATHAL, J. S.; LOUGHMAN, R.; SPEIJERS, J. Yield reduction in wheat in relation to leaf disease from yellow (tan) spot and *Septoria nodorum* blotch. **European Journal of Plant Pathology**, v. 109, p. 435-443. 2003.

BOCKELMAN, H. E.; VALKOUN, J. Barley germplasm conservation and resources. In: ULLRICH, S. E. (Ed.). **Barley: Production, Improvement, and Uses**. Ames: Wiley-Blackwell, 2011. p.144-159.

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

BOTHMER, R. von. The wild species of *Hordeum*: relationships and potential for improvement of cultivated barley. In: SHEWRY, P. R. (Ed.). **Barley: genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology**. London: CAB International, 1992. p. 3-18.

BOTHMER, R. von; JACOBSEN, N.; BADEN, C. JØRGENSEN, R. B.; LINDE-LAURSEN, I. **An ecogeographical study of the genus *Hordeum***. 2 ed. Rome: IBPGR, 1995. Disponível em: <http://www2.bioversityinternational.org/publications/web_version/271/begin.htm#Contents>. Acesso em: 30 jul. 2010.

BUCKLEY, G. F. H. Inheritance in barley with special reference to the color of caryopsis and lemma. **Scientific Agriculture**. v. 10, p. 460-492. 1930.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 111-117. 2009.

CARVALHO, F. I. F de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. 1 ed. Pelotas: Editora da UFPel, 2004. 142 p.

CARVALHO, F. I. F. de; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. 1 ed. Pelotas: Editora da UFPel, 2001. 99 p.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F. de; COIMBRA, S. M. M.; HEMP, S. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 433-439. 1999.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Análise de safras**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conabweb/download/indicadores/0206-balanca-importacao.pdf>>. Acesso em: 15 dez. 2009.

CORREIA, J. R.; REATTO, A.; SPERA, S. T. Solos e suas relações com o uso e o manejo. In: SOUZA, D. M. G., LOBATO, E. **Cerrado: correção do solo e adubação**. 2 ed. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2004. p. 29-61.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética: II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 183-190. 1994.

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

DAWSON, I. K.; CHALMERS, K. J.; WAUGH, R.; POWELL, W. Detection and analysis of genetic variation in *Hordeum spontaneum* populations from Israel using RAPD markers. **Molecular Ecology**, v. 2, p. 151–159. 1993.

DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas**. 10 ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.

EITEN, G. Vegetação do cerrado. In: PINTO, M. N. **Cerrado: caracterização, ocupação e perspectivas**. 2 ed. Brasília: Editora Universidade de Brasília, 1993. p. 17-73.

EMBRAPA CERRADOS. **Cevada BRS 180: primeira cultivar de cevada cervejeira para o sistema de produção irrigado do Cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 1999. Folder Técnico.

EMBRAPA, Agência de Informações. **Bioma Cerrado**. 2007. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/Abertura.html>>. Acesso em: 05 mar. 2011.

FAGUNDES, M. H. **Sementes de cevada**. 2003. Disponível em: <www.conab.gov.br>. Acesso em: 14 jul. 2008. 14 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**, Viçosa: Editora UFV, 1987. 279 p.

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

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jan. 2012.

FELÍCIO, J. C.; CAMARGO, C. E. O.; FERREIRA FILHO, A. W. P.; GALLO, P. B. Avaliação de genótipos de triticale e trigo em ambientes favoráveis e desfavoráveis no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.60, p.83-91. 2001.

FERREIRA, C. A.; FERREIRA, R. L. C.; SANTOS, D. C. dos; SANTOS, M. V. F. dos; SILVA, J. A. A. da; LIRA, M. de A.; MOLICA, S. G. Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre clones de palma forrageira (*Opuntia fícus-indica* Mill.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1560-1568. 2003.

FLOSS, E.; ALVES, L. M. M. Contribuição relativa da fotossíntese das folhas no crescimento e qualidade de grãos de aveia, safra 1993. In: REUNIÃO DA COMISSÃO SULBRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 15, 1995, Guarapuava. **Resultados experimentais**, Guarapuava, 1995. p. 261-263.

FOSTER, A. E. Barley. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development: Theory and techniques**. New York: MacMillan Publishing Company, 1987. p. 83-125.

FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D. Plant genetic resources today: a critical reappraisal. In: HOLDEN, J. H. W.; WILLIAMS, J. T. (Eds.) **Crop genetic resources: conservation and evaluation**. London: George Allen & Unwin, 1994. p. 249-257.

GILES, R. J. The frequency of natural cross-fertilization in sequential sowings of winter barley. **Euphytica**, v. 43, p. 125-134. 1989.

GOEDERT, W. J. Potencial agrícola dos Cerrados. In: SIMPOSIO SOBRE O POTENCIAL AGRICOLA DOS CERRADOS, 1, 1985, Goiânia. **Trabalhos apresentados**. Goiânia: EMGOPA / Campinas: Fundação Cargill, 1985. p.1-2.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some one of its properties. **Biometrics**, v. 27, p. 857-872. 1971.

HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: **Barley: origin, botany, culture, winterhardiness, genetics, utilization, pests**. USDA Agricultural Handbook n° 338. 1979.

HAYES, P.; CASTRO, A.; MARQUEZ-CEDILLO, L.; COREY, A.; HENSON, C.; JONES, B. L.; KLING, J.; MATHER, D.; MATUS, I.; ROSSI, C.; SATO, K. Genetic diversity inherited agronomic and malting quality traits. In: BOTHMER, R. von; VAN HINTUM, T. J. L.; KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. Amsterdam: Elsevier Science B. V., 2003. p. 201-226.

INSTITUTO BRASILEIRO DO MEIO AMBIENTE E DOS RECURSOS NATURAIS RENOVÁVEIS – IBAMA. **Agricultura Sustentável**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente; Consórcio Museu Emílio Goeldi, 2000. 190 p.

INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE – IPGRI. **Descriptors for barley (*Hordeum vulgare* L.)**. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 1994. 52 p.

JARAMILLO, S.; BAENA, M. **Manual de apoio à formação e treino em Conservação *ex situ* de Recursos Fitogenéticos**. Tradução: SANTOS, E.; BETTENCOURT, E. Lisboa, Portugal: Instituto Nacional de Investigação Agrária (INIA) / Nairóbi, Quênia: Instituto Internacional para os Recursos Fitogenéticos (IPGRI-SSA), 2001. 221 p.

JEBBOUJ, R.; EL YOUSFI, B. Barley yield losses due to defoliation of upper three leaves either healthy or infected at boot stage by *Pyrenophora teres. f. teres*. **European Journal of Plant Pathology**, v. 125, p. 303-315. 2009.

KHALIQ, I.; PARVEEN, N.; CHOWDHRY, M. A. Phenotypic, genotypic correlation and path coefficient analysis in some bread wheat crosses. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 6, n. 4. 2004.

KNÜPFER, H.; VAN HINTUM, T. Summarized diversity - the Barley Core Collection. In: KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. Amsterdam: Elsevier Science B. V., 2003. p. 259-267.

LASA, J. M.; IGARTUA, E., CIUDAD, F. J., CODESAL, P., GARCIA, E. V., GRACIA, M. P., MEDINA, B., ROMAGOSA, I., MOLINA-CANO, J. L.; MONTOYA, J. L. Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. **Hereditas**, v. 135, p. 217-225. 2001.

LEISTRUMAITE, A.; PAPLAUSKIENE, V.; MAS AUSKIENE, A.; STATKEVICIUTÈ, G. Investigation and utilization of spring barley germplasm for breeding programs. In: CECCARELLI, S.; GRANDO, S. (Ed.). International Barley Genetics Symposium, 10, 2008, Alexandria, Egypt. **Proceedings...** Alexandria, Egypt, 2010. p. 68-78.

LIMA, J. E. F. W.; SANO, E. E.; SILVA, E. M. da; LOPES, T. S. S. Levantamento da área irrigada por pivô-central no Cerrado por meio da análise de imagens de satélite: uma contribuição para a gestão dos recursos hídricos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS HÍDRICOS, 17, 2007, São Paulo. **Anais...** CD-ROM, 2007.

LOPES, A. S. **Solos sob “Cerrado”**: características, propriedades e manejo. Piracicaba: Associação Brasileira para a Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1983. 162 p.

MACKAY, M., AMRI, A., BLAKE, T., CAPETTINI, F., EGLINGTON, J., HARVEY, B. KONOPKA, J., SARKAR, B. SATO, K., VALKOUN, J., BOTHMER, R. V. **Key access and utilization descriptors for barley genetic resources**. Bioversity International, Rome, Italy; ICARDA, International Center for Agricultural Research in the Dry Areas, Aleppo, Syria, 2009. 3 p. Disponível em <http://www.ecpgr.cgiar.org/fileadmin/bioversity/publications/pdfs/1313_Key%20access%20and%20utilization%20descriptors%20for%20barley%20genetic%20resources.pdf?cache=1310408786>. Acesso em: 30 set. 2010.

MALAVOLTA, E.; KLIEMANN, H. J. **Desordens nutricionais no Cerrado**. Piracicaba: Potafos, 1985. 136 p.

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.

MATUS, A.; HAYES, P. M. Canadian access to full text made available through the Depository Services Program. **Genome**, v. 45, n. 6, p. 1095–1106. 2002.

MILLER, N. F. The Origins of Plant Cultivation in the Near East. In: COWAN, C. W.; WATSON, P. J. (Ed.). **The origins of agriculture: an international perspective**. Washington D. C.: Smithsonian Institution Press, 1992. p. 39-58.

MINELLA, E. **Cevada brasileira**: situações e perspectivas. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999a. Comunicado Técnico Online, 23. Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co23.htm>. Acesso em: jun. 2009.

MINELLA, E. Desafios e potencialidades do melhoramento genético de cevada no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 21, 2001, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2001a. v. 1, p. 31-40.

MINELLA, E. Melhoramento de Cevada. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999b. p. 253-272.

MINELLA, E. Safra brasileira de cevada ano 2000. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 21, 2001, Guarapuava. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2001b.v. 1, p. 127-131.

MINELLA, E.; CIULLA, C.; OPPELT, D.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Safra brasileira de cevada: resultados 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26, 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. p. 102 – 105.

MINELLA, E.; CIULLA, C.; PANISSON, E.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Avaliação de safra no Brasil em 2004. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25, 2005, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2005.

MINELLA, E.; SORRELLS, M. E. Inheritance and chromosome location of Alp, a gene controlling aluminium tolerance in Dayton barley. **Plant Breeding**, v. 116, n. 5, p. 465-469. 1997.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. **Anuário 2005**. Disponível em <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 26 jul. 2008.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1235-1248. 2003.

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 of Cereal Science**, v. 25, p. 37-47. 1997.

MOLL, R. H.; STUBER, C. W. Quantitative genetics – empirical results relevant to plant breeding. **Adv. Agron.**, v. 26, p. 277-313. 1974.

MORAIS, O. P. de; SILVA, J. C.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; NEVES, P. de C. F. Estimação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, p. 421-433. 1997.

MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1994. 115 p.

MYLER, J. L.; STANFORD, E. H. Color inheritance in barley. **Journal of American Society of Agronomy**. v. 34, p. 427-436. 1942.

NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29-55.

PETR, J.; CERNY, V.; HRUSKA, L. Yield formation in cereals. In: PETR, J.; CERNY, V.; HRUSKA, L. (Ed.). **Yield formation in the main field crops**. Amsterdam: Elsevier, 1988. p. 72-153.

POEHLMAN, J. M. **Breeding field crops**. New York: Henry Holt and Company, Inc., 1959. p. 151-173.

POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. 4th ed. Ames: Iowa State University, 1995. 473 p.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; SANTA CECÍLIA, F. C.; ANDRADE, M. A. de. Seleção de progênes no feijão "Pintado" e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. **Ciência e Prática**, v. 3, p. 51-57. 1979.

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

RAMOS, S. R. R.; QUEIROZ, M. A. Caracterização morfológica: experiência do BAG de cucurbitáceas da Embrapa Semi - Árido, com acessos de abóbora e moranga. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, p. 9-12. 1999.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390 p.

RASMUSSEN, D. C., Learning about barley breeding. In: VIVAR, H. E.; McNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium**: proceedings of an international symposium. México: CIMMYT, 2000. p. 1-6.

REATTO, A.; CORREIA, J. R.; SPERA, S. T.; Solos do bioma Cerrado: aspectos pedológicos. In: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P. (Ed.) **Cerrado**: ambiente e flora. Planaltina, DF: EMBRAPA-CPAC, 1998. p. 47-83.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194. 2007.

RESENDE, M.; CURI, N.; REZENDE, S. B.; CORRÊA, G. F. **Pedologia**: base para distinção de ambientes. 5 ed. Lavras: Editora UFLA, 2007. 322 p.

RIBEIRO, J. F.; WALTER, B. M. T. Fitofisionomias do Bioma Cerrado. In: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P. (Ed.). **Cerrado**: ambiente e flora. Planaltina: Embrapa Cerrados, 1998. p. 87-166.

ROCHA, G. L. da. Introdução e seleção de leguminosas forrageiras tropicais. In: SEMINÁRIO SOBRE METODOLOGIA E PLANEJAMENTO DE PESQUISA COM LEGUMINOSAS TROPICAIS, 1, 1970, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro: IPEACS, 1971. p. 169-180.

SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, v. 10, n. 3, p. 265-272. 1986.

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.

SHELBOURNE, C. Genotype environment interaction: its study and its implications in forest tree improvement. In: IUFRO GENETIC SABRAO JOINT SYMPOSIA, Tokyo, 1972. **Proceedings...** Tokyo, 1972. p. 1-27.

SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÕES EM RECURSOS GENÉTICOS – SIBRARGEN. **Consultas ao SIBRARGEN.** Disponível em: <http://www.cenargen.embrapa.br/recgen/sibrargen/bradenom-port.html>. Acesso em: 26 de jan. 2011.

SMITH, A.; CULLIS B, THOMPSON R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147. 2001.

SMITH, C. W. **Crop Production**: evolution, history and technology. New York: John Wiley and Sons, 1995. p. 174-219.

STARLING, T. M. Barley. In: FEHR, W. R.; HADLEY, H. H. **Hybridization of crop plants**. Madison: American Society of Agronomy; Crop Science Society of America, 1980. p.189-193.

STAUB, J. E.; SERQUEN, F. C.; GUPTA, M. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **HortScience**, v. 31, n. 5, p. 729-741. 1996.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw-Hill, 1980. 633 p.

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A.D.; MISSIO, E. L., RUBIN, S. de A. L. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, n. 3, p. 572-578. 2010.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 22-27. 2005.

TERUEL, D. A.; SMIDERLE, O. J. Trigo. In: CASTRO, P. R. C.; KLUGE, R. A. (Coord.). **Ecofisiologia de cultivos anuais: trigo, milho, soja, arroz e mandioca**. São Paulo: Nobel, 1999. p. 13-40.

TSUCHIYA, Y.; ARAKI, S.; SAHARA, H.; TAKASHIO, M.; KOSHINO, S. Identification of malting barley varieties by genome analysis. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 79, p. 429-432. 1995.

VALOIS, A. C. C. **Genética aplicada a recursos fitogenéticos**. Brasília: UNEB, 1998. 318 p.

VAN HINTUM, T. J. L.; MENTING, F. Diversity in ex situ collections of barley. In: BOTHMER, R. von; VAN HINTUM, T. J. L.; KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. Amsterdam: Elsevier Science B. V., 2003. p. 247-257.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto : Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v.80, n. 6, p. 493–500. 2010.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; MARTINS, A. F.; SILVA, J. A. G. da; HARTWIG, I.; BERTAN, I.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; MAIA, L. Distância genética entre cultivares brasileiros e estrangeiros de aveia branca (*Avena sativa* L.). **Magistra**, v. 18, n. 1, p. 34-41. 2006.

WEINING, S.; HENRY, R. J. Molecular analysis of the DNA polymorphism of wild barley (*Hordeum spontaneum*) germplasm using the polymerase chain reaction. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 42, p. 273–281. 1995.

WETZEL, M. M. V. da S.; FERREIRA, F. R. Sistema de curadorias de germoplasma. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 121-144.

WRIGHT, L. 2000. Malting barley for new millennium. In: VIVAR, H. E.; McNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium: proceedings of an international symposium**. México: CIMMYT, 2000. p. 28–33.

WYCH, R. D.; RASMUSSEN, D. C. Genetic improvement in malting barley cultivars since 1920. **Crop Science**, v. 23, p. 1037-1040. 1983.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the Old World: the origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley**. 3 ed. Oxford: Oxford University Press, 2001. 328 p.

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE ACESSOS DE CEVADA EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL BRASILEIRO

1. Resumo

O propósito deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e realizar a caracterização morfoagronômica de 433 acessos de cevada pré-selecionados a partir de coleção base, em ambiente de Cerrado irrigado. O experimento foi conduzido em delineamento sem repetições com testemunhas intercalares em Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' latitude Sul e 47°42'30'' longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, em junho de 2010. Foram encontradas altas magnitudes de herdabilidade e coeficiente de variação genético para as características agronômicas avaliadas, revelando condição favorável à seleção e ao uso de acessos em blocos de cruzamentos. Forte correlação negativa foi evidenciada entre rendimento e dias para espigamento e teor de proteína, informação a ser considerada em programas de melhoramento de cevada cervejeira irrigada no Cerrado.

PALAVRAS-CHAVE: *Hordeum vulgare* L., banco de germoplasma, parâmetros genéticos, melhoramento genético vegetal, descritores morfoagronômicos.

**ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND MORPHOAGRONOMIC
CHARACTERIZATION IN BARLEY ACCESSIONS GROWN UNDER IRRIGATION
IN THE BRAZILIAN SAVANNAH HIGHLAND**

2. Abstract

The purpose of this study was to estimate genetic parameters and to perform a morphoagronomic characterization of 433 barley accessions from an international barley collection, in irrigated Brazilian savannah environment. The experiment was conducted in interpolated control design, in Planaltina, DF, Brazil, located at 15°35'30'' south latitude and 47°42'30'' west longitude at an altitude of 1007 m. a. s. l. in June 2010. High magnitudes of heritability and genetic variation coefficient were found for the agronomic traits evaluated, revealing favorable condition to the use of these genetic materials in blocks of crosses. Strong negative correlation was observed between yield and days to earing and protein content, interesting indicators to be considered in barley breeding programs for malting in irrigated Brazilian savannah.

KEY WORDS: *Hordeum vulgare* L., germplasm bank, genetic parameters, crop breeding, morfoagronomic descriptors.

3. Introdução

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é uma das primeiras espécies vegetais domesticadas (BOTHMER, 1992; BORÉM, 2009). Quarto cereal mais plantado no mundo e terceiro na América Latina (FAOSTAT, 2012), iniciou sua produção comercial no Brasil em 1930 nos estados do Sul (MINELLA, 1999). A crescente demanda pela cevada no país tem resultado em modificações sobre a forma de cultivo, criando perspectiva para a expansão em novas áreas. Esforços em pesquisa têm sido dirigidos à introdução e adaptação de genótipos no Planalto Central do Cerrado, com o intuito de promover o crescimento, o desenvolvimento e a sustentabilidade agrícola da cultura (AMABILE *et al.*, 2007).

O plantio de cevada no Cerrado tem se realizado na entressafra, sob irrigação, o que possibilita a colheita na ausência de chuvas, resultando em sementes com alta qualidade, limpas, sem a presença de fungos e dormência. Essas condições favorecem a indústria malteira, que pode utilizar as sementes sem necessidade de armazenamento (AMABILE *et al.*, 2002). Apesar da sensibilidade ao fotoperíodo, o rendimento médio obtido em 2004 no estado de Goiás foi de 4.227 kg ha⁻¹, sendo aproximadamente 35% e 37,5% maior do que no Paraná e Rio Grande do Sul (MINELLA *et al.*, 2005). Em 2005, com 3.979 kg ha⁻¹, superou os valores para os mesmos estados (2.272 kg ha⁻¹ e 2.209 kg ha⁻¹) (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO, 2008). Além disso, a cevada cultivada no Cerrado tem demonstrado enorme potencial produtivo ao longo dos anos, com cerca de 8.500 kg ha⁻¹ em campo experimental e 7.200 kg ha⁻¹ em lavoura comercial (EMBRAPA CERRADOS, 1999). Desponta como opção de cultivo para a região, constituindo alternativa para a rotação com feijão e soja, concorrendo com o trigo (AMABILE *et al.*, 2004). Contudo, são reduzidas as opções de cultivares, comprometendo avanços ainda mais expressivos.

Em programas de melhoramento genético, a exploração da variabilidade genética permite ampliar as opções de cultivares, identificando-se genótipos para uso em hibridações e gerando populações com elevadas frequências de alelos desejáveis. A obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos é essencial para quantificar a magnitude da variabilidade e a extensão em que os caracteres desejáveis são herdados, a fim de promover seu planejamento e avanço de gerações (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CARVALHO *et al.*, 2004). A herdabilidade é uma importante ferramenta ao melhorista, uma vez que traça a possibilidade de herança de determinado caráter em gerações subsequentes, aumentando a eficácia de

programas de melhoramento genético (RAMALHO *et al.*, 2008). Outro parâmetro que pode ser utilizado para maximizar ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos é a respectiva acurácia seletiva, baseada nas proporções entre variações de natureza genética e residual, além da amplitude da variação residual (RESENDE & DUARTE, 2007). A correlação entre caracteres, revelando-se seu possível grau de associação, é de grande valor em estratégias de melhoramento, pois quantificam as relações entre eles, principalmente quando a seleção de um caráter promove alterações em outro (RAMALHO *et al.*, 1979; KHALIQ *et al.*, 2004; RAMALHO *et al.*, 2008). Entretanto, as correlações podem variar entre e dentro populações, assim como em diferentes ambientes (PIEPHO & WILLIAMS, 2006). A obtenção de informações sobre a natureza e a grandeza dos componentes das variâncias genóticas e fenóticas é essencial para uma seleção eficiente (RAMALHO *et al.*, 2000; SMITH *et al.*, 2001; CRUZ *et al.*, 2004). Nesse contexto, busca-se conhecer a natureza e a magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter em processos de seleção, permitindo a predição do comportamento das gerações segregantes (CRUZ *et al.*, 2004).

Os caracteres quantitativos, em geral fortemente influenciados pelo ambiente, demandam conhecimento mais aprofundado dos componentes de sua variância genética, assim como de sua herdabilidade e acurácia. Esse conhecimento permite orientar de maneira efetiva um programa de melhoramento, predizer o sucesso de métodos de seleção e decidir sobre modificações nas técnicas de seleção em determinada fase do programa (CRUZ *et al.*, 2004; RESENDE & DUARTE, 2007).

Em experimentos de avaliação e caracterização de acessos de bancos de germoplasma, o grande volume de acessos pode ser um entrave à seleção, apresentando limitações tais como alto custo com mão de obra, falta de recursos financeiros, de locais para avaliações, número insuficiente de sementes, entre outros. Ademais, limitam o emprego de delineamentos elaborados que melhor controlam o erro experimental, sugerindo ajustes que contornem esses problemas. Um método que permite a estimação das variações ambientais é a utilização de testemunhas intercalares que são repetidas, e cada acesso é representado uma única vez por bloco. Desta forma, as análises são feitas apenas com base nas informações individuais, recorrendo-se às testemunhas repetidas para se estimar o erro devido ao ambiente (CRUZ, 2001).

A pouca informação sobre as estimativas de parâmetros genéticos no germoplasma de cevada retarda o melhoramento genético do cereal em ambiente de Cerrado sob sistema de

produção irrigado. Assim, este trabalho objetivou obter informações sobre variabilidade genética em 433 acessos provenientes de coleção mundial, visando quantificar os componentes genéticos, fenotípicos e ambientais para rendimento e caracteres agromorfológicos associados.

4. Material e métodos

O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' latitude Sul e 47°42'30'' longitude Oeste, em altitude de 1.007 m. O solo foi classificado como latossolo vermelho Distroférico típico argiloso, cujos resultados das análises químicas e físicas apontaram 0,7 mmol_c dm⁻³ Al; 32,2 mmol_c dm⁻³ Ca; 6,8 mmol_c dm⁻³ Mg; 41,9 mg kg⁻¹ P; 6,2 mmol_c dm⁻³ K; 24,7 g kg⁻¹ M.O.; e pH (água) 5,55; areia grossa = 60 g kg⁻¹; areia fina = 380 g kg⁻¹; silte = 130 g kg⁻¹ e argila = 430 g kg⁻¹. Segundo a classificação de Köppen, a área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989), cujos dados climatológicos, durante a condução do ensaio foram: temperatura mínima, média e máxima do ar de 14,9 °C, 21,7 °C e 28,9 °C, respectivamente; umidade mínima, média e máxima do ar, correspondentemente, de 28,4%, 52,3% e 74,8%; velocidade do vento de 2,2 m s⁻¹, 462,2 cal/cm²/dia de radiação solar e 43,2 mm de chuvas. O plantio foi realizado em 18 de junho, com colheita entre 28 de setembro e 17 de outubro de 2010, de acordo com a data da maturação fisiológica de cada acesso, sob irrigação por aspersores.

Foram avaliados 433 acessos de cevadas hexásticas, dísticas e irregulares, de coloração creme, vermelha e preta, provenientes de coleção mundial mantida pela Embrapa, incluindo-se as testemunhas BRS 180 e BRS 195. Os acessos foram pré-selecionados por qualidade (germinação) e disponibilidade de sementes. Adotou-se o delineamento experimental de testemunhas intercalares, em que os acessos são avaliados em parcelas sem repetições, utilizando-se as testemunhas repetidas por blocos, para estimativa de variação ambiental. Na análise de variância, a distribuição das testemunhas foi inteiramente ao acaso, repetidas 15 vezes ao longo do experimento, sendo as avaliações realizadas em nível de média ou total de parcelas (CRUZ, 2007).

As parcelas foram constituídas por 4 linhas de 1,5 m, espaçadas 0,20 m, com área útil de 1,2 m² para cada parcela, com densidade de 300 plantas m⁻². Os restos culturais de soja,

que ocupavam anteriormente a área, foram incorporados ao solo empregando-se o arado de discos de 32". Uma grade niveladora de 20" foi utilizada em seguida. No controle de plantas daninhas utilizou-se o herbicida Pendimethalin na dose recomendada de 3,0 L.ha⁻¹. Aplicaram-se, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 14,0 kg ha⁻¹ de N; 105,0 kg ha⁻¹ de P₂O₅; 56,0 kg ha⁻¹ de K₂O; e 50,0 kg ha⁻¹ de N no momento em que surgiu a quinta folha plenamente expandida.

As irrigações, por aspersão, foram efetuadas com base na umidade volumétrica do solo (θ), medida por uma sonda de perfil (Profile probe Delta-T) instalada na linha de plantio, nas profundidades de 0,10 m; 0,20 m e 0,30 m. As regas foram realizadas quando a umidade, na profundidade de 0,10 m, atingia valores em torno de 0,26 cm³ cm⁻³, o que correspondeu ao consumo de 50% da água disponível, conforme a curva característica de umidade da área (GUERRA *et al.*, 2003). A quantidade de água por irrigação foi calculada com base nas leituras diárias da sonda, buscando elevar a umidade no perfil de solo, de 0 a 0,35 m, até a capacidade de campo (0,35 cm³ cm⁻³), totalizando 445 mm de lâmina líquida de irrigação na condução do ensaio.

Foram avaliados os caracteres rendimento estimado de grãos – REND (kg ha⁻¹); dias para o surgimento do primeiro e do segundo nós – 1NO e 2NO (50% dos nós da área útil expostos a 2 cm do solo); classificação comercial de primeira e segunda – CLASS1 e CLASS2 (%) (BRASIL, 1996); peso de mil sementes – PMS(g), (BRASIL, 2009); tamanho da espiga – TE (no momento da colheita – cm); número de grãos por espiga – GE; altura de plantas – ALT (cm); grau de acamamento - ACAM (dados transformados em $\arcsen x^{0,5} 100^{-1}$, onde x é igual ao valor, em %, do acamamento); dias para o espigamento – ESP (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis); área da folha bandeira – AFBAND (cm²) (retirada da planta durante a fase linear do enchimento de grãos, digitalizada e mensurada com auxílio do software computacional ImageJ; RASBAND, 2006); e teor de proteína – PROT (%), pelo método colorimétrico de Oliveira (1981).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Para cada caráter, foram considerados os modelos estatísticos:

1) Para as testemunhas: $Y_{ij} = \mu + T_i + \varepsilon_{ij}$, em que:

Y_{ij} = valor observado para a i-ésima testemunha na j-ésima posição;

μ = média geral das testemunhas;

T_i = efeito da i -ésima testemunha ($i = 1, 2, \dots, t$);

ϵ_{ij} = erro aleatório (fatores não controlados) que incide sobre as testemunhas, $\epsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

2) Para os genótipos: $y_i = \mu_g + G_i + \epsilon_i$, onde:

y_i = valor da característica para o i -ésimo genótipo;

μ_g = média geral dos genótipos;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo;

ϵ_i = erro aleatório (fatores não controlados) que incide sobre os genótipos, $\epsilon_i \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Na tabela 1 encontra-se o esquema da análise de variância desse modelo.

Tabela 1. Esquema da análise de variância para experimentos conduzidos com genótipos intercalados por testemunhas com r_i repetições¹.

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
Genótipos	$g - 1$	SQG	QMG	$\sigma^2 + \sigma_g^2$	QMG/QMR
Testemunhas	$t - 1$	SQTe	QMTe	$\sigma^2 + k\phi_t$	QMTe/QMR
Resíduo	$t(r - 1)$	SQR	QMR	σ^2	

¹FV = Fonte de variação; GL = Graus de liberdade; SQ = Soma de quadrados; QM = Quadrado médio.

Para as testemunhas, obtêm-se as estimativas dos parâmetros da seguinte maneira:

$$k = \frac{N - \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^t r_i \right)}{t - 1} \quad \text{e} \quad N = \sum_{i=1}^t r_i$$

Foram obtidas as estimativas de variância genotípica entre os acessos ($\hat{\sigma}_g^2$), fenotípica ao nível de média ($\hat{\sigma}_f^2$) e da ambiental média ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade (h^2), os coeficientes de variação experimental (CVe) e genético (CVg), o coeficiente de correlação relativa (CVr) e a acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}), para cada uma das características analisadas nos genótipos, utilizando-se o software computacional GENES (CRUZ, 2007), em que:

Variância fenotípica – $\hat{\sigma}_f^2 = \text{QMG}$

Variância genotípica – $\hat{\sigma}_g^2 = \text{QMG} - \text{QMR}$

Variância ambiental – $\hat{\sigma}_e^2 = \text{QMR}$

Herdabilidade (%) – $h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$

Coefficiente de variação ambiental (%) – $\text{CVe} = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m_g}$

Coefficiente de variação genético (%) – $\text{CVg} = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m_g}$,

onde $m_g =$ média dos genótipos.

Coefficiente de variação relativo – $\text{CVr} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}}$

Acurácia seletiva – $\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - 1/F}$

Utilizando as estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente, entre os caracteres dois a dois, foram determinadas as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente conforme Kempthorne (1966), com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2007), por meio das seguintes equações:

Coefficiente de correlação genotípica (r_g):

$$r_g = \frac{C\hat{v}_g(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2(X) \cdot \hat{\sigma}_g^2(Y)}}$$

Coefficiente de correlação fenotípica (r_f):

$$r_f = \frac{C\hat{v}_f(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2(X) \cdot \hat{\sigma}_f^2(Y)}}$$

Coefficiente de correlação ambiental (r_a):

$$r_a = \frac{C\hat{v}_a(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2(X) \cdot \hat{\sigma}_a^2(Y)}}$$

em que:

$C\hat{ov}_g(X,Y)$, $C\hat{ov}_f(X,Y)$ e $C\hat{ov}_a(X,Y)$ = Estimadores da covariância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, entre dois caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_g^2(X)$, $\hat{\sigma}_f^2(X)$ e $\hat{\sigma}_a^2(X)$ = Estimadores da variância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, do caráter X;

$\hat{\sigma}_g^2(Y)$, $\hat{\sigma}_f^2(Y)$ e $\hat{\sigma}_a^2(Y)$ = Estimadores da variância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, do caráter Y.

5. Resultados e discussão

Na análise de variância (tabela 2) todas as características mostraram diferenças significativas entre os acessos, com exceção de dias para o surgimento do primeiro (1NO) e do segundo nó (2NO). Apesar de não significativos no conjunto de acessos, apresentaram elevada magnitude ($p \leq 0,01$) para as testemunhas, evidenciando o contraste entre BRS 195 (tardia) e a BRS 180 (precoce). De forma geral todos os caracteres expressaram alta significância quando confrontados os acessos ($F - p \leq 0,01$), com exceção do caráter altura de plantas ($F - p \leq 0,05$), evidenciando variabilidade genética. Para as testemunhas, apenas tamanho de espiga e grau de acamamento não foram significativos. Enquanto para classificação comercial de primeira e segunda as diferenças foram significativas ao nível de 5% ($p \leq 0,05$), para os demais o nível de significância foi de 1% ($p \leq 0,01$).

Os coeficientes de variação ambientais (CVe) das características avaliadas exibiram valores entre 1,78% e 20,28%, para dias para o espigamento e classificação comercial de segunda, respectivamente. Os caracteres dias para o surgimento do primeiro e do segundo nós, peso de mil sementes, altura de plantas, grau de acamamento, dias para o espigamento e teor de proteína revelaram valores de CVe abaixo dos 10%, comprovando precisão no controle das variações ambientais (GOMES, 1990). Já para as características rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, tamanho da espiga, grãos por espiga e área da folha bandeira, os CVe variaram entre 10% e 20%, enquanto para classificação comercial de segunda demonstrou valor pouco acima de 20%, considerado um coeficiente alto para ensaios agrícolas. Entretanto, para a acurácia seletiva, os valores mostraram-se altos ou muito altos (RESENDE & DUARTE, 2007). Esse fato apresenta maior relevância em experimentos agrícolas do que o CVe tomado isoladamente.

O coeficiente de variação genético (CVg), estimando a proporção da variabilidade genética nas populações e para os diferentes caracteres (RESENDE, 2002), revelou valores entre 8,80% para altura de plantas e 100,0% para grau de acamamento. Altos valores de CVg para grau de acamamento não são comuns, pois em coleções elite essa variável, ainda que fortemente influenciado pelas condições ambientais, tem sofrido seleção negativa (COSTA *et al.*, 2002; ŽÁKOVÁ & BENKOVÁ, 2006). Este resultado indica diferença genética de alguns acessos quanto ao acamamento, possibilitando excluí-los de programas de melhoramento nas condições de Cerrado irrigado.

O CVr (CVg/CVe) possibilita identificar os caracteres favoráveis à seleção quando maior que a unidade (FALEIRO *et al.*, 2003). Apenas a variável altura de plantas mostrou resultado menor que um, demonstrando um predomínio da variância ambiental sobre a genética nos dados gerados no experimento, o que comprova uma condição pouco favorável à seleção do caráter, indesejável em programas de melhoramento genético.

A elevada acurácia para rendimento de grãos (0,90), peso de mil sementes (0,91), grãos por espiga (0,92), grau de acamamento (0,98), dias para o espigamento (0,99) e área da folha bandeira (0,98) revela confiabilidade nas informações originadas no ensaio (RESENDE & DUARTE, 2007). No CVr para altura de plantas, a acurácia moderada (0,67) está diretamente ligada à menor herdabilidade (44,42%). Todos os demais caracteres reportaram valores elevados de CVr exceto classificação comercial de primeira, com alto CVe, embora com a acurácia seletiva conveniente.

De forma geral, todos os caracteres demonstraram elevada magnitude para herdabilidade no sentido amplo, destacando grau de acamamento, dias para o espigamento e área da folha bandeira, que alcançaram valores superiores a 90%, comprovando maior contribuição genética frente ao efeito ambiental para a seleção por fenótipo (SEARLE *et al.*, 1992). Os outros caracteres apresentaram herdabilidade superior a 70%, exceto tamanho de espiga (68,74%) e altura de plantas (44,42%). É importante salientar que mesmos esses valores não são considerados baixos (DABHOLKAR, 1992). Esses valores de herdabilidade permitem ganho por seleção em programas de melhoramento ou a introdução de características de interesse mais facilmente em novos genótipos via hibridações e obtenção de linhagens. Considerando que a herdabilidade é calculada com base na interação entre genótipo, ambiente, local e ano, os altos valores encontrados são fruto de forte relação entre os genótipos com o ambiente, pois, na ausência de estresse, houve maior oportunidade de

expressão quando se compara a locais com variações nos índices de estresse (FREY, 1964; CECCARELLI, 1994; CECCARELLI, 1996; ANNICCHIARICO *et al.*, 2005). Portanto espera-se que no ambiente do Cerrado do Planalto Central, sob controle da água no solo, a seleção seja mais eficiente (JOHNSON & FREY, 1967). Quando se selecionam fenótipos com base nesses caracteres, deve-se impetrar ganhos a cada geração até a obtenção de linhagens superiores de cevada.

Rendimento de grãos, com herdabilidade de 80,57%, encontra-se no intervalo reportado em outros trabalhos realizados em ambientes distintos (HAYES *et al.*, 1993; MARQUEZ-CEDILLO *et al.*, 2001; GUT *et al.*, 2004; JALATA *et al.*, 2011). Entretanto, herdabilidade no sentido amplo para rendimento varia dentro de uma mesma espécie, em função do material genético, da característica avaliada e das condições ambientais (FALCONER & MACKAY, 1996), tendo-se registrado valores de 0% a 93% em cevada (DELOGU *et al.*, 1988; BOUZERZOUR & DEKHILI, 1995; GUT *et al.*, 2004; AL-YASSIN *et al.*, 2005).

A herdabilidade tanto para classificação comercial de primeira quanto de segunda mostrou-se elevada, 73,04 e 76,46%, respectivamente, superando valores relatados anteriormente (BRIGGS, 1974). Este fato pode ser atribuído a pré-seleção, concentrada em acessos com elevada qualidade de sementes. Em condição semelhante, obtiveram-se 88 a 96%, corroborando a importância da seleção prévia (FOX, 2008). Verificou-se que valores de CLASS2 foram os que mais refletiram ganhos quando comparado a outros trabalhos nos quais não se fez a pré-seleção por qualidade de sementes (RASMUSSEN & GLASS, 1967; EAGLES *et al.*, 1995).

Herdabilidade para peso de mil sementes (82,08%) encontra-se próxima aos relatos em outros trabalhos conduzidos em ambientes distintos do Cerrado (MANZJUK & BARSUKOV, 1974; KOLE, 2006; JALATA *et al.*, 2011). Valores menores foram obtidos quando se conduziram ensaios em ambientes com variações de clima e de disponibilidade de água (THERRIEN, 2006). A previsibilidade climática do Cerrado, com ausência de chuvas na colheita em semeadura irrigada, ajuda a explicar o encontrado.

Tamanho de espiga e número de grãos por espiga, com herdabilidade de 68,74% e 84,60%, respectivamente, indicam igualmente o efeito do controle ambiental com reflexo em programas de melhoramento sob as mesmas condições (VIMAL & VISHWAKARMA, 1998; JALATA *et al.*, 2011). No caso da cevada cervejeira, quanto maior o número de grãos por espiga menor será o tamanho do grão. Portanto, acessos com muitos grãos por espiga e

reduzida classificação comercial de primeira não são interessantes para programas de melhoramento dirigidos à obtenção de cevada para a indústria malteira. Desta forma, no conjunto, a coleção em estudo apresenta variação de interesse para a obtenção de cultivares ao plantio comercial.

A herdabilidade de menor magnitude para altura de plantas (44,42%) tem efeito direto no ganho por seleção. A busca por genótipos com porte de planta reduzido, altamente produtivos, é recorrente em programas de melhoramento genético de cevada irrigada no Cerrado (AMABILE *et al.*, 2011). Os valores encontrados indicam que se deva estender a seleção, com hibridações adicionais entre linhagens portadoras de alelos favoráveis (FREY, 1954; KOLE, 2006; CHAND *et al.*, 2008). Contudo, valores de herdabilidade superiores ao encontrado foram descritos (HAYES *et al.*, 1993; MARQUEZ-CEDILLO, 2001), confirmando a triagem prévia como fator favorável, baixando-se consideravelmente a frequência de alelos indesejáveis.

Com h^2 de 96,66% para acamamento, a seleção por sua expressão fenotípica deve contribuir para linhagens mais adaptadas, uma vez que plantas acamadas não são colhidas no campo. Significa, portanto, que a utilização de plantas que não acamaram em blocos de cruzamentos futuros se traduzirá em avanços genéticos para obtenção de linhagens eretas, fator de qualidade em cevada cervejeira. Entretanto, variações de resultados em trabalhos noutros ambientes sugerem que, além do componente genético condicionando nanismo, existe ainda um efeito ambiental (TINKER *et al.*, 1996; JEŽOWSKI, 1999; GUT *et al.*, 2004).

Dias para o espigamento mostrou maior herdabilidade, 97,84%, confirmando outros autores (FREY, 1954; MARQUEZ-CEDILLO, 2001). De forma semelhante, é fruto de controle ambiental adequado, como no presente estudo, possibilitando a expressão das diferenças genéticas em sua quase totalidade. Porém, estimativas inferiores também foram descritas (DELOGU *et al.*, 1988; GUT *et al.*, 2004), evidenciando que a interação genótipo x ambiente é fator intrínseco à formação do fenótipo e que a seleção em ausência de flutuações ambientais é eficiente, porém apenas aplicável às condições específicas.

A área da folha bandeira (AFBAND) tem sido relacionada ao tamanho do grão em cevada (BERDAHL *et al.*, 1972). Portanto, alta herdabilidade para o caráter é interessante em programas de melhoramento voltados à demanda da indústria malteira. Nas condições ambientais em que os genótipos foram testados, AFBAND apresentou elevado valor ($h^2 =$

95,26%), confirmando o encontrado por outros autores (FOWLER & RASMUSSEN, 1969), ainda que menor magnitude para o caráter tenha sido reportada (YAP & HARVEY, 1972).

O teor de proteína em cevada é muito importante, pois tanto para alimentação animal quanto para fabricação de cerveja influencia a seleção; linhagens produtivas nem sempre contém a quantidade de proteína desejável. Neste ensaio e em ambiente de Cerrado irrigado, a herdabilidade alcançou 76,87%, confirmando elevadas magnitudes encontradas em outros locais (OLSEN, 1974; THERRIEN, 2006; FOX, 2008).

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental são apresentadas na tabela 3.

Com exceção das correlações entre os pares rendimento estimado de grãos (REND) e número de grãos por espiga (GE), classificação comercial de primeira (CLASS1) e altura de plantas (ALT), tamanho de espiga (TE) e GE, os sinais das correlações genotípicas são iguais aos sinais das correlações fenotípicas, revelando precisão tanto na amostragem quanto na avaliação (CRUZ *et al.*, 2004). Em geral, as correlações genotípicas apresentaram valores maiores do que as fenotípicas, exceto entre REND x PMS (peso de mil sementes) e AFBAND (área da folha bandeira); CLASS1 x ALT e PROT (proteína); CLASS2 x PMS, ALT, ESP (dias para o espigamento), e PROT (teor de proteína); PMS x ESP; ACAM (grau de acamamento) x AFBAND, onde o valor absoluto da correlação ambiental foi mais elevado.

Observando as correlações genéticas e ambientais entre os caracteres, nota-se que metade demonstra diferença de sinal. Esse fato sugere que houve o favorecimento de um caráter em detrimento de outro, destacando tamanho de espiga, número de grãos por espiga e acamamento, que obtiveram a diferença entre os sinais para a maioria dos outros caracteres.

A maior correlação tanto genotípica (-0,9732) quanto fenotípica (-0,8773) é visualizada entre as características classificação comercial de primeira e segunda. O sinal negativo indica que o aumento de CLASS1 significará a redução de CLASS2 e vice-versa. Este fato é esperado e explicável, uma vez que as duas características são inversamente proporcionais, ou seja, o aumento de uma reflete na diminuição da outra. A correlação ambiental (-0,5954) com o mesmo sinal da correlação fenotípica e genotípica demonstra que o ambiente não afetou nenhuma das duas variáveis agrupadas.

Altas correlações também foram observadas entre peso de mil sementes (PMS) x classificação comercial de primeira (CLASS1) e de segunda (CLASS2). Os valores positivos

das correlações entre PMS e CLASS1 mostram que o incremento em um dos fatores acarretará igual resposta no outro. Para PMS x CLASS2 as correlações foram de sinal negativo, demonstrando que o aumento de uma refletirá na diminuição da outra. A ausência da diferença de sinais entre as correlações de PMS x CLASS1 e PMS x CLASS2 demonstra que não houve influência ambiental na associação desses caracteres. Porém o valor da correlação ambiental entre PMS e CLASS2 (-0,7459) é maior do que a genotípica (-0,4683) e fenotípica (-0,5242), revelando haver influência ambiental na associação entre os caracteres. Essa informação é valiosa, uma vez que a análise de peso de mil sementes é feita anteriormente à análise de classificação comercial de grãos. Portanto, a seleção indireta para CLASS1 via PMS aumenta a eficiência, pois a classificação comercial de grãos é um processo oneroso. A possibilidade de avanços com a seleção indireta é desejável em programas de melhoramento genético de máxima eficiência (CRUZ *et al.*, 2004).

Elevada magnitude ocorreu entre rendimento estimado de grãos (REND) e dias para o espigamento (ESP). A correlação genotípica (-0,6564) e fenotípica (-0,6007) evidencia que cultivares mais precoces foram mais produtivos. A forte correlação negativa sugere que a seleção de indivíduos precoces implicaria em cultivares altamente produtivos, aplicável em ambiente de Cerrado irrigado (RUTGER *et al.*, 1967). Neste caso os sinais das correlações também foram iguais, revelando mais uma vez que os caracteres não foram beneficiados ou prejudicados em detrimento do outro.

As correlações genotípica (-0,7070) e fenotípica (-0,5049) negativas de REND com teor de proteína (PROT) sugerem que genótipos com elevado rendimento apresentam menor teor de proteína. Essa associação é desejável na obtenção de cultivares de cevada cervejeira, pois a indústria preconiza o uso de malte proveniente de cevadas com teor de proteína inferior a 12,5% (BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011).

6. Conclusões

Com exceção de altura de plantas, elevada herdabilidade e CVg para as características agrônomicas demonstram que os genótipos avaliados, a partir de seleção preliminar em bancos de germoplasma, podem ser selecionados e usados em blocos de cruzamentos para

obtenção de cultivares de cevada destinadas ao cultivo comercial nas condições de Cerrado irrigado do Brasil Central.

As correlações negativas entre rendimento estimado de grãos e dias para o espigamento e teor de proteína são interessantes para o melhoramento de cevada irrigada no Cerrado, evidenciando que as cevadas mais produtivas são também mais precoces e possuem menor teor de proteína.

Tabela 2. Quadrados médios (QM) de genótipos (g), testemunhas (t) e erro (e), valor de F para genótipos e testemunhas, coeficiente de variação geral (CV), estimativas das variâncias (σ^2) fenotípica (f), genotípica (g) e ambiental (e), herdabilidade (h_a^2), dos coeficientes de variação genético (CVg) e experimental (CVe), relação CVr e acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) de cada caráter avaliado para 433 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010⁽¹⁾.

Parâmetro	Caracteres													
	REND	1NO	2NO	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM ⁽²⁾	ESP	AFBAND	PROT	
QM	g	2.275.806,93	0,99	1,21	490,05	173,82	35,47	2,18	168,53	91,08	0,00	53,31	26,37	4,51
	t	34.848.076,30	264,03	240,83	653,33	197,63	95,05	2,41	11.952,05	1.032,53	0,00	1.009,20	248,03	161,33
	e	442.276,18	7,88	6,09	132,10	40,92	6,36	0,68	25,96	50,62	0,00	1,15	1,25	1,04
F	g	5,14**	0,13 ^{NS}	0,20 ^{NS}	3,71**	4,25**	5,58**	3,20**	6,49**	1,80*	29,92**	46,26**	21,09**	4,32**
	t	78,79**	33,50**	39,54**	4,95*	4,83*	14,95**	3,53 ^{NS}	460,46**	20,40**	2,15 ^{NS}	875,75**	198,44**	154,68**
	f	2.275.806,93	0,99	1,21	490,05	173,82	35,47	2,18	168,53	91,08	0,00	53,31	26,37	4,51
σ^2	g	1.833.530,75	0,00	0,00	357,95	132,90	29,12	1,50	142,57	40,46	0,00	52,16	25,12	3,47
	e	442.276,18	7,88	6,09	132,10	40,92	6,36	0,68	25,96	50,62	0,00	1,15	1,25	1,04
	h_a^2 (%)	80,57	-	-	73,04	76,46	82,08	68,74	84,60	44,42	96,66	97,84	95,26	76,87
CVg	38,39	-	-	33,38	35,98	13,94	18,16	25,58	8,80	100,04	11,95	53,95	11,76	
CVe	18,82	-	-	20,28	19,96	6,52	12,25	10,91	9,85	18,60	1,78	12,04	6,45	
CVr	2,04	-	-	1,65	1,80	2,14	1,48	2,34	0,89	5,38	6,73	4,48	1,82	
\hat{r}_{gg}	0,90	-	-	0,85	0,87	0,91	0,83	0,92	0,67	0,98	0,99	0,98	0,88	

¹ Rendimento de grãos (REND). Dias para o surgimento do 1º (1NO) e do 2º (2NO) nós. Classificação Comercial de 1º (CLASS1) e de 2º (CLASS2). Peso de 1000 Sementes (PMS). Tamanho de espiga (TE). Grãos por espiga (GE). Altura de plantas (ALT). Grau de acamamento (ACAM). Espigamento (ESP). Área da folha bandeira (AFBAND). Teor de proteína (PROT).

² Dados transformados em $\arcsen x^{0,5} \cdot 100^{-1}$, onde x = ao valor, em %, do acamamento
 ** significativos a 1%, * significativos a 5% de probabilidade pelo teste F e NS não significativo.

Tabela 3. Coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre sete características agronômicas em 433 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010⁽¹⁾.

Características	Correlação	Características									
		CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
REND	r _g	0,3980	-0,3039	0,0458	-0,2968	-0,0533	0,4573	-0,0599	-0,6564	-0,0411	-0,7070
	r _f	0,3192	-0,2782	0,0956	-0,1102	0,0253	0,1850	-0,0416	-0,6007	-0,0527	-0,5049
	r _a	0,0608	-0,1854	0,3127	0,4492	0,4004	-0,2694	0,1397	-0,2759	-0,1734	0,2428
CLASS1	r _g		-0,9732	0,7453	-0,2046	-0,3205	-0,0155	-0,0637	-0,2914	-0,2046	-0,1922
	r _f		-0,8773	0,6498	-0,1108	-0,2626	0,0815	-0,0496	-0,2769	-0,1600	-0,2076
	r _a		-0,5954	0,3309	0,1177	-0,0521	0,2334	0,0416	-0,3995	0,0945	-0,2546
CLASS2	r _g			-0,4683	0,2384	0,2624	-0,0132	0,0638	0,2473	0,1921	0,1229
	r _f			-0,5242	0,1155	0,2437	-0,0689	0,0603	0,2498	0,1782	0,2216
	r _a			-0,7459	-0,2115	0,1712	-0,1693	0,0613	0,5028	0,1354	0,5457
PMS	r _g				-0,1926	-0,3649	0,1288	0,0920	-0,0127	0,0808	0,0980
	r _f				-0,0596	-0,3123	0,0867	0,0759	-0,0396	0,0536	0,0260
	r _a				0,3594	-0,0492	0,0282	-0,0778	-0,4539	-0,1935	-0,2547
TE	r _g					-0,0747	0,4599	-0,0839	0,4416	0,3225	0,3434
	r _f					0,0178	0,2656	-0,0395	0,3345	0,2538	0,2201
	r _a					0,3408	0,0276	0,2827	-0,3364	-0,0590	-0,1097
GE	r _g						0,4488	0,0045	0,0708	0,2298	-0,1966
	r _f						0,1385	0,0033	0,0583	0,1766	-0,1433
	r _a						-0,4672	-0,0113	-0,1053	-0,3479	0,0811

Tabela 3. Continuação...

Características	Correlação	Características										
		CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	
ALT	r _g								-0,0698	0,0073	0,2768	0,3550
	r _f								-0,0450	0,0068	0,2391	0,0962
	r _a								0,0054	0,0178	0,3639	-0,3103
ACAM	r _g									-0,0687	0,0808	-0,0199
	r _f									-0,0680	0,0821	-0,0071
	r _a									-0,0446	0,1170	0,1148
ESP	r _g										0,3147	0,5395
	r _f										0,2997	0,4708
	r _a										-0,1288	0,0418
AFBAND	r _g											0,3231
	r _f											0,3004
	r _a											0,2283

¹Rendimento de grãos (REND). Dias para o surgimento do 1º (1NO) e do 2º (2NO) nós. Classificação Comercial de 1º (CLASS1) e de 2º (CLASS2). Peso de 1000 Sementes (PMS). Tamanho de espiga (TE). Grãos por espiga (GE). Altura de plantas (ALT). Grau de acamamento (ACAM). Espigamento (ESP). Área da folha bandeira (AFBAND). Teor de proteína (PROT).

7. Referências bibliográficas

AL-YASSIN, A.; GRANDO, S.; KAFWIN, 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.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A. SAYD, R. M.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Comportamento de genótipos de cevada em análise de VCU sob condição irrigada no Cerrado em 2010. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011. Cd-Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de 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.

AMABILE, R. F.; SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F. **Cevada irrigada conquista Cerrado**. 2004. Disponível em: <<http://www.embrapa.br/imprensa/noticias/2000/agosto/bn.2004-11-25.9407345058/>>. Acesso em: jun. 2009.

AMABILE, R. F.; SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F. Cevada irrigada e realidade no Cerrado. **Revista Guinness**, Formosa, v. 1, n. 2, p. 6-8. nov./dez., 2002.

ANNICCHIARICO, P.; BELLAH, F.; CHIARI, T. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs: a case study. **Crop Science**, v. 45, p. 1741–1749. 2005.

BERDAHL, J. D.; RASMUSSEN, D. C.; MOSS, D. N. Effect of leaf area on photosynthetic rate, light penetration, and grain yield in barley. **Crop Science**, v. 12, n. 2, p. 177-180. 1972.

BORÉM, A. **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2009. 625p.

BOTHMER, R. von. The wild species of *Hordeum*: relationships and potential for improvement of cultivated barley. In: SHEWRY, P. R. (Ed.). **Barley**: genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology. London: CAB International, 1992. p. 3-18.

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.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. **Portaria 691**, de 22 de nov de 1996. Brasília, 1996.

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

BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE. **Quality factors in malting barley**. Disponível em: <<http://www.bmbri.ca/>>. Acesso em: 11 nov. 2011.

BRIGGS, K. G. Combining ability for kernel plumpness in a diallel cross of five Canadian barley cultivars. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 54, p. 29-34. 1974.

CARVALHO, F. I. F de; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. 1 ed. Pelotas: Editora da UFPel, 2004. 142 p.

CECCARELLI, S. Adaptation to low/high input cultivation. **Euphytica**, v. 92, p. 203-214. 1996.

CECCARELLI, S. Specific adaptation and breeding for marginal conditions. **Euphytica**, v. 77, p. 205-219. 1994.

CHAND, N.; VISHWAKARMA, S. R.; VERMA, O. P.; KUMAR, M. Worth of genetic parameters to sort out new elite barley lines over heterogeneous environments. **Barley Genetics Newsletter**, v. 38, p. 10-13. 2008.

COSTA, N. H. de A. D.; 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. Versão Windows – 2007, Viçosa, UFV.

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

CRUZ, E. M. **Seleção de famílias de milho-pipoca avaliadas com testemunhas intercalares**. 2001. 64 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

DABHOLKAR, A. R. **Elements of Biometrical Genetics**. New Delhi: Concept Publishing Company. 1992. 431 p.

DELOGU, G.; LORENZONI, C.; MAROCCO, A.; MARTINIELLO, P.; ODOARDI, M.; STANCA, A. M. A recurrent selection programme for grain yield in winter barley. **Euphytica**, v. 37, p. 105-110. 1988.

EAGLES, H. A.; BEDGGOOD, A. G.; PANOZZO, J. F.; MARTIN, P. J. Cultivar and environmental effects on malting quality in barley. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 46, p. 831-844. 1995.

EMBRAPA CERRADOS. **Cevada BRS 180**: primeira cultivar de cevada cervejeira para o sistema de produção irrigado do Cerrado. Folder Técnico. Planaltina: Embrapa Cerrados, 1999.

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

FALEIRO, F. G.; CRUZ, C. D.; RAGAGNIN, V. A.; SOUZA, T. L. P. O.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. de. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais e análise de trilha em ril's de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Agrotrópica**, v. 13, n. 3, p. 115-124. 2003.

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jan. 2012.

FOWLER, C. W.; RASMUSSEN, D. C. Leaf area relationships and inheritance in barley. **Crop Science**, v. 9, n. 6, p. 729-731. 1969.

FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. Lismore, 2008. 179 p. Thesis (PhD) - Southern Cross University, Austrália.

FREY, K. J. Adaptation reaction of oat strains selected under stress and non stress environmental conditions, **Crop Science**, v. 4, p. 55-58. 1964.

FREY, K. J. Inheritance and heritability of heading date in barley. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 226-228. 1954.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

GUERRA, A. F.; RODRIGUES, G. C.; ROCHA, O. C.; EVANGELISTA, W. **Necessidade hídrica no cultivo de feijão, trigo, milho e arroz sob irrigação no Bioma Cerrado**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 100. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2003. 15 p.

GUT, M.; BICHOŃSKI, A.; WĘGRZYN, S. Heritability, variation and relationship between frost resistance of winter barley and some of its characters. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 1, # 2. 2004. Disponível em: <<http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue1/agronomy/art-02.html>>. Acesso em: 27 jan. 2011.

HAYES, P. M.; LIU, B. H.; KNAPP, S. J.; CHEN, F.; JONES, B.; BLAKE, T.; FRANCKOWIAK, J.; RASMUSSEN, D.; SORELLS, M.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D.; KLEINHOF, A. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 1, p. 392–401. 1993.

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.

JEŻOWSKI, S. Significance of geometrical and physical features for genetic analysis of trials determining lodging resistance. **International Agrophysics**, v. 13, p. 99-102. 1999.

JOHNSON, G. R.; FREY, K. J. Heritabilities of quantitative attributes of oats at varying levels of environmental stress. **Crop Science**, v. 7, p. 43-46. 1967.

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

KHALIQ, I.; PARVEEN, N.; CHOWDHRY, M. A. Phenotypic, genotypic correlation and path coefficient analysis in some bread wheat crosses. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 6, n. 4. 2004.

KOLE, P. C. Variability, correlation and regression analysis in third somaclonal generation of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 44-47. 2006.

MANZJUK, V. T.; BARSUKOV, P. N. Genetic studies of some quantitative characters of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v.4, n. 2, p. 48-49. 1974.

MARQUEZ-CEDILLO, L. A.; HAYES, P. M.; KLEINHOF, A.; LEGGE, W. G.; ROSSNAGEL, B. G.; SATO, K.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D. M. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American cultivars representing different germplasm groups. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 625-637. 2001.

MINELLA, E. **Cevada brasileira**: situações e perspectivas. Comunicado Técnico Online, 23. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co23.htm>. Acesso em: jun. 2009.

MINELLA, E.; CIULLA, C.; PANISSON, E.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Avaliação de safra no Brasil em 2004. In. REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25, 2005, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2005.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. **Anuário 2005**. Disponível em <<http://www.agricultura.gov.br>>. Acesso em: 26 jul. 2008.

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

OLIVEIRA, S. A. de. Método colorimétrico para a determinação de nitrogênio em plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 16, n. 5, p. 645-649. 1981.

OLSEN, O. A. Ultrastructure and genetics of the barley line hiproly. **Hereditas**, v. 77, p. 287-302. 1974.

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, n. 8, p. 1505-1513. 2006.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; SANTA CECÍLIA, F. C.; ANDRADE, M. A. de. Seleção de progênies no feijão "Pintado" e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. **Ciência e Prática**, v. 3, p. 51-57. 1979.

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

RASBAND, W. S. **ImageJ**. U. S. National Institutes of Health: Bethesda, Maryland, USA. 2006. Disponível em: <<http://rsb.info.nih.gov/ij/>>. Acesso em: 03 ago. 2010.

RASMUSSEN, D. C.; GLASS, R. L. Estimates of genetic and environmental variability in barley. **Crop Science**, v. 7, p. 185-188. 1967.

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

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares, **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194. 2007.

RUTGER, J. N.; SCHALLER, C. W.; DICKSON, A. D. Variation and covariation in agronomic and malting quality characters in barley. II. Interrelationship of characters. **Crop Science**, v. 7, p. 325-326. 1967.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501p.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147. 2001.

THERRIEN, M. C. Estimates of heritability of major malting quality traits in Canadian barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 10-11. 2006.

TINKER, N. A.; MATHER, D. E.; ROSSNAGEL, B. G.; KASHA, K. J.; KLEINHOF, A.; HAYES, P. M.; FALK, D. E.; FERGUSON, T.; SHUGAR, L. P.; LEGGE, W. G.; IRVINE, R. B.; CHOO, T. M.; BRIGGS, K. G.; ULLRICH, S. E.; FRANCKOWIAK, J. D.; BLAKE, T. K.; GRAF, R. J.; DOFING, S. M.; SAGHAI MAROOF, M. A.; SCOLES, G. J.; HOFFMAN, D.; DAHLEEN, L. S.; KILIAN, A.; CHEN, F.; BIYASHEV, R. M.; KUDRNA, D. A.; STEFFENSON, B. J. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. **Crop Science**, v. 36, n. 4, p. 1053-1062. 1996.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VIMAL, S. C.; VISHWAKARMA, S. R. Heritability and genetic advance in barley under partially reclaimed saline sodic soil. **Rachis**, v. 17, p. 56-61. 1998.

YAP, T. C.; HARVEY, B. L. Inheritance of yield components and morpho-physiological traits in barley, *Hordeum vulgare* L. **Crop Science**, v. 12, n. 3, p. 283-286. 1972.

ŽÁKOVÁ, M.; BENKOVÁ, M. Characterization of spring barley accessions based on multivariate analysis. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 1, n. 2, p. 124-134. 2006.

DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS ENTRE 435 ACESSOS DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO PLANALTO CENTRAL

1. Resumo

O sucesso do cultivo de cevada (*Hordeum vulgare* L.) depende de se conhecer e utilizar a variabilidade genética em caracteres agrônômicos existente em bancos de germoplasma. No Brasil, ainda que se disponha de ampla coleção de acessos, não se tem uma caracterização sistemática dos mesmos. O objetivo deste trabalho foi analisar a diversidade entre acessos de cevada pré-selecionados para organizar a coleção de trabalho e identificar genótipos a serem utilizados no programa de melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado. O experimento, conduzido na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, sob irrigação, entre 18 de junho e 17 de outubro de 2010, foi composto por 433 acessos, além de BRS 180 e BRS 195 (testemunhas). Os acessos foram avaliados utilizando 15 descritores morfoagronômicos, sendo onze quantitativos e quatro categóricos. Utilizou-se o delineamento de testemunhas intercalares. Para estimar a dissimilaridade genética entre os pares de acessos foi calculada uma matriz de distâncias utilizando o coeficiente de Gower. A partir da matriz, foi realizada análise de agrupamento utilizando o método de otimização de Tocher e a dispersão gráfica das distâncias no plano. As distâncias genéticas variaram de 0,025 a 0,572, com média de 0,256. Os acessos foram distribuídos em 18 grupos pelo método de Tocher, de forma coerente ao observado na dispersão gráfica. A divergência genética existente na coleção pesquisada auxilia na definição de acessos para compor blocos de cruzamentos em programas de melhoramento genético de cevada em ambiente de Cerrado irrigado.

PALAVRAS-CHAVE: *Hordeum vulgare* L., banco de germoplasma, recursos genéticos vegetais, melhoramento genético, distância genética.

GENETIC DIVERSITY BASED IN MORPHOAGRONOMIC CHARACTERISTICS AMONG 435 BARLEY ACCESSIONS UNDER IRRIGATION IN THE BRAZILIAN SAVANNAH HIGHLAND

2. Abstract

The success of barley (*Hordeum vulgares*) cultivation, aiming at its adaptation to cropping systems, relies on the knowledge and utilization of existing variability in germplasm banks. In Brazil, even though large access collections are available, there is no systematic characterization of them. The objective of this work was to analyze diversity among pre-selected barley accessions to organize a working collection and to identify genotypes for a breeding programme for irrigated barley in the Brazilian Savannah. The field experiment, conducted in Planaltina, DF, Brazil, under irrigation, between 18 June and 17 October, 2010, was made by 433 accession added by BRS 180 and BRS 195 as controls,. The accession were evaluated using fifteen morfoagronomic descriptor, being 11 quantitative and four discrete. The interpolated control design was used for the statistical analysis. To estimate genetic dissimilarity between access pairs, a genetic distance matrix was calculated using Gower's coefficient. From the matrix, was realized a grouping analyze, using the optimizing Tocher method and the graphic dispersion distance. The genetic distances varied between 0.025 and 0.572, with mean of 0.256. The accessions were distributed in 18 groups by the Tocher method, which were directly related to the graphic dispersion. The existing genetic divergence in the collection under study helps the definition of accessions to be used in crossing blocs from a breeding programme directed to savannah environment.

KEY WORDS: *Hordeum vulgare* L., germplasm bank, genetic resources, crop breeding, genetic distance.

3. Introdução

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) foi uma das primeiras plantas domesticadas pelo homem (MILLER, 1992; ZOHARY & HOPF, 2001; DIAMOND, 2008). Atualmente, é o quarto cereal mais semeado no mundo (FAOSTAT, 2012), com quase toda a produção destinada ao abastecimento de indústrias malteiras (MINELLA *et al.*, 2007).

A produção comercial do cereal no Brasil teve início na década de 1930, nos estados do Sul. Sua adaptabilidade às condições edafoclimáticas do Cerrado possibilitou a inserção neste bioma em 1976, apoiado pelo Plano Nacional de Autossuficiência de Cevada e Malte (PLANACEM), pela Embrapa e por algumas companhias cervejeiras (MINELLA, 1999a). O cultivo irrigado no Cerrado contorna alguns dos entraves que a cultura encontra no Sul do Brasil, como o clima favorável à ocorrência de doenças e de geadas, chuvas após a maturação fisiológica do grão e competição com outros cereais de inverno, a exemplo do trigo. Esses fatores demonstram o grande potencial que a *commodity* tem para integrar sistemas de produção irrigado do Cerrado (AMABILE *et al.*, 2007b).

A adaptação e o desenvolvimento da cultura no Cerrado necessitaram, todavia, de forte investimento em pesquisa, com destaque para o melhoramento genético (DUBOC *et al.*, 2009). O programa tem como premissa fornecer novas constituições genéticas qualitativa e quantitativamente superiores continuamente, sendo fundamental para a manutenção e o aumento da competitividade do mercado agrícola. O progresso depende da amplitude da diversidade genética disponível no germoplasma utilizado (POEHLMAN & SLEPER, 1995) e da herdabilidade dos caracteres desejáveis, para a aplicação ao melhoramento (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003). Nesse sentido, a caracterização e avaliação da diversidade genética são de grande relevância em estudos de diversidade (MOREIRA *et al.*, 1994; VALOIS, 1998; WETZEL & FERREIRA, 2007), possibilitando o conhecimento da variabilidade genética das populações, o monitoramento dos bancos de germoplasma e gerando informações úteis para a conservação e o uso de acessos (KNÜPFER & VAN HINTUM, 1995; CRUZ *et al.*, 1994; BAUM, 2000; MOHAMMADI & PRASANNA, 2003; CRUZ *et al.*, 2004; AHMAD *et al.*, 2008; LEISTRUMAITÉ *et al.*, 2010); serve, ainda, para a valoração dos recursos genéticos da espécie (RASMUSSEN, 2000). O conhecimento da diversidade genética é uma importante ferramenta na identificação das combinações híbridas de maior heterozigose e de maior efeito heterótico, aumentando a eficiência do melhoramento. Com base nessas combinações, aumenta-se a probabilidade de recuperar

genótipos superiores nas gerações segregantes de forma mais rápida e eficiente (MAURYA & SINGH, 1977; FALCONER & MACKAY, 1996; AMARAL JÚNIOR, 1999).

A análise da divergência genética passa por seis fases distintas: escolha dos genótipos a serem analisados, obtenção e sistematização dos dados, definição da medida de similaridade ou dissimilaridade, escolha do método de agrupamento e/ou dispersão gráfica a ser aplicado, verificação do grau de distorção provocado pelo método de agrupamento ou dispersão gráfica empregado e interpretação dos resultados (MANLY, 1994; CRUZ & CARNEIRO, 2003; BERTAN *et al.*, 2006; HAIR *et al.*, 2009). A divergência genética se determina por diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares apresentadas pelos genótipos, sendo quantificada, geralmente, por medida de dissimilaridade (CRUZ, 1990). Vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo de divergência. A análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade como a distância de Gower, método de otimização de Tocher e técnicas de dispersão gráfica, têm sido bastante utilizada com eficiência na discriminação fenotípica (AMARAL JÚNIOR, 1999). As análises de agrupamentos têm por finalidade reunir amostras em grupos homogêneos, mantendo heterogeneidade entre os grupos. A escolha do método de análise tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ *et al.*, 2004).

Os principais interesses em bancos de germoplasma são armazenar e disponibilizar acessos, com identificação das características de importância para os programas de melhoramento genético (NASS & PATERNIANI, 2000; RAMOS *et al.*, 2007; CARVALHO & QUESENBERRY, 2009). No entanto, menos de 8% dos recursos constantes nestes bancos são efetivamente utilizados por melhoristas (VALOIS, 1998). Cerca de 378.000 acessos de cevada se encontram em coleções mundiais (VAN HINTUM & MENTING, 2003), com mais de 29.000 acessos no Brasil (SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÕES EM RECURSOS GENÉTICOS, 2011). No Cerrado, são escassos os estudos sobre a diversidade genética, sendo necessária a discriminação de acessos em função da alta variabilidade existente, pois podem apresentar diferenças fenotípicas e de rendimento. O conhecimento aprofundado da variabilidade genética em cevada para o bioma Cerrado só se obtém por meio da caracterização dos mesmos em experimentos de campo, em ambiente de cultivo. Este cereal possui a maior diversidade genética entre os demais, favorecendo sua utilização em programas de melhoramento genético no Brasil e possibilitando, desta forma, a seleção de genótipos superiores para ambientes específicos (FOSTER, 1987; ÁRIAS, 1995; TSUCHIYA

et al., 1995; MOLINA-CANO *et al.*, 1997; MINELLA, 1999b; WRIGHT, 2000; LASA *et al.*, 2001; VERMA & SARKAR, 2010).

O objetivo deste trabalho foi analisar a diversidade genética entre 435 acessos de cevada para subsidiar a formação de uma coleção de trabalho e selecionar genótipos a serem utilizados no programa de melhoramento da cevada irrigada no Cerrado.

4. Material e métodos

Foram avaliados 435 acessos de cevada, hexástica e dística, para fins cervejeiros e alimentação animal, nua, de coloração creme, vermelha e preta, originários de 47 diferentes países, provenientes da coleção mundial mantida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, incluindo-se as testemunhas BRS 180 e BRS 195 (tabela 2). Os acessos foram pré-selecionados por qualidade (germinação) e disponibilidade de sementes. O experimento foi conduzido na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m. O solo foi classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distroférico típico argiloso, cujos resultados das análises químicas e físicas apontaram 0,7 mmol_c dm⁻³ de Al; 32,2 mmol_c dm⁻³ de Ca; 6,8 mmol_c dm⁻³ de Mg; 41,9 mg kg⁻¹ de P; 6,2 mmol_c dm⁻³ de K; 24,7 g kg⁻¹ de M.O.; e pH (água) de 5,55; areia grossa = 60 g kg⁻¹; areia fina = 380 g kg⁻¹; silte = 130 g kg⁻¹ e argila = 430 g kg⁻¹. Segundo a classificação de Köppen, apresenta clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989), cujos dados climatológicos, durante a condução do ensaio foram: temperatura mínima, média e máxima do ar de 14,9 °C, 21,7 °C e 28,9 °C, respectivamente; umidade mínima, média e máxima do ar, correspondentemente, de 28,4%, 52,3% e 74,8%; velocidade do vento de 2,2 m.s⁻¹, 462,2 cal/cm²/dia de radiação solar e 43,2 mm de chuvas. O plantio realizou-se em 18 de junho, com colheita entre 28 de setembro e 17 de outubro de 2010, de acordo com a respectiva data da maturação fisiológica dos acessos, sob irrigação por aspersores.

Adotou-se o delineamento experimental de testemunhas intercalares, onde os genótipos foram avaliados em parcelas únicas, utilizando-se testemunhas como repetições, para auxílio na estimativa de variação ambiental. Na análise considerou-se o delineamento inteiramente ao acaso, com cada testemunha repetida 15 vezes ao longo do experimento, sendo as avaliações realizadas em nível de média ou total de parcelas (CRUZ, 2007).

As parcelas foram constituídas por 4 linhas de 1,5 m de comprimento, espaçadas 0,20 m entre si, com a área útil de 1,2 m² e uma densidade de 300 plantas.m⁻². O resíduo do cultivo anterior (soja) foi incorporado ao solo empregando-se arado de discos de 32”, seguido por grade niveladora de 20”. O controle de plantas daninhas foi feito com o herbicida Pendimethalin em pré-emergência, na dose de 3,0 L.ha⁻¹. Aplicaram-se, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 14,0 kg ha⁻¹ de N; 105,0 kg ha⁻¹ de P₂O₅; 56,0 kg ha⁻¹ de K₂O; e 50,0 kg ha⁻¹ de N no momento em que surgiu a quinta folha plenamente expandida.

As irrigações, por aspersão, foram efetuadas com base na umidade volumétrica do solo (θ), medida por uma sonda de perfil (Profile probe Delta-T) instalada na linha de plantio, nas profundidades de 0,10 m; 0,20 m e 0,30 m. As regas foram realizadas quando a umidade, na profundidade de 0,10 m, atingia valores em torno de 0,26 cm³.cm⁻³, o que correspondeu ao consumo de 50% da água disponível, conforme a curva característica de umidade da área (GUERRA *et al.*, 2003). A quantidade de água por rega foi calculada com base nas leituras diárias da sonda, buscando elevar a umidade no perfil de solo, de 0 a 0,35 m, até a capacidade de campo (0,35 cm³.cm⁻³), totalizando 445 mm de lâmina líquida de água durante a condução do ensaio.

No colmo principal, foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos: 1. REND – rendimento estimado de grãos (kg ha⁻¹); 2. CLASS1 – grãos com classificação comercial de primeira (%); 3. CLASS2 – grãos com classificação comercial de segunda (%) (BRASIL, 1996); 4. PMS – peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 5. TE – comprimento da espiga no momento da colheita (cm); 6. GE – número de grãos por espiga; 7. ALT – altura de plantas (cm); 8. ACAM – grau de acamamento (%); 9. ESP – dias para o espigamento (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis); 10. AFBAND – área da folha bandeira (cm²), retirada da planta durante a fase linear do enchimento de grãos, digitalizada e mensurada com auxílio do software computacional ImageJ (RASBAND, 2006); e 11. PROT – teor de proteína (%), pelo método colorimétrico (OLIVEIRA, 1981). As características categóricas a seguir também foram utilizadas para estimar a diversidade: 12. NFG – número de fileiras de grãos na espiga; 13. NUA – pálea e lema aderidas ou não ao grão; 14. ORIG – origem do material genético, baseada em dados de passaporte (NATIONAL GENETIC RESOURCES PROGRAM, 2012); e 15. COR – cor do grão (a coloração da pálea e lema do grão foi

classificada através da observação visual). Os acessos foram separados em três diferentes categorias de cor: creme, preto e vermelho.

Para a análise de variância, de cada caráter, foram considerados os modelos estatísticos (CRUZ, 2007):

1) Para as testemunhas: $Y_{ij} = \mu + T_i + \varepsilon_{ij}$, em que:

Y_{ij} = valor observado para a i -ésima testemunha na j -ésima posição;

μ = média geral das testemunhas;

T_i = efeito da i -ésima testemunha ($i = 1, 2, \dots, t$);

ε_{ij} = erro aleatório (fatores não controlados) que incide sobre as testemunhas, $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

2) Para os genótipos: $y_i = \mu_g + G_i + \varepsilon_i$, onde:

y_i = valor da característica para o i -ésimo genótipo;

μ_g = média geral dos genótipos;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo;

ε_i = erro aleatório (fatores não controlados) que incide sobre os genótipos, $\varepsilon_i \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Para estimar a dissimilaridade genética entre os pares de acessos foi calculada uma matriz de similaridade dos indivíduos utilizando o coeficiente de Gower (1971), devido à presença de diferentes tipos de variáveis (quantitativo e qualitativo), com auxílio do programa computacional MULTIV (PILLAR, 2004). A matriz de dissimilaridade (d) foi estimada a partir da matriz de similaridade (s) utilizando $d_{ij} = 1 - s_{ij}$. Baseado na matriz de dissimilaridade foi realizada análise de agrupamento por meio do método otimização de Tocher, obtido pelo programa GENES (CRUZ, 2007). Este método se aplica a grande número de linhagens, facilitando a interpretação das diferenças (MIRANDA *et al.*, 1999). O agrupamento por Tocher consiste em identificar, na matriz de dissimilaridade, o par de genótipos mais similares, formando o grupo inicial. Na sequência, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos genótipos no grupo, adotando o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ

et al., 2004). A dispersão gráfica foi gerada com base na matriz de dissimilaridade, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS INSTITUTE INC., 1989) e Statistica (STATSOFT INC., 1999).

No auxílio à recomendação de combinações híbridas baseadas na magnitude da distância genética, foi empregado um índice em relação ao ideótipo (genótipo ideal proposto pelo melhorista) a partir dos melhores comportamentos verificados em cada parâmetro avaliado no experimento. O ideótipo foi definido por meio dos maiores resultados para os caracteres REND, CLASS1, PMS, TE, GE, ACAM e AFBAND; menores para CLASS2, ALT e ESP; e mais próximo do valor ideal para PROT. Em seguida, foram estimadas as distâncias de similaridade utilizando o coeficiente de Gower (1971), a partir dos dados dos 435 genótipos e o ideótipo, com auxílio do programa computacional MULTIV (PILLAR, 2004). Foram consideradas como melhores acessos aqueles que revelaram as menores distâncias em relação ao ideótipo.

5. Resultados e discussão

Os 11 caracteres quantitativos avaliados nos 435 materiais genéticos de cevada demonstraram diferenças altamente significativas ($p \leq 0,01$), com exceção de ALT que foi significativo ao nível de 5% ($p \leq 0,05$), a partir dos resultados verificados pelo teste estatístico F (tabela 1). Esse resultado revela a existência de variabilidade genética entre os acessos, com possibilidade de se impetrar ganhos genéticos para as características estudadas.

O maior rendimento de grãos (REND) foi obtido por CI 10022 (9.108,3 kg ha⁻¹), que se apresentou bastante superior à média dos genótipos, das testemunhas e bastante superior ao rendimento médio nacional de 3.145,0 kg ha⁻¹ (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2011; FAOSTAT, 2012). Elevados valores foram obtidos com material genético exótico de cevada em outros experimentos (AMABILE *et al.*, 2007a), com rendimentos de até 9.700,0 kg ha⁻¹ para genótipos mexicanos. Neste estudo, dos 10 acessos mais produtivos, seis são procedentes da Colômbia, evidenciando que similaridades entre ambientes são válidas no melhoramento (LEISTRUMAITE *et al.*, 2010). Não mais de 5% dos genótipos revelaram produtividade inferior a 1.000,0 kg ha⁻¹, sendo o mais baixo rendimento apresentado pelo acesso CI 14146 - este etíope e de seis fileiras de grãos, com 233,3 kg ha⁻¹ (tabela 1 - APÊNDICE), mostrando a eficiência da coleção de trabalho, uma vez que foram

selecionados 435 materiais genéticos em um total de mais de 29.000 acessos (SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÕES EM RECURSOS GENÉTICOS, 2011).

Para classificação comercial de grãos de primeira (CLASS1), 28 acessos colombianos de seis fileiras de grãos figuraram entre os de melhor desempenho, entretanto o mais alto (95%) foi alcançado pelo acesso marroquino CI 09959, que apresentou ainda a menor classificação comercial de segunda (3%). Na cevada irrigada do Cerrado, a classificação de grãos deve situar-se acima de 80% (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e). Do material testado, 16% dos acessos ficaram dentro do intervalo ideal (tabela 1 - APÊNDICE), revelando que o programa de melhoramento genético pode se valer dos mesmos como fontes de genes, para obtenção de progênies com melhor classificação comercial. Em média, a classificação comercial de primeira foi de 56,7%, com cerca de um terço dos acessos situando-se abaixo dos 50%. O acesso CI 09459 revelou apenas 2% de grãos de primeira classe, valor nunca antes obtido no Cerrado (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e). Com 20% de seus grãos de segunda classe, fica demonstrada sua inaptidão para produzir malte. A maior classificação comercial de segunda (CLASS2) foi de 60%, alcançado por CI 11622 BALKAN 1942-922 (tabela 1 - APÊNDICE).

O peso de mil sementes (PMS), importante característica em melhoramento de cevada (AHMAD *et al.*, 2008; SETOTAW *et al.*, 2010), variou entre 21,0 g (CI 09459) e 65,0 g (CI 12577), com média de 38,7 g, abaixo do valor médio das testemunhas (39,2 g). Os acessos estudados reportaram valores mínimo, médio e máximo de 3,7 cm (PI 371464 2110B e CI 12997 SEKITORI KII), 6,74 cm e 12,6 cm (CI 06450 OZIER Y) para tamanho de espiga (TE), e 14,4 (CI 07100), 46,7 e 76,8 (CI 13655 PURPLE NUDUM B24) para grãos por espiga (GE), respectivamente (tabela 1 - APÊNDICE). A amplitude expressada entre os valores máximo e mínimo de TE (8,9 cm) e de GE (62,4) evidenciam variabilidade genética, refletida pelo fenótipo, na coleção de trabalho, reconhecido também por Ahmad *et al.* (2008) e Setotaw *et al.* (2010). Em GE, essa variação pode estar ligada ao número de afilhos (WINDES *et al.*, 2011), mas não necessariamente o aumento no número de grãos por espiga afetará o rendimento de grãos (SIMMONS *et al.*, 1981).

Com relação à altura de plantas (ALT), os acessos apresentaram valores no intervalo de 40 cm (CI 07100, CI 15536 IV 363 UC SIGNAL e CI 02082 WHITE SMYRNA) a 95 cm (MCU 3461 PI 401939, CI 12585, MCU 3469 PI 401947 e CI 07210 ABYSSINIAN 24), com 72,2 cm em média (tabela 1 - APÊNDICE). O melhoramento de cevada para o Cerrado busca

cultivares de pequeno porte, altamente produtivos e com qualidade de grãos, priorizando uma adequada arquitetura de plantas, com colmos mais grossos e entrenós próximos (SAKAMOTO & MATSUOKA, 2004; AMABILE *et al.*, 2011b). Dentre os acessos estudados, poucos não apresentaram essa característica (14%), comprovando o grande potencial dos acessos para compor blocos de cruzamentos.

Acamamento (ACAM) é muito importante em cevada, sendo diretamente relacionado a qualidade e rendimento, podendo gerar prejuízo ao agricultor (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; MANJUNATHA *et al.*, 2007). Neste estudo, aproximadamente metade dos genótipos demonstrou-se completamente ereto, apesar de o caráter não ter sido incluído na pré-seleção. Essa informação, aliada aos outros parâmetros genéticos, como a herdabilidade, traduz-se em ganhos quantitativos quando incorporadas ao melhoramento (POEHLMAN & SLEPER, 1995; MOHAMMADI & PRASANNA, 2003).

O caráter dias para espigamento (ESP) apontou o acesso CI 10389 como mais precoce. Originário da Etiópia, com 38 dias, em contraste com 95 dias para os acessos tardios CI 14146 e CI 10670, etíope e iraniano, respectivamente (tabela 1 - APÊNDICE). É interessante salientar que CI 14146 é um dos segregantes de hibridações realizadas no país na década de 1920, ao passo que CI 10389 foi coletado na província de Shewa no ano de 1955 e sofreu processos de seleção natural (NATIONAL GENETIC RESOURCES PROGRAM, 2012). A grande variabilidade genética presente em linhagens etíopes foi ressaltada por Negassa (1985), Demissie & Bjørnstad (1996), Allemayehu & Labuschagne (2004) e Setotaw *et al.* (2010). Em cevada irrigada no Cerrado, buscaram-se ciclos de produção mais curtos, assegurando o processo fisiológico completo da planta (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e). Mais da metade dos genótipos se enquadram no valor preestabelecido como ideal para cevada.

A área da folha bandeira (AFBAND) variou entre 1,72 cm² (CI 10075 YORK) a 30,54 cm² (CI 07210 ABYSSINIAN 24) (tabela 1 - APÊNDICE). A média apresentada pelos genótipos (9,29 cm²) foi superior à das testemunhas (7,90 cm²), mostrando diversidade dos acessos, um aspecto positivo na coleção de trabalho, uma vez que esta característica está relacionada com a produção (THORNE, 1965; YAP & HARVEY, 1972; TUNGLAND *et al.*, 1987) e com a síntese de carboidratos dos cereais (SICHER, 1993).

O teor de proteína variou de 10,68% (CI 13015) a 24,14% (CI 14146) (tabela 1 - APÊNDICE). Grãos com baixo teor são fundamentais para a qualidade do malte e,

consequentemente, a produção de cerveja (BRASIL, 1996; MORAL *et al.*, 1998; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011). Neste experimento, aproximadamente 6% dos acessos reportaram valores abaixo do índice recomendado, evidenciando efeitos de variáveis climáticas, como picos de temperatura e baixa umidade relativa do ar, comuns no inverno do Cerrado do Distrito Federal, como condicionantes de maior teor de proteína (CHAPMAN & CARTER, 1976; CORRELL *et al.*, 1994; PASSARELLA *et al.*, 2005). Alta porcentagem de proteína em grãos de cevada é característica de variedades voltadas à alimentação, portanto pode-se inferir que o acesso CI 14146 tenha essa finalidade (LEISTRUMAITE *et al.*, 2010). Mesmo assim, cevada com proteína elevada pode ser aproveitada em *blends* de malte, formando malte adequado para utilização em cervejarias.

A porcentagem de classes fenotípicas de caracteres categóricos e quantitativos para os 47 países é apresentada na tabela 2. Cevada hexástica predominou em todas as localidades, sendo maioria em 68% das origens avaliadas. A cevada de duas fileiras de grãos dominou nas procedências da Alemanha (70%), Áustria (100%), Bélgica (100%), Brasil (88%), Dinamarca (75%), Eslovênia (100%), França (100%), Inglaterra (100%), República Tcheca (100%), Romênia (100%), Suécia (83%) e Suíça (60%). A maior proporção de espigas irregulares ocorreu para os acessos provenientes da Dinamarca (25%), seguida pela Etiópia (7%) e EUA (2%). A maioria dos acessos possui grãos de coloração creme. Os grãos pretos são descritos em genótipos argentinos, chineses, húngaros, ingleses, iranianos, iraquianos e etíopes, sendo este o único que exhibe grãos vermelhos. Quanto à aderência de pálea e lema ao grão, foram observados grãos nus procedentes de apenas 11 países, sendo que a maior proporção deles ocorreu entre os genótipos brasileiros (75%). Os materiais genéticos colombianos foram detentores dos melhores rendimentos, sendo que 57% dos 76 acessos testados reportaram resultados superiores a 4.500 kg ha⁻¹ e, exceto a baixa classificação comercial de primeira, apontaram excelentes valores para as outras características agrônômicas de interesse, como altura (78%), acamamento (74%), dias para espigamento (95%) e teor de proteína (63%). Os acessos etíopes descreveram ampla variabilidade, com materiais genéticos figurando em todas as classes fenotípicas avaliadas, sobrepujando a grande variabilidade genética deste local, considerado um dos centros de origem do cereal (VAVILOV, 1951 *apud* POEHLMAN, 1959; NEGASSA, 1985; DEMISSIE & BJØRNSTAD, 1996; ALLEMAYEHU & LABUSCHAGNE, 2004; SETOTAW *et al.*, 2010).

As distâncias genéticas entre os pares de acessos variaram de 0,025 a 0,572, com média de 0,256. A menor distância foi obtida entre os acessos CI 15356 JEBALI 1234-170 e CI 15335 JEBALI 4138-105 (cevadas de seis fileiras de grãos, com pálea e lema aderidos à semente de coloração creme, provenientes da Tunísia) enquanto os acessos CI 10114 CARLSBERG II (dística, de grãos creme, cobertos e originário da Dinamarca) e PI 356466 E 362/2 (nua hexástica de coloração preta, etíope) formaram o par mais divergente. Como as distâncias genéticas foram obtidas com base em componentes de rendimento de grãos (YAP & HARVEY, 1972), acredita-se que essas informações possam ser úteis para apoio ao melhoramento genético da cevada, pois permitem predizer as melhores combinações híbridas entre os prováveis genitores, uma vez que é esperado que acessos divergentes, porém com elevado potencial agrônômico, apresentem genes ou combinações gênicas diferentes controlando o caráter, e que essas possam vir a ser combinadas, culminando em populações segregantes superiores.

Foram formados 18 grupos distintos (tabela 3). O grupo I foi o mais numeroso, constituído por 291 acessos, ao passo que os grupos XIV, XV, XVI, XVII e XVIII tiveram apenas um acesso cada, sendo eles CI 07100, CI 07291 KRASNOYARSKI 74, CI 09459, CI 13704 e CI 13655 PURPLE NUDUM B24, respectivamente. As distâncias intragrupos variaram de 0,13 (grupo VI) a 0,22. O grupo VII destacou-se como possuidor das maiores divergências. Pelas distâncias intergrupos foram encontradas maiores dissimilaridades entre os grupos XVI e XVII (0,49) e o VII e XVII (0,48), com menores valores nos grupos IX e XV (0,24) e I e IX (0,24). Dentre os mais divergentes, destacam-se as distâncias entre o acesso CI 13704 e os acessos CI 09940 (0,56803), CI 09459 (0,49172), PI 370799 179A (0,51497), CI 07650 (0,53279), CI 12453 KAMAMUGI (0,53975) e CI 09976 (0,52515), evidenciando diversidade entre eles.

O primeiro grupo (tabela 3) foi formado apenas por acessos de coloração creme, hexásticos – com exceção de CI 15278 JEBALI 1206-7, CI 15281 3102-16 e CI 15280 2728-25, com espigas de duas e seis fileiras de grãos independentes de sua origem, evidenciando grande divergência entre acessos da mesma procedência. Contempla 291 acessos (66,9%), inclusive a testemunha BRS 180, provenientes de todos os continentes e dos seguintes países: Rússia, Portugal, Sérvia, Hungria, Grécia, Alemanha, Croácia, Suíça, Macedônia, Chipre, Bulgária, Suécia, Bósnia e Herzegovina, Turquia, Índia, China, Irã, Coreia do Sul, Mongólia, Afeganistão, Japão, Tunísia, Argélia, Etiópia, Marrocos, Egito, Austrália, EUA, Argentina,

Canadá, Colômbia, México, Peru e Brasil. Os materiais genéticos que constituem o grupo I apresentaram baixo coeficiente de variação (CV) para PMS, TE, ALT, ESP e PROT, variando entre 25,5 a 54,0 g para o primeiro, 4,0 a 9,6 cm para o segundo, 40 a 95 cm para ALT, 44 a 78 dias para o quarto e 10,69 a 20,68% para o último. As médias para ALT e ESP são comparáveis ao obtido em outros trabalhos (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e), sendo estas de 72,3 cm e 58,7 dias, respectivamente. O rendimento médio do primeiro agrupamento (3.785,4 kg ha⁻¹) encontra-se acima do rendimento médio nacional (3.100,0 kg ha⁻¹) (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2011; FAOSTAT, 2012). Além disso, o genótipo de seis fileiras mais produtivo (CI 10022) e o de menor porte de plantas (CI 15536 IV 363 UC SIGNAL) encontram-se neste conjunto, podendo ser utilizados em hibridações futuras dentro do programa de melhoramento de cevada irrigada para o Cerrado. O grupo também contém a testemunha BRS 180, revelando pontos comuns entre acessos a serem aproveitados em programas de melhoramento genético. Espera-se complementaridade por características diferenciais, ampliando-se as oportunidades de recombinações favoráveis sem prejudicar as demais características, como ocorre quando determinada fonte de resistência à doença são parentais silvestres da cevada.

O grupo II é o segundo maior grupo formado, com 46 acessos provenientes do Irã, EUA, Áustria, Suécia, Austrália, Canadá, Iugoslávia, Alemanha, Bélgica, Suíça, Dinamarca, França, República Tcheca, Sérvia, Hungria, Japão, Eslovênia e Brasil. Neste predominam genótipos com duas fileiras de grãos e coloração creme e altura média satisfatória para o Cerrado irrigado (AMABILE *et al.*, 2011b). São observados baixos CV para PMS, TE, GE, ALT, ESP e PROT. Os melhores resultados em cevada dística para os parâmetros analisados se incluem neste grupo, com produtividade de 6.441,7 kg ha⁻¹ (PI 371091 1026B), 94% dos grãos de primeira classe (PI 370899 532C), altura de 40 cm (CI 02082 WHITE SMYRNA), espigamento aos 51 dias (CI 11407) e teor de proteína de 13,3% (CI 15039). A testemunha BRS 195 enquadra-se neste agrupamento.

O grupo III (tabela 3) reuniu 22 genótipos, sendo 20 deles oriundos da Etiópia, aproximadamente 30% de todos os acessos etíopes. O restante pertence à Argentina e à China, todos com espigas hexásticas, exceto CI 13048, caracterizado como número de fileiras de grãos irregular. Observou-se a variabilidade quanto à cor do grão, pois foram encontrados grãos creme, pretos e vermelhos no grupo. Os menores coeficientes de variação foram

descritos em CLASS2, PMS, TE, ALT, ESP e PROT. O acesso hexástico mais precoce colhido no experimento (CI 10389) foi alocado nesse grupo.

No quarto grupo (tabela 3) encontra-se o acesso mais tardio (CI 10670), com valores médios de rendimento ($2116,3 \text{ kg ha}^{-1}$) inferiores à média nacional (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2011; FAOSTAT, 2012). Além disso, os valores médios de CLASS1 (18,1%), ESP (67,7 dias) e PROT (17,1%) estão aquém do almejado para cevada (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011). No conjunto, o grupo contém os acessos menos favoráveis ao melhoramento genético de cevada para o Cerrado. São eles procedentes do Irã, EUA, Índia, Turquia, Rússia, China, Canadá, Grécia, Iugoslávia, Alemanha, Suíça, Coreia do Sul, Hungria e Mongólia, 21 deles com seis fileiras de grãos e um dístico (CI 06779), todos com grãos de coloração creme.

Os acessos do grupo V (tabela 3) apresentaram, em médias, melhor rendimento de grãos ($4.647,6 \text{ kg ha}^{-1}$), classificação comercial (88,1%) e espigamento (55,9 dias), além de altura de plantas favorável ao cultivo (66,4 cm) e teor de proteína que atenda a demanda cervejeira (13,2%) (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011). O grupo foi composto por sete acessos hexásticos com grãos creme, originários do Irã, Índia, Colômbia, Marrocos, Itália e Afeganistão, tendo um deles logrado a maior classificação de grãos dentre todos os outros do experimento (CI 09959).

Os grupos VI e VII (tabela 3) agregam as cevadas nuas, sendo que no VI elas são dísticas de coloração creme e no VII hexásticas de cor creme e preta (CI 09977, PI 356466 E 362/2 e PI 356474 E 363/3). Ambos apresentam altura dentro do intervalo almejado, porém com teor de proteína superior a 13% (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011) e rendimento abaixo da média nacional, sendo que no sétimo grupo os acessos apresentam rendimento médio comparativamente mais elevado. Contudo, a média para espigamento (59,7 dias) foi satisfatória, não apresentando acamamento, sendo formado por seis genótipos brasileiros e um romeno, enquanto no sétimo têm-se acessos provenientes da Índia, Etiópia, China, Suíça, Mongólia e Japão.

O oitavo grupo (tabela 3) foi formado por seis acessos etíopes de coloração creme, sendo quatro deles de seis fileiras de grãos e dois irregulares. Apesar de apresentar

rendimento médio superior à média nacional (3.406,9 kg ha⁻¹) (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2011; FAOSTAT, 2012) e o acesso com menor teor de proteína dentre os demais – acesso 73 com 10,68%, o conjunto não exhibe vantagem do ponto de vista do melhoramento genético para o ambiente irrigado, uma vez que a maioria apresentou ciclo tardio, acamamento acentuado e teor de proteína elevado.

Os genótipos do grupo IX (tabela 3) são originários da Turquia, África do Sul e Polônia. Apesar do teor de proteína e altura das plantas satisfatórios no ambiente estudado (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011), apenas um dos cinco acessos demonstrou acamamento inferior a 100% (CI 06450 OZIERY). Entretanto, mesmo com acamamento elevado, os acessos, com exceção do CI 11264 (1.050,0 kg ha⁻¹), detiveram rendimento médio de grãos superior à média nacional e mundial (3.471,1 kg ha⁻¹).

Os grupos X e XI (tabela 3) são compostos por três materiais genéticos cada um, com número irregular de fileiras de grãos na espiga no primeiro e hexásticos no segundo. Além da diferença entre número de fileiras de grãos, a coloração do grão também diverge, sendo creme no décimo e preto no décimo primeiro. Ademais, o grupo X demonstra rendimento superior aos demais, com 4.500,0 kg ha⁻¹ em média. As cevadas deste grupo são procedentes da Etiópia, Estados Unidos e Dinamarca, e no XI do Irã, Hungria e Iraque. Em ambos, a altura, o espigamento e o teor de proteína encontram-se no intervalo desejável ao cultivo no Cerrado (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e; BRASIL, 1996; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011).

Os grupos XII e XIII (tabela 3) apresentam dois acessos em cada. No primeiro elas são nuas, com duas fileiras de grãos creme em cada espiga, provenientes da Etiópia e Polônia, e completamente acamadas, apesar da altura média próxima do desejável (73,0 cm) (AMABILE *et al.*, 2011b). No segundo, são hexásticos de sementes creme, etíope e canadense. Os teores de proteína bastante elevados, a baixa produtividade e o caráter tardio fazem deste grupo o menos favorável ao uso em blocos de cruzamentos visando linhagens superiores no Cerrado.

Os acessos CI 07100, CI 07291 KRASNOYARSKI 74, CI 09459, CI 13704 e CI 13655 PURPLE NUDUM B24 formaram isolados os grupos XIV, XV, XVI, XVII e XVIII (tabela 3), respectivamente, sendo o material genético CI 07100 um dos três menores do experimento, junto a CI 15536 IV 363 UC SIGNAL e CI 02082 WHITE SMYRNA (40 cm) e o CI 09459 o detentor da menor classificação comercial de grãos de primeira (2%).

A projeção das distâncias no plano permitiu observar a dispersão dos acessos em função das características qualitativas, do agrupamento pelo método de Tocher e das características agronômicas de interesse para o Cerrado.

Examinando a figura 1, conclui-se que método de otimização de Tocher foi coerente na separação dos grupos, pois há uma proximidade gráfica entre os acessos em cada grupo, reforçando a confiabilidade nos dados gerados e corroborando a divergência genética existente na coleção pesquisada e evidenciando o potencial uso desses acessos em programas de melhoramento.

O gráfico contendo a dispersão das origens geográficas no plano cartesiano (figuras 2 e 3) aponta certa proximidade entre alguns genótipos de mesma origem, a destacar os etíopes, tunisianas, colombianos e brasileiros. A distribuição de alguns acessos de mesma origem ocorreu de forma dispersiva, evidenciando divergência para local de origem (CROSS, 1994; AHMAD *et al.*, 2008). O não agrupamento da maioria dos acessos em função de sua procedência geográfica pode ser explicado pelo uso de caracteres agronômicos para estimar as dissimilaridades genéticas, variáveis complexas e dependentes de grande expressão gênica, com efeito ambiental (CECARELLI *et al.*, 2007). Esses resultados demonstram que cruzamentos entre os acessos mais divergentes podem proporcionar aumento na variabilidade e, possivelmente, a obtenção de indivíduos superiores.

Na figura 1 (APÊNDICE) visualiza-se a formação de dois grupos distintos em função do número de fileiras de grãos na espiga. A grande maioria dos acessos (hexásticos) encontra-se no centro do gráfico, ao passo que na parte superior esquerda concentram-se os genótipos de duas fileiras de grãos. Há ainda as cevadas de número de fileiras de grãos irregular, incluídas entre as cevadas dísticas e hexásticas. Assim foram consideradas por demonstrarem espigas de duas e seis fileiras de grãos em um mesmo genótipo (GYMER, 1978). Apenas três materiais genéticos irregulares, originários da Tunísia (CI 15278 JEBALI 1206-7, CI 15281 3102-16 e CI 15280 2728-25), não estão dispostos desta forma e encontram-se na parte inferior do gráfico.

Com relação à cor do grão, há uma distribuição dos acessos pretos e cremes por todo o gráfico. Já as vermelhas apresentam-se próximas umas às outras (figura 2 - APÊNDICE). As cevadas nuas ocupam a parte superior do gráfico, demonstrando que existe uma diferença substancial entre elas e as cevadas com pálea e lema aderidos ao grão (figura 3 - APÊNDICE).

Os gráficos de dispersão referentes às características agronômicas de interesse (figuras 4, 5, 6, 7, 8 e 9 - APÊNDICE) comprovam a profusa diversidade genética existente na coleção de trabalho. A análise visual das imagens indica que tais características estão distribuídas ao longo do gráfico de dispersão. Assim, a diversidade pode ser amplamente explorada, utilizando diferentes acessos que permitam elevar a eficiência do melhoramento genético, por meio de blocos de cruzamentos direcionados à combinação de características de interesse em cevada cervejeira irrigada no Cerrado.

Considerando que a análise multivariada possibilita a predição da heterose, alguns cruzamentos podem ser sugeridos seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características agronômicas (SUDRÉ *et al.*, 2005). Neste sentido, o índice de seleção baseado na distância em relação ao ideótipo (tabela 4) auxilia na recomendação dos genótipos mais promissores para esta finalidade e, baseado na dissimilaridade entre eles (tabela 5), de hibridações com maior possibilidade de obtenção de genótipos superiores, explorando seu potencial heterótico. Os cinco materiais genéticos mais similares ao ideótipo foram: 1º. MCU 3502 PI 401980, 2º. CI 09962, 3º. CI 15560 QB 136-4-1, 4º. CI 10256 e 5º. MCU 3870 PI 402348, estando o primeiro incluído no grupo V e os demais no grupo I. A presença da cultivar BRS 180 como a 14º mais próxima do ideótipo indica eficiência de seleção (AMABILE *et al.*, 2011a; b; c; d; e). Porém, este trabalho demonstrou que novos acessos podem aumentar a sinergia do melhoramento. Dessa forma, o uso da diversidade genética caracterizada neste experimento é fundamental para a manutenção e o aumento da competitividade do mercado agrícola da cevada no Brasil.

A análise da matriz de distâncias genéticas dos 30 acessos mais próximos ao ideótipo (tabela 5) permite a predição de qual cruzamento possibilitará maior chance de sucesso na obtenção de variedades superiores, baseando-se no potencial heterótico e complementaridade alcançada a partir da hibridação dos genótipos mais divergentes. Assim, tem-se que o par mais divergente é composto pelos acessos MCU 3502 PI 401980 e CI 02082 WHITE SMYRNA, pertencentes aos grupos V e II respectivamente, seguido por GALOVER (C A N 1126) PI 361636 x MCU 3700 PI 402178 e MCU 3502 PI 401980 (grupos X, I e V, respectivamente), CI 02082 WHITE SMYRNA x CI 15591 QB 139-1 e MCU 3469 PI 401947 (grupos II, I e I, respectivamente). Os pares de acessos mais similares foram CI 15560 QB 136-4-1 e CI 15580 QB 136-41, ambos canadenses e agrupados no primeiro grupo, MCU

3852 PI 402330 e MCU 3478 PI 401956, MCU 3484 PI 401962 e MCU 3452 PI 401930, todos colombianos do grupo I.

6. Conclusões

Existe grande diversidade genética entre os acessos de cevada, evidenciada nos 18 grupos distintos, independentemente da origem dos genótipos.

Os genótipos CI 09952, CI 09960, CI 09961, CI 09962, CI 10256, CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS, CI 13626 ARIMAR, MCU 3478 PI 401956, MCU 3484 PI 401962, MCU 3556 PI 402034, MCU 3592 PI 402070, MCU 3654 PI 402132, MCU 3719 PI 402197, MCU 3816 PI 402294, MCU 3827 PI 402305, MCU 3852 PI 402330 e MCU 3865 PI 402343 possuem características agrônômicas de interesse, reunindo produtividade acima de 4.000,0 kg ha⁻¹, classificação comercial de primeira superior ou igual a 80%, altura menor ou igual a 80 cm, resistência ao acamamento, espigamento precoce em até 60 dias e teor de proteína inferior a 15%.

Genótipos selecionados por dissimilaridade podem ser inter cruzados para obtenção de populações segregantes que permitem gerar linhagens superiores para o Cerrado. O cruzamento entre MCU 3502 PI 401980 e CI 02082 WHITE SMYRNA pode possibilitar maior efeito heterótico e complementaridade dentre os acessos mais similares ao ideótipo.

A aplicação do método de Tocher é eficiente para agrupamento em conjuntos com grande número de acessos, complementando as análises multivariadas.

Tabela 1. Quadrados médios (QM) de genótipos (g), testemunhas (t) e erro (e), valor de F para genótipos e testemunhas, valor mínimo e máximo, médias de genótipos e testemunhas para cada parâmetro avaliado para 435 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010⁽¹⁾.

Parâmetros		Caracteres										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM ⁽²⁾	ESP	AFBAND	PROT
QM	g	2.275.806,93	490,05	173,82	35,47	2,18	168,53	91,08	0,00	53,31	26,37	4,51
	t	34.848.076,30	653,33	197,63	95,05	2,41	11.952,05	1.032,53	0,00	1.009,20	248,03	161,33
	e	442.276,18	132,10	40,92	6,36	0,68	25,96	50,62	0,00	1,15	1,25	1,04
F	g	5,14**	3,71**	4,25**	5,58**	3,20**	6,49**	1,80*	29,92**	46,26**	21,09**	4,32**
	t	78,79**	4,95*	4,83*	14,95**	3,53 ^{NS}	460,46**	20,40**	2,15 ^{NS}	875,75**	198,44**	154,68**
Mín		233,3	2	3	21,0	3,7	14,4	40	0,0	38	1,72	10,68
Máx		9108,3	95	60	65,0	12,6	76,8	95	0,1	95	30,54	24,14
Média	g	3.527,42	56,68	32,04	38,70	6,74	46,68	72,24	0,04	60,46	9,29	15,84
	t	3.986,12	75,00	19,57	39,21	7,90	43,84	69,00	0,00	63,47	7,90	14,45

¹ Rendimento de grãos (REND). Classificação Comercial de 1º (CLASS1) e de 2º (CLASS2). Peso de 1000 Sementes (PMS). Tamanho de espiga (TE). Grãos por espiga (GE). Altura de plantas (ALT). Grau de acamamento (ACAM). Espigamento (ESP). Área da folha bandeira (AFBAND). Teor de proteína (PROT).

² Dados transformados em $\arcsen x^{0.5} \cdot 100^{-1}$, onde x = ao valor, em %, do acamamento

** significativos a 1%, * significativos a 5% de probabilidade pelo teste F e NS não significativo.

Tabela 2. Porcentagem de classes fenotípicas para características qualitativas⁽¹⁾ e quantitativas⁽²⁾ em função da origem de acessos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

Origem	Características																				Nº de acessos
	NFGRÃO			COR			NUA		REND		CLASS1		ALT		ACAM		ESP		PROT		
	2	6	Irr	Cre	Pre	Ver	S	N	≥4.500	<4.500	≥80	<80	≤80	>80	= 0	> 0	≤60	>60	<15	≥15	
Afganistão	0	100	0	100	0	0	0	100	43	57	0	100	100	0	43	57	43	57	43	57	7
África do Sul	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	100	0	1
Alemanha	70	30	0	100	0	0	0	100	10	90	20	80	90	10	80	20	50	50	20	80	10
Argélia	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	0	100	1
Argentina	0	100	0	83	17	0	0	100	0	100	17	83	100	0	17	83	34	66	34	66	6
Austrália	50	50	0	100	0	0	25	75	0	100	25	75	100	0	25	75	25	75	25	75	4
Áustria	100	0	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	100	0	33	67	0	100	3
Bélgica	100	0	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	100	0	0	100	100	0	1
Bósnia e Herzegovina	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	0	100	1
Brasil	88	12	0	100	0	0	75	25	13	87	13	87	100	0	100	0	75	25	25	75	8
Bulgária	0	100	0	100	0	0	0	100	100	0	0	100	100	0	100	0	100	0	100	0	1
Canadá	6	94	0	100	0	0	0	100	35	65	18	82	76	24	69	31	53	47	41	59	17
China	0	100	0	92	8	0	8	92	0	100	0	100	100	0	38	62	23	77	23	77	13
Chipre	0	100	0	100	0	0	0	100	100	0	0	100	100	0	0	100	100	0	0	100	1
Colômbia	0	100	0	100	0	0	0	100	57	43	36	64	78	22	74	26	95	5	63	37	76
Coréia do Sul	0	100	0	100	0	0	20	80	20	80	0	100	100	0	0	100	100	0	40	0	5

Tabela 2. Continuação...

Origem	Características																				Nº de acessos
	NFGRÃO			COR			NUA		REND		CLASS1		ALT		ACAM		ESP		PROT		
	2	6	Irr	Cre	Pre	Ver	S	N	≥4.500	<4.500	≥80	<80	≤80	>80	= 0	> 0	≤60	>60	<15	≥15	
Croácia	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	50	50	2
Dinamarca	75	0	25	100	0	0	0	100	50	50	25	75	75	25	75	25	25	75	75	25	4
Egito	0	100	0	100	0	0	0	100	50	50	0	100	100	0	0	100	100	0	100	0	2
Eslovênia	100	0	0	100	0	0	0	100	0	100	100	0	100	0	100	0	0	100	0	100	1
Etiópia	1	92	7	73	21	6	10	90	24	76	9	91	79	21	36	64	30	70	14	86	70
EUA	9	89	2	100	0	0	0	100	24	76	15	85	84	16	52	48	41	59	50	50	54
França	100	0	0	100	0	0	0	100	0	100	33	67	67	33	100	0	100	0	0	100	3
Grécia	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	20	80	0	100	40	60	5
Hungria	17	83	0	83	17	0	0	100	0	100	17	83	83	17	50	50	0	100	0	100	6
Índia	0	100	0	100	0	0	9	91	9	91	9	91	100	0	36	64	55	45	55	45	11
Inglaterra	100	0	0	0	100	0	0	100	100	0	100	0	100	0	0	100	100	0	0	100	1
Irã	0	100	0	95	5	0	0	100	37	63	18	82	88	12	42	58	74	26	47	53	19
Iraque	0	100	0	0	100	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	100	0	100	0	1
Itália	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	100	0	1
Iugoslávia	50	50	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	50	50	0	100	0	100	2
Japão	17	83	0	100	0	0	50	50	17	83	17	83	100	0	50	50	33	67	33	67	6

Tabela 2. Continuação...

Origem	Características																				Nº de acessos
	NFGRÃO			COR			NUA		REND		CLASS1		ALT		ACAM		ESP		PROT		
	2	6	Irr	Cre	Pre	Ver	S	N	≥4.500	<4.500	≥80	<80	≤80	>80	= 0	> 0	≤60	>60	<15	≥15	
Macedônia	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	100	0	0	100	0	100	1
Marrocos	0	100	0	100	0	0	0	100	60	40	60	40	100	0	20	80	60	40	60	40	5
México	0	100	0	100	0	0	0	100	100	0	0	100	100	0	0	100	100	0	100	0	1
Mongólia	0	100	0	100	0	0	25	75	0	100	0	100	75	25	50	50	0	100	0	100	4
Peru	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	100	0	0	100	0	100	1
Polônia	33	67	0	100	0	0	33	67	67	33	0	100	100	0	0	100	67	33	100	0	3
Portugal	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	0	100	0	100	0	100	0	100	1
República Tcheca	100	0	0	100	0	0	0	100	50	50	50	50	100	0	50	50	0	100	50	50	2
Romênia	100	0	0	100	0	0	100	0	0	100	0	100	100	0	100	0	0	100	0	100	1
Rússia	0	100	0	100	0	0	0	100	50	50	25	75	75	25	50	50	50	50	25	75	4
Sérvia	50	50	0	100	0	0	0	100	0	100	0	100	100	0	0	100	0	100	0	100	2
Suécia	83	17	0	100	0	0	0	100	17	83	17	83	83	17	67	33	17	83	0	100	6
Suíça	60	40	0	100	0	0	7	93	20	80	20	80	67	33	53	47	33	67	13	87	15
Tunísia	0	90	10	100	0	0	0	100	26	74	0	100	100	0	6	94	97	3	58	42	31
Turquia	0	100	0	100	0	0	0	100	0	100	13	87	93	7	7	93	33	67	13	87	15

¹ Número de fileiras de grãos (NFGRÃO), Irr = Irregular. Cor do grão (COR), Cre = Creme; Pre = Preto; Ver = Vermelho. Aderência da pálea e lema ao grão (NUA), S = cevada nua; N = pálea e lema aderidos ao grão.

² Rendimento de grãos (REND – kg ha⁻¹). Classificação Comercial de 1ª (CLASS1 - %). Altura de plantas (ALT - cm). Grau de acamamento (ACAM - %). Dias para o espigamento (ESP - dias). Teor de proteína (PROT - %).

Tabela 3. Agrupamento dos 435 acessos de cevada pelo método de otimização de Tocher, utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos. Médias, desvios padrão (DesvPad) e coeficiente de variação (CV - %) para os caracteres quantitativos rendimento estimado de grãos (REND – kg ha⁻¹), classificação comercial de primeira (CLASS1 - %) e de segunda, (CLASS2 - %), peso de 1000 sementes (PMS - g), comprimento da espiga (TE - cm), número de grãos por espiga (GE), altura de plantas (ALT - cm), grau de acamamento (ACAM - %), dias para o espigamento (ESP), área da folha bandeira (AFBAND - cm²) e teor de proteína (PROT - %) para cada grupo formado. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

GRUPO	ACESSO
1	<p>CI 01087 NANI TAL, CI 01577 AKER, CI 01592 YALE, CI 01603 IRELAND, CI 01641 MOCHA, CI 01672 OAC 7, CI 01694 EARLY SIX, CI 03086 AUSTRIAN EARLY, CI 05913 STAVROPOL, CI 06012 DEPUTY, CI 06014, CI 06040 KECK, CI 06044 SMITH, CI 06109 VELVON, CI 06147, CI 06188, CI 06189 AUGUSTIFOLIA, CI 06194 CEBADA COMUN, CI 06218, CI 06239 IOGLOS, CI 06241 V H 264, CI 06242, CI 06247, CI 06249, CI 06312 FLYNN NEBRASKA 107, CI 06370, CI 06417 HEINES VIERZEILIGE, CI 06832 SHORT AWNS, CI 06904, CI 06946, CI 07005, CI 07126, CI 07135, CI 07146 CASCADE, CI 07156, CI 07255, CI 07416 DANG - BARI 42, CI 07555 ENGLEADOW INDIA, CI 07607, CI 07608, CI 07772, CI 07808, CI 07845, CI 07869, CI 07909, CI 07929, CI 08053 CUSTER, CI 08330 MAROCAINE 021, CI 08332 MAROCAINE 071, CI 08449, CI 08814, CI 09199, CI 09202, CI 09882 GONDAR, CI 09952, CI 09954, CI 09960, CI 09962, CI 09983, CI 09984, CI 10016 RASPA, CI 10017 RASPA COMUN 1085, CI 10018 RASPA PRECOZ 604, CI 10021, CI 10022, CI 10027 PUNJAB, CI 10028 PUNJAB, CI 10071 WOLFE, CI 10075 YORK, CI 10077, CI 10078 ATLAS 57, CI 10121, CI 10122 MINN II-48-26, CI 10129 GENTRY HS 13035, CI 10133 AFGHANISTAN, CI 10136 B 204, CI 10140, CI 10147 SMITH E E 196, CI 10187 COPE, CI 10256, CI 10274, CI 10278, CI 10366 KUROMUGI N. 148, CI 10442 FUNZA, CI 10501 ATHENAIS S-50-34, CI 10562, CI 10599, CI 10601, CI 10602, CI 10603, CI 10604, CI 10617, CI 10624, CI 10697, CI 10722, CI 11134, CI 11246, CI 11249, CI 11263, CI 11266, CI 11270, CI 11277, CI 11282, CI 11344 CHAMPLAIN, CI 11377 BUCK 3, CI 11379 GUATRACHE ARAUCANA, CI 11404, CI 11412, CI 11449, CI 11524 PERUVIAN, CI 11531 KINDRED, CI 11619 I 5, CI 11683, CI 11989, CI 12050 S 44, CI 12129 PR 592, CI 12262, CI 12268 19, CI 12269, CI 12271, CI 12276, CI 12400 KAMA KURO, CI 12420 DUPLEX, CI 12583, CI 12585, CI 12598, CI 12624, CI 12631, CI 12666, CI 12765, CI 12879, CI 12916, CI 12918, CI 12919, CI 12920, CI 13017, CI 13034, CI 13069 IRBA MODA, CI 13100 STEVELAND, CI 13369, CI 13626 ARIMAR, CI 13683 NUMAR, CI 13711, CI 13715, CI 13755, CI 13770, CI 13824 ATLAS 68, CI 13894, CI 13895, CI 13946 H 348, CI 14032, CI 14041, CI 14238, CI 14277, CI 14278, CI 14283, CI 14857 ELS 6402-441, CI 14925 ELS 6402-512, CI 15116 52PI 344912, CI 15215 HARLAN II, CI 15245 51AB4934, CI 15277 SAFRA 1206-6, CI 15278 JEBALI 1206-7, CI 15279 2528-23, CI 15280 2728-25, CI 15281 3102-16, CI 15283 3124-9, CI 15295 DJEBALI 2318-47, CI 15296 DJEBALI 2316-57, CI 15297 FRIGUI 3246-55, CI 15300 FRIGUI 2432-49, CI 15302 1356-33, CI 15305 JEBALE 2122-119, CI 15311 HMIRA, CI 15313 DJEBALI 1124-63, CI 15315 DJEBALI 2132-67, CI 15318 3380-35, CI 15319 3248-37, CI 15322 3102-77, CI 15323 2222-79, CI 15324 2260-85, CI 15325 2244-87, CI 15326 2238-83, CI 15328 JEBALI 2176-89, CI 15332 JEBALI 3360-97, CI 15334 JEBALI 4310-103, CI 15335 JEBALI 4138-105, CI 15343 JEBALI 3220-144, CI 15347 JEBALI 5208-152, CI 15356 JEBALI 1234-170, CI 15361 JEBALI 2346-180, CI 15362 JEBALI 2344-182, CI 15506 FLX65-205-8, CI 15560 QB 136-4-1, CI 15563 QB 136-17, CI 15565 QB 136-20, CI 15580 QB 136-41, CI 15591 QB 139-1, CI 15594 QB 139-8, CI 16493 ISOGENIC:NNLK2LK2 VVII, CI 16523 ISOGENIC: LATE NATURITY, CI 16547 ISOGENIC: NORMAL LEMMA, CI 16556 ISOGENIC: TITAN, E 557/3 PI 356622, MCU 3421 PI 401899, MCU 3429 PI 401904, MCU 3435 PI 401913, MCU 3448 PI 401926, MCU 3449 PI 401927, MCU 3452 PI 401930, MCU 3453 PI 401931, MCU 3454 PI 401932, MCU 3455 PI 401933, MCU 3457 PI 401935, MCU 3458 PI 401936, MCU 3461 PI 401939, MCU 3467 PI 401945, MCU 3469 PI 401947, MCU 3470 PI 401948, MCU 3478 PI 401956, MCU 3482 PI 401960, MCU 3484 PI 401962, MCU 3488 PI 401966, MCU 3489 PI 401967, MCU 3491 PI 401969, MCU 3493 PI 401971, MCU 3512 PI 401990, MCU 3515 PI 401993, MCU 3550 PI 402028, MCU 3555 PI 402033, MCU 3556 PI 402034, MCU 3568 PI 402046, MCU 3571 PI 402049, MCU 3576 PI 402054, MCU 3592 PI 402070, MCU 3605 PI 402083, MCU 3634 PI 402112, MCU 3635 PI 402113, MCU 3645 PI 402123, MCU 3653 PI 402131, MCU 3654 PI 402132, MCU 3656 PI 402134, MCU 3689 PI 402167, MCU 3700 PI 402178, MCU 3706 PI 402184, MCU 3719 PI 402197, MCU 3721 PI 402199, MCU 3750 PI 402228, MCU 3752 PI 402230, MCU 3766 PI 402244, MCU 3773 PI 402251, MCU 3778 PI 402256, MCU 3780 PI 402258, MCU 3813 PI 402291, MCU 3816 PI 402294, MCU 3818 PI 402296, MCU 3827 PI 402305, MCU 3832 PI 402310, MCU 3841 PI 402319, MCU 3850 PI 402328, MCU 3851 PI 402329, MCU 3852 PI 402330, MCU 3854 PI 402332, MCU 3858 PI 402336, MCU 3865 PI 402343, MCU 3870 PI 402348, MCU 3876 PI 402354, MCU 3878 PI 402356, MCU 3883 PI 402361, MCU 3884 PI 402362, PI 327910 A HOR 55/61, PI 328151 A HOR 368/31, PI 328180 A HOR 421/61, PI 328273 A HOR 528/57, PI 328937 EGYPT, PI 328958 A HOR 2502/60, PI 329126 H HOR 2325/58, PI 356412 E 273/2, PI 356414 E 273/4, PI 356434 E 310/3, PI 356437 E 2/320, PI 356491 E 384/10, PI 356495 E 3/416, PI 356697 MOR 7/6, PI 356804 WPBS/CAN 2/184, PI 370929 582C, PI 371450 2075C, CI 13957 63AB2987, CI 15536 IV 363 UC SIGNAL, BRS 180</p>

Tabela 3. Continuação...

GRUPO		ACESSO										
	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
1	Média	3785,4	59,9	31,0	38,8	6,4	49,7	72,3	39,4	58,7	8,5	15,4
	DesvPad	1478,65	18,37	12,19	4,98	1,23	10,03	9,24	43,12	6,77	4,32	1,89
	CV (%)	39	31	39	13	19	20	13	100	12	51	12
2	CI 02062 GINANE, CI 02082 WHITE SMYRNA, CI 02109 WHITE SMYRNA, CI 05960, CI 06428 LANDSORTE AUS TIROL, CI 07328 RIEGEL, CI 07785, CI 08832, CI 09874 SVANHALSKORN, CI 10010 HAISA II, CI 10082 WEIBULL S 4468, CI 10083 INGRID, CI 10114 CARLSBERG II, CI 10209 SMOOTH AWN, CI 11304 PALLAS, CI 11305 SV 02102, CI 11407, CI 11481 SWALLOW, CI 11489 HAARER ISDANIA, CI 11490 HAFNIA, CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS, CI 11527 HEIL HANNA, CI 12357 MALTWORTHY, CI 12367 BRANISOVKY, CI 13538 ECLAT, CI 13543 E 351 JABLE, CI 13574 PERFEKTA, CI 13586 KORITNICE 10, CI 13625 CENTENNIAL, CI 13645 PIRI, CI 13866 OLYMPE, CI 15039, PI 370899 532C, PI 370909 547D, PI 371091 1026B, PI 371113 1104B, PI 371443 2072E, PI 371463 2109A, PI 371464 2110B, PI 371474 2118D, PI 371478 2120A, PI 371632 CARINA, PI 371639 ROBIN, PI 379558 SATSUKI-NIJO, CI 13542 EURA, BRS 195											
		Características										
	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
Média	3353,1	68,9	25,4	38,8	8,6	26,5	73,2	15,9	64,5	7,8	17,1	
DesvPad	1263,30	15,56	11,08	3,89	1,49	5,06	10,18	31,10	4,71	3,70	1,76	
CV (%)	38	23	44	10	17	19	14	100	7	48	10	
3	CI 07210 ABYSSINIAN 24, CI 09934 LHASA 29A N. 1139, CI 10389, CI 10581, CI 11734, CI 12560, CI 12636, CI 12651, CI 12653, CI 12890, CI 13048, CI 13516, CI 13752, CI 14040, CI 14090, CI 14858 ELS 6402-442, CI 14916 ELS 6402-503, CI 14939 ELS 6402-526, CI 14969 ELS 6402-556, PI 356484 E 377/6, PI 356556 E 460/2, CI 14933 ELS 6402-520											
		Características										
	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
Média	2898,1	46,9	41,5	42,6	7,3	46,1	75,9	29,1	64,8	16,1	17,5	
DesvPad	1209,34	15,99	7,86	3,66	0,95	11,84	10,38	25,43	7,26	6,33	1,46	
CV (%)	42	34	19	9	13	26	14	87	11	39	8	
4	CI 01701 SWEDISH STAR, CI 06435 10371 Z MANDZURJI, CI 06779, CI 06954, CI 07136, CI 08222, CI 09237 SUWON N.12, CI 09898 HOHENFINOWER, CI 10670, CI 11273, CI 11505, CI 11622 BALKAN 1942-922, CI 12399 JAPANISCHE SANTOY, CI 12997 SEKITORI KII, CI 14219, CI 14237, CI 14376, CI 16528 ISOGENIC: NORMAL MATURITY, PI 371268 1850A, PI 371415 2043C, PI 371440 2072A, CI 07611											

Tabela 3. Continuação...

GRUPO		ACESSO										
4	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	2116,3	18,1	51,6	29,5	6,7	56,0	71,3	25,0	67,7	11,4	17,1
	DesvPad	1267,50	7,30	7,97	4,20	1,24	10,08	10,16	32,77	7,64	5,48	1,54
	CV (%)	60	40	15	14	18	18	14	100	11	48	9
CI 08855, CI 09958, CI 09959, CI 09961, CI 11254, CI 11684, MCU 3502 PI 401980												
5	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	4647,6	88,1	9,9	48,2	6,0	45,2	66,4	60,0	55,9	9,1	13,2
	DesvPad	2295,99	8,47	7,20	3,23	1,01	8,77	12,00	41,23	5,58	6,74	0,96
	CV (%)	49	10	73	7	17	19	18	69	10	74	7
CEVADA NUA CERRADO 1, CEVADA NUA CERRADO 2, CEVADA NUA CERRADO 3, CEVADA NUA CERRADO 4, CEVADA NUA CERRADO 5, CEVADA NUA CERRADO 6, CI 13453												
6	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	2103,6	39,4	42,9	40,7	6,1	23,8	65,6	0,0	59,7	8,2	18,4
	DesvPad	878,04	25,38	11,73	6,66	1,58	10,27	5,83	0,00	4,35	1,53	2,30
	CV (%)	42	64	27	16	26	43	9	0	7	19	12
CI 07334 EHIME - HADAKA 1, CI 07349 OITA - HADAKA, CI 07650, CI 09928 SHIGATSE N. 1056, CI 09940, CI 09973, CI 09976, CI 09977, CI 12453 KAMAMUGIPI 370799 179A, CI 12931, CI 14150, PI 356466 E 362/2, PI 356474 E 363/3												
7	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	2914,3	24,4	40,4	34,8	6,9	50,8	71,4	23,6	62,8	10,9	17,2
	DesvPad	1396,19	23,33	10,68	6,53	1,11	8,94	7,14	35,22	5,16	6,11	1,85
	CV (%)	48	95	26	19	16	18	10	100	8	56	11

Tabela 3. Continuação...

GRUPO		ACESSO										
CI 12577, CI 12878, CI 12884, CI 13015, CI 14031, CI 14997 ELS 6402-584												
8	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	3406,9	76,5	18,7	50,9	7,1	34,5	81,7	80,0	65,8	19,3	16,5
	DesvPad	1368,33	7,20	5,01	8,85	1,82	18,98	4,08	40,00	4,07	6,40	2,92
	CV (%)	40	9	27	17	25	55	5	50	6	33	18
CI 06450 OZIERY, CI 10161 L M JOSEPHSON, CI 11264, CI 12068 MAZOWIECKI, PI 329080 H HOR 1073/61												
9	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	3471,7	60,8	30,8	40,0	8,9	57,4	67,4	90,0	65,4	18,0	14,1
	DesvPad	1469,68	7,85	5,81	4,77	2,20	8,89	7,83	22,36	9,94	7,84	2,47
	CV (%)	42	13	19	12	25	16	12	25	15	43	17
CI 14712 ORANGE LEMMA, CI 14885 ELS 6402-471, PI 361636 GALOVER (C A N 1126)												
10	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	4505,6	45,7	39,0	36,2	7,1	54,0	63,3	3,3	57,3	5,7	13,1
	DesvPad	188,25	26,73	12,49	8,46	1,14	16,50	5,77	5,77	0,58	0,87	1,43
	CV (%)	4	59	32	23	16	31	9	100	1	15	11
CI 01460 DUBAS, CI 11401, CI 12419 MANFREDI M.A.G.												
11	Parâmetros	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	2708,3	41,0	34,0	35,7	6,4	49,3	80,0	50,0	60,7	8,9	14,2
	DesvPad	950,58	36,17	14,73	9,17	1,29	9,87	5,00	0,00	6,66	1,39	1,78
	CV (%)	35	88	43	26	20	20	6	0	11	16	12

Tabela 3. Continuação...

GRUPO		ACESSO										
CI 06440, CI 09969												
12	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	3112,5	38,0	44,0	40,5	10,1	22,4	73,0	100,0	64,5	13,5	18,3
	DesvPad	713,00	21,21	4,24	9,90	1,06	2,26	4,24	0,00	0,71	6,63	4,78
	CV (%)	23	56	10	24	11	10	6	0	1	49	26
CI 02674 GORDON, CI 14146												
13	Parâmetros	Características										
		REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT
	Média	458,3	76,5	22,0	43,5	6,6	40,8	67,5	0,0	82,5	10,3	21,8
	DesvPad	318,20	10,61	11,31	7,07	1,34	1,70	3,54	0,00	17,68	6,96	3,29
	CV (%)	69	14	51	16	21	4	5	0	21	68	15
14	CI 07100											
15	CI 07291 KRASNOYARSKI 74											
16	CI 09459											
17	CI 13704											
18	CI 13655 PURPLE NUDUM B24											

Tabela 4. Índice de seleção baseado na similaridade genética em relação ao ideótipo utilizando o índice de Gower por meio de 11 descritores morfoagronômicos quantitativos de 30 dos 435 materiais genéticos avaliados no experimento. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

Genótipo	Similaridade	Ranking	Origem
MCU 3502 PI 401980	0,67027	1°	Colômbia
CI 09962	0,65557	2°	Irã
CI 15560 QB 136-4-1	0,64992	3°	Canadá
CI 10256	0,64563	4°	Japão
MCU 3870 PI 402348	0,63993	5°	Colômbia
MCU 3484 PI 401962	0,6395	6°	Colômbia
CI 09961	0,63825	7°	Irã
CI 06832 SHORT AWNS	0,63446	8°	EUA
CI 15565 QB 136-20	0,6306	9°	Canadá
MCU 3556 PI 402034	0,62944	10°	Colômbia
MCU 3865 PI 402343	0,62887	11°	Colômbia
MCU 3469 PI 401947	0,62886	12°	Colômbia
MCU 3852 PI 402330	0,62711	13°	Colômbia
BRS 180	0,62608	14°	Brasil
MCU 3818 PI 402296	0,62319	15°	Colômbia
CI 02082 WHITE SMYRNA	0,62316	16°	EUA
MCU 3571 PI 402049	0,6226	17°	Colômbia
CI 15580 QB 136-41	0,62104	18°	Canadá
MCU 3719 PI 402197	0,62071	19°	Colômbia
MCU 3478 PI 401956	0,61999	20°	Colômbia
MCU 3634 PI 402112	0,6189	21°	Colômbia
MCU 3700 PI 402178	0,61635	22°	Colômbia
GALOVER (C A N 1126) PI 361636	0,61527	23°	Dinamarca
MCU 3452 PI 401930	0,61149	24°	Colômbia
CI 15591 QB 139-1	0,60935	25°	Canadá
MCU 3654 PI 402132	0,60912	26°	Colômbia
CI 07607	0,60844	27°	Índia
CI 13894	0,60821	28°	EUA
CI 13683 NUMAR	0,60815	29°	EUA
MCU 3489 PI 401967	0,60627	30°	Colômbia

Tabela 5. Matriz de dissimilaridade genética dos 30 acessos⁽¹⁾ mais próximos ao ideótipo, utilizando o índice de Gower por meio de 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	0	0,15	0,19	0,16	0,12	0,12	0,19	0,25	0,17	0,10	0,09	0,08	0,11	0,20	0,07	0,34	0,11	0,20	0,09	0,10	0,10	0,14	0,33	0,11	0,25	0,10	0,20	0,22	0,21	0,12
2		0	0,19	0,13	0,18	0,15	0,07	0,23	0,17	0,13	0,15	0,13	0,13	0,18	0,12	0,29	0,16	0,19	0,14	0,12	0,12	0,20	0,29	0,14	0,23	0,15	0,19	0,22	0,18	0,13
3			0	0,18	0,13	0,16	0,24	0,13	0,06	0,18	0,19	0,18	0,16	0,11	0,19	0,31	0,17	0,03	0,19	0,19	0,16	0,23	0,22	0,16	0,07	0,16	0,19	0,17	0,19	0,18
4				0	0,16	0,14	0,16	0,21	0,15	0,14	0,14	0,14	0,14	0,17	0,12	0,28	0,13	0,18	0,15	0,14	0,12	0,17	0,29	0,13	0,21	0,14	0,15	0,21	0,16	0,14
5					0	0,06	0,20	0,15	0,15	0,10	0,10	0,12	0,08	0,12	0,12	0,29	0,07	0,13	0,11	0,10	0,09	0,14	0,21	0,07	0,14	0,07	0,17	0,16	0,15	0,10
6						0	0,17	0,20	0,16	0,08	0,06	0,08	0,04	0,14	0,10	0,30	0,06	0,17	0,07	0,05	0,05	0,13	0,24	0,03	0,18	0,05	0,15	0,19	0,15	0,05
7							0	0,27	0,22	0,14	0,14	0,19	0,16	0,22	0,16	0,27	0,18	0,25	0,13	0,14	0,18	0,20	0,29	0,16	0,26	0,18	0,16	0,27	0,15	0,16
8								0	0,17	0,19	0,24	0,23	0,18	0,13	0,22	0,24	0,16	0,13	0,24	0,21	0,20	0,20	0,22	0,20	0,14	0,18	0,23	0,11	0,16	0,19
9									0	0,16	0,17	0,13	0,15	0,14	0,14	0,31	0,15	0,07	0,17	0,17	0,13	0,19	0,26	0,16	0,11	0,15	0,20	0,16	0,21	0,16
10										0	0,06	0,08	0,05	0,16	0,07	0,25	0,07	0,19	0,06	0,05	0,07	0,11	0,25	0,07	0,20	0,09	0,17	0,23	0,17	0,07
11											0	0,09	0,07	0,20	0,09	0,29	0,08	0,20	0,05	0,05	0,06	0,11	0,29	0,05	0,22	0,08	0,12	0,23	0,15	0,07
12												0	0,08	0,20	0,05	0,33	0,10	0,19	0,08	0,08	0,06	0,14	0,30	0,08	0,24	0,10	0,18	0,19	0,20	0,07
13													0	0,14	0,08	0,28	0,06	0,17	0,06	0,03	0,05	0,12	0,23	0,05	0,20	0,06	0,18	0,19	0,17	0,06
14														0	0,19	0,30	0,15	0,11	0,18	0,16	0,17	0,22	0,19	0,15	0,14	0,14	0,20	0,15	0,17	0,17
15															0	0,30	0,08	0,20	0,08	0,07	0,06	0,11	0,31	0,09	0,24	0,09	0,18	0,20	0,20	0,07
16																0	0,28	0,32	0,31	0,28	0,29	0,32	0,29	0,29	0,33	0,31	0,27	0,30	0,20	0,30
17																	0	0,18	0,10	0,07	0,06	0,08	0,26	0,05	0,19	0,04	0,16	0,19	0,18	0,06
18																		0	0,20	0,19	0,17	0,23	0,20	0,17	0,05	0,16	0,21	0,14	0,18	0,19
19																			0	0,04	0,08	0,12	0,28	0,05	0,23	0,08	0,16	0,21	0,16	0,07
20																				0	0,06	0,11	0,25	0,04	0,22	0,06	0,17	0,21	0,15	0,05

Tabela 5. Continuação...

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
21																					0	0,10	0,28	0,05	0,21	0,07	0,14	0,19	0,17	0,04
22																						0	0,33	0,11	0,26	0,08	0,20	0,20	0,22	0,10
23																							0	0,25	0,20	0,26	0,28	0,25	0,22	0,27
24																								0	0,20	0,05	0,14	0,19	0,14	0,05
25																									0	0,20	0,23	0,18	0,20	0,22
26																										0	0,18	0,17	0,18	0,07
27																											0	0,24	0,13	0,15
28																												0	0,12	0,22
29																													0	0,18
30																														0

¹ Acessos: 1 - MCU 3502 PI 401980; 2 - CI 09962; 3 - CI 15560 QB 136-4-1; 4 - CI 10256; 5 - MCU 3870 PI 402348; 6 - MCU 3484 PI 401962; 7 - CI 09961; 8 - CI 06832 SHORT AWNS; 9 - CI 15565 QB 136-20; 10 - MCU 3556 PI 402034; 11 - MCU 3865 PI 402343; 12 - MCU 3469 PI 401947; 13 - MCU 3852 PI 402330; 14 - BRS 180; 15 - MCU 3818 PI 402296; 16 - CI 02082 WHITE SMYRNA; 17 - MCU 3571 PI 402049; 18 - CI 15580 QB 136-41; 19 - MCU 3719 PI 402197; 20 - MCU 3478 PI 401956; 21 - MCU 3634 PI 402112; 22 - MCU 3700 PI 402178; 23 - GALOVER (C A N 1126) PI 361636; 24 - MCU 3452 PI 401930; 25 - CI 15591 QB 139-1; 26 - MCU 3654 PI 402132; 27 - CI 07607; 28 - CI 13894; 29 - CI 13683 NUMAR; 30 - MCU 3489 PI 401967.

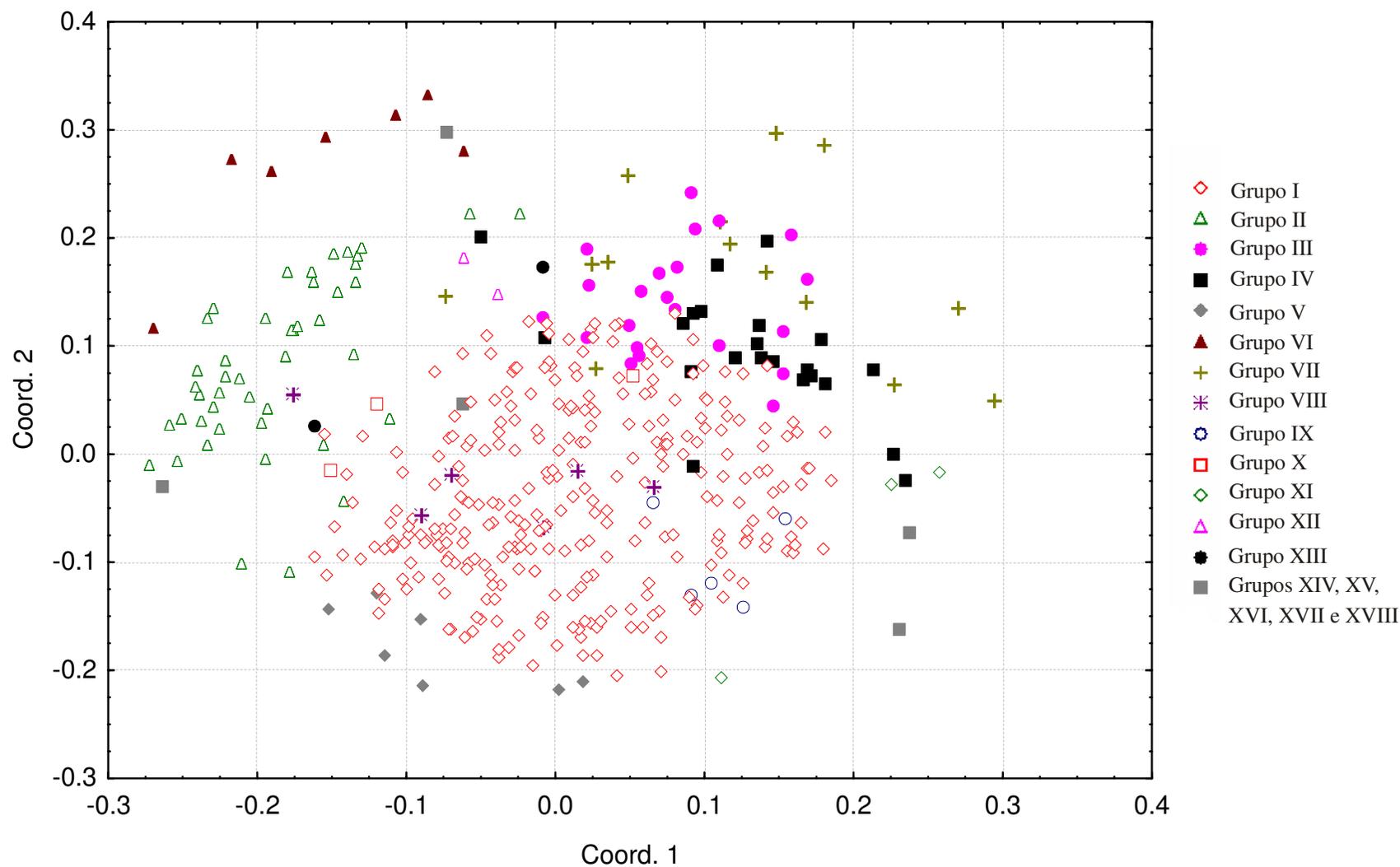


Figura 1. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o agrupamento de Tocher. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

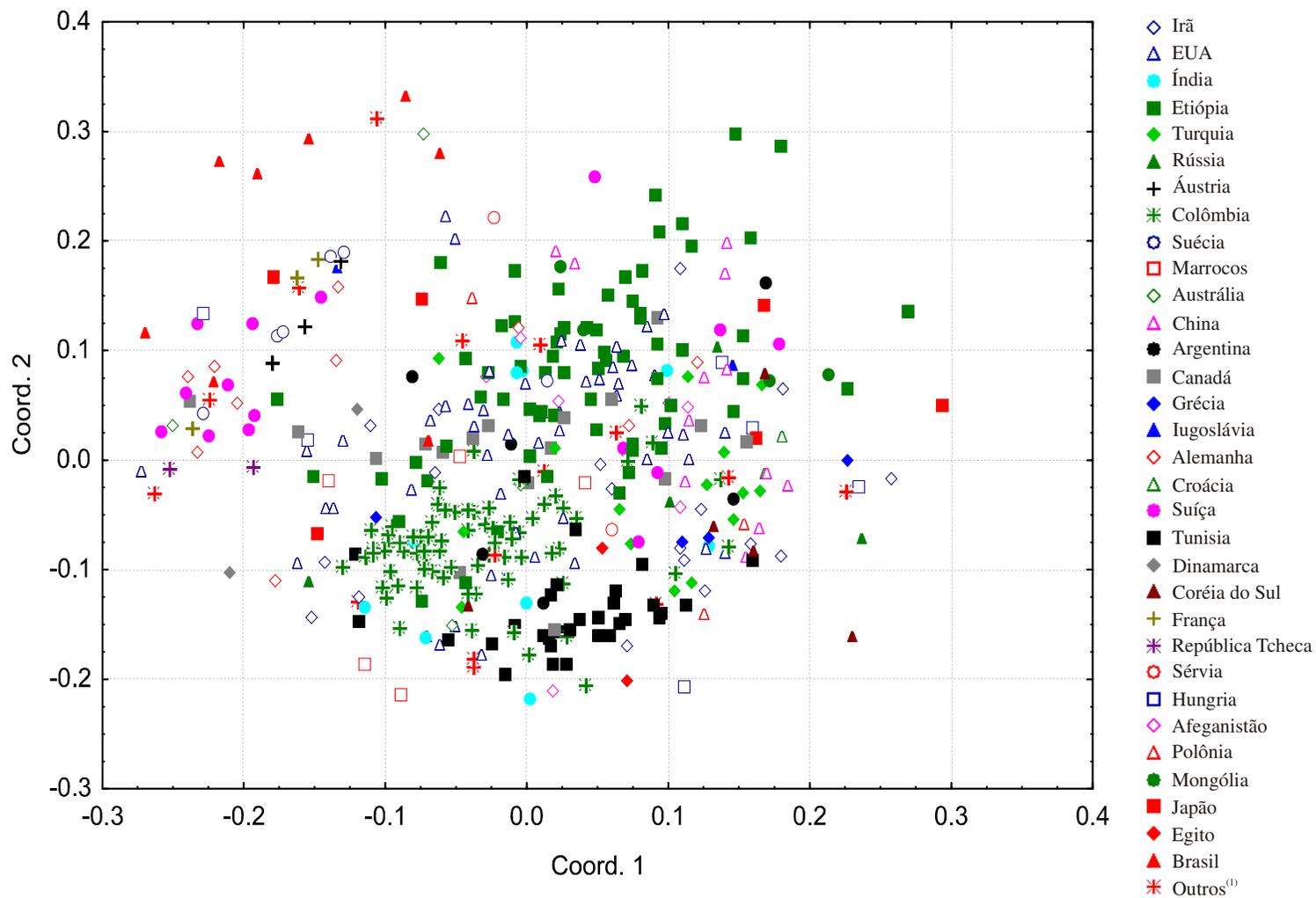


Figura 2. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a origem. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ Bósnia e Herzegovina, África do Sul, Bélgica, Macedônia, Itália, Romênia, Inglaterra, Chipre, Eslovênia, Iraque, Argélia, México, Portugal, Bulgária e Peru.

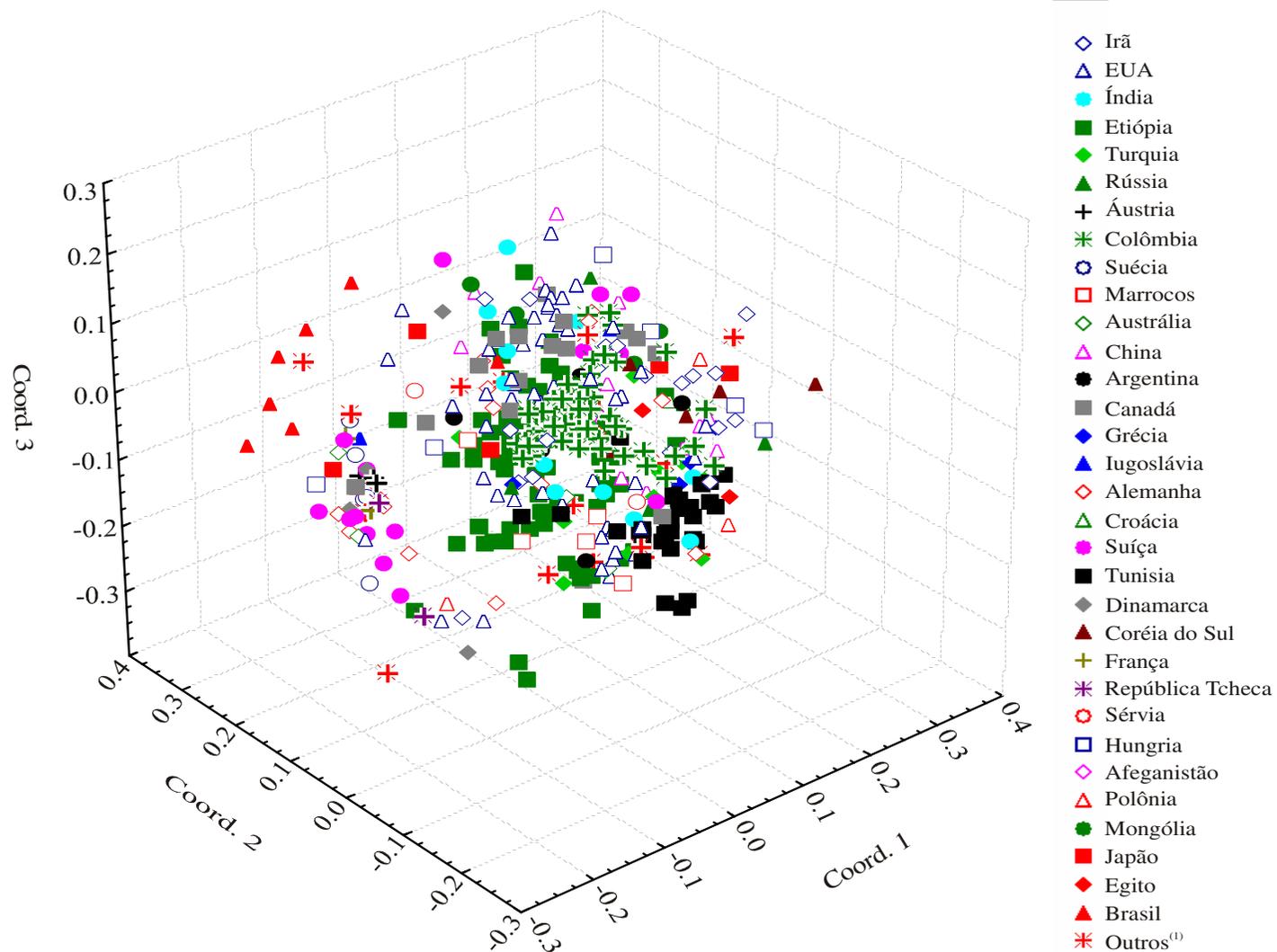


Figura 3. Dispersão gráfica em três dimensões dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a origem. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ Bósnia e Herzegovina, África do Sul, Bélgica, Macedônia, Itália, Romênia, Inglaterra, Chipre, Eslovênia, Iraque, Argélia, México, Portugal, Bulgária e Peru.

7. Referências bibliográficas

AHMAD, Z.; AJMAL, S. U.; MUNIR, M.; ZUBAIR, M.; MASOOD, M. S. Genetic diversity for morpho-genetic traits in barley germplasm. **Pakistan Journal of Botany**, v. 40, n. 3, p. 1217-1224. 2008.

ALLEMAYEHU, A.; LABUSCHAGNE, M. T. Phenotypic variation in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from north Shewa in Ethiopia. **Biodiversity and Conservation**, v. 13, p. 1441-1451. 2004.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; ARAÚJO, D. de S.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, A. A. 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, 2007a. p. 379-394.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; CAPETTINI, F.; SAYD, R. M.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; GUEDES, K. B. Avaliação de materiais genéticos exóticos de cevada no bioma Cerrado irrigado.. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011a. Cd-Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; SAYD, R. M.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Comportamento de genótipos de cevada em análise de VCU sob condição irrigada no Cerrado em 2010. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011b. Cd-Rom.

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

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; MONTEIRO, V. A.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Ensaio de valor de cultivo e uso de cevada irrigada no Cerrado em 2009. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011c. Cd-Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; MONTEIRO, V. A.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Introdução e análise de genótipos preliminares de cevada irrigada no Distrito Federal em 2009. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA

EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011d. Cd-Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; MONTEIRO, V. A.; RIBEIRO JUNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Ensaio preliminares de genótipos de cevada irrigada no Cerrado em 2010. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM CEVADA, 28, 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011e. Cd-Rom.

AMARAL JÚNIOR, A. T. do. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 03-06, suplemento. 1999.

ARIAS, G. **Mejoramiento genético y producción de cebada cervecera en America del Sur**. Santiago: FAO, 1995. 1.157 p.

BAUM, B. R.; MECHANANDA, S.; SOLEIMANI, V. Identification of Canadian six row barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars with primers derived from STSs obtained from RAPD diagnostic bands. **Seed Science and Technology**, v. 28, p. 445-466. 2000.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. da; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. G.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, n. 3, p. 279-286. 2006.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. **Portaria 691**, de 22 de nov. de 1996. Brasília, 1996.

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

BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE. **Quality factors in malting barley**. Disponível em: <<http://www.bmbri.ca/>>. Acesso em: 11 nov. 2011.

CARVALHO, M. A.; QUESENBERRY, K. H. Morphological characterization of the USA *Arachis pintoi* Krap. and Greg. collection. **Plant Systematics and Evolution**, v. 277, p. 1-11. 2009.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; CAPETTINI, F.; BAUM, M. Barley breeding for sustainable production. In: KANG, M.; PRIYADARSHAN, P. M. (Ed.). **Breeding Major Food Staples**. Ames: Blackwell Publishing, 2007. p. 193-216.

CHAPMAN, S. R.; CARTER, L. P. **Crop production: principles and practices**. San Francisco: Montana State University, 1976. p. 311-324.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Análise de safras**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/10_12_21_17_22_40_boletim_ingles_dez_2010_com_capa.pdf>. Acesso em: 07 nov. 2011.

CORRELL, R.; BUTLER, J.; SPOUNCER, L.; WRIGLEY, C. The relationship between grain-protein content of wheat and barley and temperatures during grain filling. **Australian Journal of Plant Physiology**, v. 21, p. 869-873. 1994.

CROSS R. J. Geographical trends within a diverse spring barley collection as identified by agro/morphological and electrophoretic data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, p. 597-603. 1994.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows – 2007, Viçosa, UFV.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética: II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 183-190. 1994.

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

DEMISSIE, A.; BJØRNSTAD, A. Phenotypic diversity of Ethiopian barleys in relation to geographical regions, altitudinal range, and agro-ecological zones: as an aid to germplasm collection and conservation strategy. **Hereditas**, v. 124, p. 17-29. 1996.

DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas**. 10. ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.

DUBOC, E.; MARTINS, C. F.; CARVALHO, A. M. de. Sistemas alternativos e diversificados para a produção. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. de (Org.). **Savanas: demandas para pesquisa**. 1. ed. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2009. p. 118-139.

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

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jan. 2012.

FOSTER, A. E. Barley. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development: Theory and techniques**. New York: MacMillan Publishing Company, 1987. p. 83-125.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some one of its properties. **Biometrics**, v. 27, p. 857-872. 1971.

GUERRA, A. F.; RODRIGUES, G. C.; ROCHA, O. C.; EVANGELISTA, W. **Necessidade hídrica no cultivo de feijão, trigo, milho e arroz sob irrigação no Bioma Cerrado**. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 100. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. 15 p.

GYMER, P. T. The genetics of the six row/two row character. **Barley Genetics Newsletter**, v. 8, research notes, p. 44-46. 1978.

HAIR, J. F.; TATHAM, R. L.; ANDERSON, R. E.; BLACK, W. **Análise multivariada de dados**. 6. Ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.

KNÜPFER, H.; VAN HINTUM; T. J. L. The Barley Core Collection - an international effort. In: HODGKIN, T.; BROWN, A. H. D.; VAN HINTUM, T. J. L.; MORALES, E. A. V. (Eds.). **Core Collections of Plant Genetic Resources**. Chichester: John Wiley & Sons, 1995. p. 171-178.

LASA, J. M.; IGARTUA, E.; CIUDAD, F. J.; CODESAL, P.; GARCIA, E. V.; GRACIA, M. P.; MEDINA, B.; ROMAGOSA, I.; MOLINA-CANO, J. L.; MONTOYA, J. L. Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. **Hereditas**, v. 135, p. 217-225. 2001.

LEISTRUMAITE, A.; PAPLAUSKIENE, V.; MASAUSKIENE, A.; STATKEVICIUTÈ, G. Investigation and utilization of spring barley germplasm for breeding programs. In: CECCARELLI, S.; GRANDO, S. (Ed.). International Barley Genetics Symposium, 10, 2008, Alexandria, Egypt. **Proceedings...** Alexandria, Egypt, 2010. p. 68-78.

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.

MANLY, B. F. J. **Multivariate statistical methods: a primer**. 2.Ed. Boca Raton: Chapman & Hall, 1994. 215 p.

MAURYA, D. W.; SINGH, D. P. Genetic divergence in rice. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 37, p. 395-402. 1977.

MILLER, N. F. The Origins of Plant Cultivation in the Near East. In: COWAN, C. W.; WATSON, P. J. (Eds.). **The origins of agriculture: an international perspective**. Washington D. C.: Smithsonian Institution Press, 1992. p. 39-58.

MINELLA, E. **Cevada brasileira: situações e perspectivas**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999a. Comunicado Técnico Online, 23. Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co23.htm>. Acesso em: jun. 2009.

MINELLA, E. Melhoramento de Cevada. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999b. p. 253-272.

MINELLA, E.; CIULLA, C.; OPPELT, D.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Safra brasileira de cevada: resultados 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26, 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. p. 102-105.

MIRANDA, G. V.; COELHO, A. D. F.; SHIMOYA, A.; COIMBRA, R. R.; SANTOS, I. C. dos. Divergência genética de linhagens de feijão-mungo (*Vigna radiata* (L.) Wilczek). **Revista Ceres**, v. 46, n. 265, p. 309-319. 1999.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248. 2003.

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 of Cereal Science**, v. 25, p. 37-47. 1997.

MORAL, L. F. G.; SOPENA, A.; MONTOYA, J. L.; POLO, P.; VOLTAS, J.; CODESAL, P.; RAMOS, J. M.; MOLINA-CANO, J. L. Image analysis of grain and chemical composition of the barley plant as predictors of malting quality in Mediterranean environments. **Cereal Chemistry**, v. 75, p. 755-761. 1998.

MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma. Campina Grande: EMBRAPA-CNPA, 1994. 115 p.

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, v. 57, p. 581-587. 2000.

NATIONAL GENETIC RESOURCES PROGRAM. **Germplasm Resources Information Network - GRIN**. National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. Disponível em: < http://www.ars-grin.gov/npgs/acc/acc_queries.html>. Acesso em: 03 jan. 2012.

NEGASSA, M. Patterns of phenotypic diversity in an Ethiopian barley collection and the Arusi-Bale highlands as a center of origin of barley. **Hereditas**, v. 102, p. 139–150. 1985.

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

OLIVEIRA, S. A. de. Método colorimétrico para a determinação de nitrogênio em plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 16, n. 5, p. 645-649. 1981.

PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; SLAFER, G. A. Breeding effects on sensitivity of barley grain weight and quality to events of high temperature during grain filling. **Euphytica**, v. 141, p. 41-48. 2005.

PILLAR, V. D. **MULTIV**: Software para análise multivariada, testes de aleatorização e autoreamostragem "bootstrap", Versão 2.3. UFRGS, Porto Alegre. 2004.

POEHLMAN, J. M. **Breeding field crops**. New York: Henry Holt and Company, Inc., 1959. p. 151-173.

POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. 4th ed. Ames: Iowa State University, 1995. 473 p.

RAMOS, S. R. R.; QUEIROZ, M. A. de; PEREIRA, T. N. S. Recursos genéticos vegetais: manejo e uso. **Magistra**, v. 19, p. 265-273. 2007.

RASBAND, W. S. **ImageJ**. U. S. National Institutes of Health: Bethesda, Maryland, USA. 2006. Disponível em: <<http://rsb.info.nih.gov/ij/>>. Acesso em: ago. 2010.

RASMUSSEN, D. C., Learning about barley breeding. In: VIVAR, H. E.; McNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium**: proceedings of an international symposium. México: CIMMYT, 2000. p. 1–6.

SAKAMOTO, T.; MATSUOKA, M. Generating high-yielding varieties by genetic manipulation of plant architecture. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 15, n. 2, p. 144-147. 2004.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT user's guide**. Version 6. 4. ed. Cary, 1989.

SETOTAW, T. A.; DIAS, L. A. dos S.; MISSIO, R. F. Genetic divergence among barley accessions from Ethiopia. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 116-123. 2010.

SICHER, R. C. Assimilate partitioning within leaves of small grain cereals. In: YASH, P. A.; PRASANNA, M.; VINDJEE, D. (Eds.). **Photosynthesis Photoreactions to Plant Productivity**. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1993. p.351-360.

SIMMONS, S. R.; RASMUSSEN, D. C.; WIERSMA, J. V. Tillering in barley: genotype, row spacing, and seedling rate effects. **Crop Science**, v. 22, n. 4, p. 801-805. 1981.

SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÕES EM RECURSOS GENÉTICOS – SIBRARGEN. **Consultas ao SIBRARGEN**. Disponível em: <<http://www.cenargen.embrapa.br/recgen/sibrargen/bradenom-port.html>>. Acesso em: 26 de jan. 2011.

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

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.1, p.22-27. 2005.

THORNE, G. N. Photosynthesis of ear and flag leaves of wheat and barley. **Annals of Botany**, v. 29, n. 3 p. 317-329. 1965.

TSUCHIYA, Y.; ARAKI, S.; SAHARA, H.; TAKASHIO, M.; KOSHINO, S. Identification of malting barley varieties by genome analysis. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 79, p. 429-432. 1995.

TUNGLAND, L.; CHAPKO, L. B.; WIERSMA, J. V.; RASMUSSEN, D. C. Effect of erect leaf angle on grain yield in barley. **Crop Science**, v. 27, n. 1, p. 37-40. 1987.

VALOIS, A. C. C. **Genética aplicada a recursos fitogenéticos**. Brasília: UNEB, 1998. 318p.

VAN HINTUM, T. J. L.; MENTING, F. Diversity in ex situ collections of barley. In: BOTHMER, R. von; VAN HINTUM, T. J. L.; KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. New York: Elsevier Science, 2003. p. 247-257.

VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v.80, n. 6, p. 493-500. 2010.

WETZEL, M. M. V. da S.; FERREIRA, F. R. Sistema de curadorias de germoplasma. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 121-144.

WINDES, J. M.; OLSON, K.; OBERT, D. **Production Guidelines for CHARLES: A new two-rowed winter malt barley**. Disponível em: <http://www.idahobarley.org/barleycropmanagement_files/Charles%20Production%20Guideline%20Sept%2009.pdf>. Acesso em: 03 abr. 2011.

WRIGHT, L. 2000. Malting barley for new millennium. In: VIVAR, H. E.; McNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium: proceedings of an international symposium**. México: CIMMYT, 2000. p. 28-33.

YAP, T. C.; HARVEY, B. L. Inheritance of yield components and morpho-physiological traits in barley, *Hordeum vulgare* L. **Crop Science**, v. 12, n. 3, p. 283-286. 1972.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the Old World:** the origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. 3 ed. Oxford: Oxford University Press, 2001. 328 p.

7. APÊNDICE

Tabela 1. Rendimento estimado de grãos (REND – kg ha⁻¹), classificação comercial de primeira (CLASS1 - %) e de segunda, (CLASS2 - %), peso de 1000 sementes (PMS - g), comprimento da espiga (TE - cm), número de grãos por espiga (GE), altura de plantas (ALT - cm), grau de acamamento (ACAM - %), dias para o espigamento (ESP), área da folha bandeira (AFBAND - cm²), teor de proteína (PROT - %), número de fileiras de grãos na espiga (NFG), cor da semente (COR), origem do acesso (ORIGEM) e cevada nua ou não (NUA) para cada genótipos de cevada avaliado. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CEVADA NUA CERRADO 1	641,7	58	36	51,0	4,2	14,8	71	0	57	11,28	20,85	2	Creme	Brasil	Sim
CEVADA NUA CERRADO 2	1366,7	45	50	42,5	4,0	24,0	65	0	57	8,19	18,81	2	Creme	Brasil	Sim
CEVADA NUA CERRADO 3	2275,0	76	21	40,5	6,4	19,2	67	0	57	8,80	14,02	2	Creme	Brasil	Sim
CEVADA NUA CERRADO 4	1841,7	19	54	33,5	8,0	25,2	60	0	67	7,26	19,28	2	Creme	Brasil	Sim
CEVADA NUA CERRADO 5	3116,7	15	54	33,5	6,4	45,6	60	0	57	7,69	16,79	2	Creme	Brasil	Sim
CEVADA NUA CERRADO 6	2800,0	54	42	47,0	6,0	17,6	61	0	58	6,92	19,54	2	Creme	Brasil	Sim
CI 01087 NANI TAL	3566,7	23	54	30,0	7,2	56,4	75	0	67	9,55	16,32	6	Creme	Índia	Não
CI 01460 DUBAS	3575,0	37	47	32,5	7,9	57,6	75	50	53	7,72	14,61	6	Preta	Iraque	Não
CI 01577 AKER	3508,3	29	57	32,5	7,4	55,2	93	0	61	8,75	13,09	6	Creme	EUA	Não
CI 01592 YALE	3558,3	76	22	35,0	7,0	54,0	80	0	59	11,91	15,14	6	Creme	Canadá	Não
CI 01603 IRELAND	3108,3	48	39	39,5	7,0	44,8	75	100	59	15,71	17,41	6	Creme	Etiópia	Não
CI 01641 MOCHA	1516,7	67	28	47,0	7,7	54,0	65	50	67	9,25	16,63	6	Creme	Argélia	Não
CI 01672 OAC 7	1441,7	66	27	45,5	8,9	56,4	80	20	67	3,37	13,68	6	Creme	EUA	Não
CI 01694 EARLY SIX	3541,7	67	28	40,0	5,2	43,2	60	100	52	5,00	14,69	6	Creme	Canadá	Não
CI 01701 SWEDISH STAR	1375,0	13	38	27,5	5,8	61,2	55	0	67	12,01	17,35	6	Creme	Canadá	Não
CI 02062 GINANE	2308,3	74	20	41,0	10,3	28,0	65	100	65	11,82	17,96	2	Creme	EUA	Não
CI 02082 WHITE SMYRNA	3808,3	78	20	49,1	9,0	22,2	40	0	55	4,57	15,39	2	Creme	EUA	Não
CI 02109 WHITE SMYRNA	4916,7	58	34	41,0	8,7	20,4	75	100	53	4,04	16,74	2	Creme	EUA	Não
CI 02674 GORDON	683,3	84	14	48,5	5,6	39,6	65	0	70	5,37	19,49	6	Creme	Canadá	Não
CI 03086 AUSTRIAN EARLY	2166,7	72	25	40,5	7,4	46,8	70	70	66	6,43	16,72	6	Creme	EUA	Não
CI 05913 STAVROPOL	2166,7	83	15	45,0	7,0	57,6	80	30	66	4,82	15,44	6	Creme	EUA	Não
CI 05960	1816,7	74	22	43,0	9,8	30,0	92	0	68	10,30	19,09	2	Creme	Hungria	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 06012 DEPUTY	3766,7	79	17	47,5	4,8	37,2	75	100	58	8,80	15,39	6	Creme	Austrália	Não
CI 06014	1966,7	65	27	42,0	8,2	57,6	80	50	71	5,09	15,20	6	Creme	Austrália	Não
CI 06040 KECK	1575,0	69	26	39,5	6,8	58,8	70	100	67	5,83	17,05	6	Creme	EUA	Não
CI 06044 SMITH	1375,0	50	38	41,5	6,6	58,8	70	100	69	14,45	18,48	6	Creme	EUA	Não
CI 06109 VELVON	5216,7	71	26	42,0	9,2	68,0	70	100	65	11,74	15,41	6	Creme	EUA	Não
CI 06147	4716,7	60	31	35,5	6,4	42,4	65	20	56	14,33	13,39	6	Creme	Egito	Não
CI 06188	5141,7	79	18	44,5	5,5	45,6	75	100	49	5,18	14,14	6	Creme	México	Não
CI 06189 AUGUSTIFOLIA	3200,0	65	29	43,0	6,3	46,8	70	50	52	4,36	13,76	6	Creme	EUA	Não
CI 06194 CEBADA COMUN	2933,3	80	18	41,0	6,0	49,2	79	100	68	7,08	17,40	6	Creme	Argentina	Não
CI 06218	2608,3	48	39	38,0	8,4	64,8	80	100	60	11,61	15,41	6	Creme	Turquia	Não
CI 06239 IOGLOS	4808,3	68	29	37,0	8,4	52,8	85	0	59	12,58	13,94	6	Creme	EUA	Não
CI 06241 V H 264	4083,3	29	46	32,5	7,5	63,2	85	50	61	4,27	17,41	6	Creme	Canadá	Não
CI 06242	3341,7	67	29	42,5	5,6	45,6	70	100	67	1,82	16,37	6	Creme	EUA	Não
CI 06244	5033,3	84	14	46,0	7,1	56,4	78	100	53	8,59	14,26	6	Creme	EUA	Não
CI 06247	2816,7	51	39	37,5	4,8	45,6	75	10	68	8,03	15,74	6	Creme	EUA	Não
CI 06249	4458,3	80	18	50,4	4,2	31,2	65	100	59	6,62	15,32	6	Creme	EUA	Não
CI 06312 FLYNN NEBRASKA 107	3091,7	74	20	41,0	4,8	44,5	72	100	61	7,78	16,00	6	Creme	EUA	Não
CI 06370	1191,7	61	31	38,0	7,6	56,4	80	30	70	8,76	19,05	6	Creme	EUA	Não
CI 06417 HEINES VIERZEILIGE	4450,0	41	46	35,0	6,7	74,0	80	0	56	10,68	15,57	6	Creme	Alemanha	Não
CI 06428 LANDSORTE AUS TIROL	1258,3	58	34	39,1	8,6	28,0	73	0	67	13,30	21,49	2	Creme	Austria	Não
CI 06435 10371 Z MANDZURJI	4283,3	17	59	26,0	7,0	72,0	80	0	63	10,10	17,60	6	Creme	Rússia	Não
CI 06440	2608,3	23	47	33,5	9,3	24,0	70	100	64	8,79	14,97	2	Creme	Polônia	Sim
CI 06450 OZIERY	4558,3	48	40	33,5	12,6	45,2	70	50	58	15,52	13,79	6	Creme	Polônia	Não
CI 06779	2883,3	17	53	32,5	7,6	56,4	60	0	64	4,12	16,77	2	Creme	EUA	Não
CI 06832 SHORT AWNS	4358,3	70	25	35,0	8,8	76,0	75	0	57	16,55	15,78	6	Creme	EUA	Não
CI 06904	3491,7	31	57	32,5	4,7	54,7	70	60	48	5,62	16,84	6	Creme	Irã	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 06946	4866,7	46	45	32,5	7,1	46,0	75	100	48	5,00	14,38	6	Creme	Irã	Não
CI 06954	491,7	16	50	36,5	5,6	49,2	65	50	70	11,73	18,40	6	Creme	Irã	Não
CI 07005	2033,3	58	34	37,0	5,4	61,6	70	0	67	6,84	18,30	6	Creme	EUA	Não
CI 07100	1241,7	43	33	37,5	6,5	14,4	40	0	52	3,23	13,46	6	Creme	Irã	Não
CI 07126	4233,3	45	44	29,0	8,6	44,4	68	50	58	14,06	16,66	6	Creme	EUA	Não
CI 07135	1983,3	64	28	34,0	8,4	68,4	84	0	70	8,76	15,24	6	Creme	EUA	Não
CI 07136	1816,7	13	39	22,0	7,0	67,2	90	0	67	11,20	15,68	6	Creme	EUA	Não
CI 07146 CASCADE	641,7	60	32	41,5	7,0	58,8	70	20	69	17,26	18,54	6	Creme	EUA	Não
CI 07156	4975,0	42	45	40,0	4,8	49,2	70	100	68	12,92	14,49	6	Creme	EUA	Não
CI 07210 ABYSSINIAN 24	3491,7	56	37	46,0	8,0	60,0	95	80	64	30,54	15,85	6	Preta	Etiópia	Não
CI 07255	4733,3	41	50	32,5	9,1	66,0	80	20	60	8,47	14,33	6	Creme	EUA	Não
CI 07291 KRASNOYARSKI 74	2708,3	4	31	22,0	9,2	72,0	65	100	59	10,53	17,44	6	Creme	Rússia	Não
CI 07328 RIEGEL	4075,0	60	36	39,0	9,2	25,2	76	0	66	5,75	14,22	2	Creme	Dinamarca	Não
CI 07334 EHIME - HADAKA 1	1541,7	61	31	45,0	6,2	54,0	70	0	61	6,00	17,01	6	Creme	Japão	Sim
CI 07349 OITA - HADAKA	2100,0	56	37	35,0	8,4	69,0	70	50	58	5,09	18,58	6	Creme	Japão	Sim
CI 07416 DANG - BARI 42	6066,7	70	26	36,5	5,0	40,0	65	10	58	5,31	12,42	6	Creme	Coréia do Sul	Não
CI 07555 ENGLEDOW INDIA	2316,7	43	45	34,0	7,9	58,8	77	70	58	3,98	14,03	6	Creme	Argentina	Não
CI 07607	7016,7	75	22	44,5	4,8	45,6	63	0	45	4,38	15,47	6	Creme	Índia	Não
CI 07608	4216,7	66	27	37,5	5,0	39,6	67	0	48	3,14	14,75	6	Creme	Índia	Não
CI 07611	1200,0	7	29	27,5	6,6	33,6	75	0	67	4,28	14,73	6	Creme	Índia	Não
CI 07650	2775,0	11	56	27,5	7,6	44,4	70	0	64	4,70	19,45	6	Creme	Índia	Sim
CI 07772	6025,0	76	18	36,5	5,4	40,0	67	30	47	6,46	11,76	6	Creme	Índia	Não
CI 07785	3575,0	79	18	40,0	11,6	26,6	75	70	66	9,22	16,44	2	Creme	República Tcheca	Não
CI 07808	3358,3	81	16	48,0	5,0	40,8	75	100	60	6,77	16,90	6	Creme	Turquia	Não
CI 07845	3400,0	52	36	41,0	7,3	45,6	66	100	56	8,30	15,31	6	Creme	Turquia	Não
CI 07869	2958,3	36	43	35,0	6,7	45,6	80	100	68	5,21	14,57	6	Creme	Turquia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI07909	1800,0	35	45	38,5	7,2	50,4	80	100	69	12,47	17,45	6	Creme	Turquia	Não
CI07929	358,3	71	28	42,5	7,0	56,4	67	50	67	8,67	20,46	6	Creme	Turquia	Não
CI08053 CUSTER	5025,0	47	37	33,0	8,2	61,2	80	100	59	14,54	14,61	6	Creme	EUA	Não
CI08222	1391,7	21	54	30,5	6,7	44,4	75	50	69	3,60	17,55	6	Creme	Turquia	Não
CI08330 MAROCAINE 021	1933,3	66	29	44,5	5,9	26,4	80	50	68	4,94	19,50	6	Creme	Marrocos	Não
CI08332 MAROCAINE 071	5116,7	84	14	48,5	6,2	48,0	80	0	70	13,23	14,90	6	Creme	Marrocos	Não
CI08449	875,0	55	36	37,0	7,0	55,2	70	0	67	3,94	15,59	6	Creme	Índia	Não
CI08814	483,3	54	36	39,5	6,4	60,0	65	0	67	5,61	20,44	6	Creme	Alemanha	Não
CI08832	3733,3	52	38	36,0	9,8	25,6	80	50	56	11,30	16,09	2	Creme	Alemanha	Não
CI08855	2908,3	91	8	50,0	6,9	62,1	67	100	56	10,99	14,02	6	Creme	Índia	Não
CI09199	3450,0	34	42	35,0	7,8	66,0	77	80	48	6,79	12,88	6	Creme	Coréia do Sul	Não
CI09202	2333,3	45	43	32,5	5,2	54,0	75	80	53	9,26	15,75	6	Creme	Coréia do Sul	Não
CI09237 SUWON N.12	1233,3	20	52	32,0	7,6	55,2	80	50	59	13,94	17,76	6	Creme	Coréia do Sul	Não
CI09459	3425,0	2	20	21,0	6,0	47,2	66	80	58	3,91	15,51	6	Creme	Coréia do Sul	Sim
CI09874 SVANHALSKORN	575,0	50	36	39,0	8,1	28,0	75	0	67	8,70	21,21	2	Creme	Suécia	Não
CI09882 GONDAR	4691,7	36	48	40,0	6,3	58,8	75	50	65	12,19	12,75	6	Creme	Etiópia	Não
CI09898 HOHENFINOWER	3308,3	25	57	29,5	6,6	49,2	75	0	58	20,21	15,80	6	Creme	Alemanha	Não
CI09928 SHIGATSE N. 1056	2991,7	46	48	38,5	7,9	60,0	70	0	61	7,45	16,63	6	Creme	China	Sim
CI09934 LHASA 29A N. 1139	1975,0	52	38	38,5	5,6	46,8	77	0	68	6,15	16,70	6	Preta	China	Não
CI09940	500,0	4	40	26,5	7,2	56,2	56	0	67	6,16	13,63	6	Creme	China	Sim
CI09952	5291,7	85	13	47,5	4,7	34,8	65	0	52	2,78	13,71	6	Creme	Rússia	Não
CI09954	3425,0	91	8	47,0	5,2	39,6	75	80	51	5,08	15,55	6	Creme	Etiópia	Não
CI09958	5341,7	92	7	50,0	4,6	34,8	75	100	52	6,64	13,32	6	Creme	Marrocos	Não
CI09959	5208,3	95	3	51,0	5,6	40,8	75	50	52	3,79	13,34	6	Creme	Marrocos	Não
CI09960	5316,7	94	4	31,0	5,0	43,8	75	0	53	5,11	13,97	6	Creme	Irã	Não
CI09961	4983,3	93	6	50,5	5,0	42,0	60	0	53	1,84	13,31	6	Creme	Irã	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI09962	5216,7	93	6	54,0	6,6	54,0	80	0	53	5,60	14,04	6	Creme	Irã	Não
CI09969	3616,7	53	41	47,5	10,8	20,8	76	100	65	18,17	21,73	2	Creme	Etiópia	Sim
CI09973	3141,7	65	30	43,5	6,6	48,0	80	50	60	15,47	15,70	6	Creme	Etiópia	Sim
CI09976	3333,3	7	39	31,5	6,4	54,0	70	100	66	15,41	18,76	6	Creme	Etiópia	Sim
CI09977	4600,0	28	55	39,0	7,0	43,2	80	50	48	4,49	16,26	6	Preta	Etiópia	Sim
CI09983	2216,7	94	4	50,0	6,2	44,4	75	30	66	4,95	16,63	6	Creme	Etiópia	Não
CI09984	2766,7	34	43	36,0	6,6	66,4	56	0	69	5,17	14,75	6	Creme	Etiópia	Não
CI 10010 HAISA II	3850,0	82	16	38,5	10,0	30,0	85	0	67	7,78	18,11	2	Creme	Alemanha	Não
CI 10016 RASPA	4525,0	62	33	39,0	7,4	52,8	90	50	59	7,19	14,79	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10017 RASPA COMUN 1085	5350,0	72	25	41,5	7,4	43,2	90	80	53	9,51	13,07	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10018 RASPA PRECOZ 604	4925,0	70	25	42,5	6,6	50,4	85	100	47	5,68	12,57	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10021	4350,0	18	47	31,0	6,7	54,0	86	50	58	14,37	16,65	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10022	9108,3	68	28	39,5	5,3	56,4	75	100	51	7,67	12,07	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10027 PUNJAB	3891,7	51	36	32,5	5,5	55,2	65	100	58	17,47	16,48	6	Creme	Índia	Não
CI 10028 PUNJAB	3525,0	65	25	42,5	6,3	48,0	75	100	50	8,47	14,49	6	Creme	Índia	Não
CI 10071 WOLFE	4908,3	37	50	35,0	7,1	62,4	85	20	61	15,01	15,50	6	Creme	Canadá	Não
CI 10075 YORK	3450,0	63	29	33,0	6,1	50,4	70	0	55	1,72	15,30	6	Creme	Canadá	Não
CI 10077	3233,3	91	8	42,0	5,0	40,8	80	0	59	6,97	16,74	6	Creme	EUA	Não
CI 10078 ATLAS 57	5050,0	68	24	40,0	5,1	37,2	57	20	58	4,73	14,89	6	Creme	EUA	Não
CI 10082 WEIBULL S 4468	5641,7	80	16	39,5	9,5	25,6	91	30	65	12,24	17,32	2	Creme	Suécia	Não
CI 10083 INGRID	2550,0	70	27	35,0	7,6	22,4	80	0	68	2,91	17,80	2	Creme	Suécia	Não
CI 10114 CARLSBERG II	5083,3	83	15	45,0	10,2	26,4	65	100	66	8,81	13,32	2	Creme	Dinamarca	Não
CI 10121	3508,3	31	42	38,0	6,5	48,0	76	50	63	9,75	12,95	6	Creme	EUA	Não
CI 10122 MINN II-48-26	2883,3	40	48	31,0	6,4	56,4	55	0	59	11,69	14,58	6	Creme	EUA	Não
CI 10129 GENTRY HS 13035	3775,0	34	48	33,5	6,0	57,6	65	0	60	19,22	14,82	6	Creme	Afeganistão	Não
CI 10133 AFGHANISTAN	1458,3	51	40	39,0	6,2	56,4	80	50	70	12,78	18,47	6	Creme	Afeganistão	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 10136 B 204	1433,3	59	31	36,5	4,8	43,2	70	0	67	8,99	17,33	6	Creme	Afganistão	Não
CI 10140	4783,3	52	42	47,5	8,4	45,6	66	0	69	13,82	17,21	6	Creme	Afganistão	Não
CI 10147 SMITH E E 196	525,0	60	30	46,5	7,0	56,4	80	0	67	4,41	19,06	6	Creme	Peru	Não
CI 10161 L M JOSEPHSON	3325,0	65	27	46,0	7,0	66,0	72	100	78	8,14	11,21	6	Creme	África do Sul	Não
CI 10187 COPE	4283,3	58	35	42,5	6,0	57,2	65	90	67	8,05	16,08	6	Creme	Sérvia	Não
CI 10209 SMOOTH AWN	1783,3	36	47	33,0	8,4	50,4	80	20	67	12,98	17,73	2	Creme	Sérvia	Não
CI 10256	5808,3	82	13	50,0	6,6	46,0	77	0	46	10,18	14,77	6	Creme	Japão	Não
CI 10274	766,7	86	12	45,0	6,2	38,8	70	80	67	9,96	17,84	6	Creme	Turquia	Não
CI 10278	1241,7	57	29	39,5	7,7	52,8	80	20	57	14,16	18,21	6	Creme	Suécia	Não
CI 10366 KURUMUGI N. 148	2308,3	27	43	27,5	6,2	59,0	80	50	67	7,23	14,46	6	Creme	Japão	Não
CI 10389	3975,0	58	35	41,0	7,0	50,4	87	30	38	16,57	17,60	6	Preta	Etiópia	Não
CI 10442 FUNZA	3425,0	40	47	35,0	6,4	37,2	70	100	58	9,19	14,64	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10501 ATHENAIS S-50-34	5008,3	79	18	42,5	5,0	42,0	65	100	44	7,69	15,26	6	Creme	Chipre	Não
CI 10562	3900,0	15	49	30,0	7,6	66,0	70	0	66	8,90	16,74	6	Creme	Colômbia	Não
CI 10581	1558,3	40	47	36,0	7,4	52,8	70	30	70	11,38	18,58	6	Preta	Argentina	Não
CI 10599	2508,3	16	47	27,0	5,2	49,2	65	0	64	8,16	13,31	6	Creme	China	Não
CI 10601	2858,3	36	45	28,5	5,4	43,2	70	100	59	5,44	16,32	6	Creme	China	Não
CI 10602	3416,7	35	40	29,5	7,8	58,0	78	100	58	8,49	13,86	6	Creme	China	Não
CI 10603	2875,0	43	40	30,0	8,8	61,2	65	100	65	14,82	16,25	6	Creme	China	Não
CI 10604	2491,7	24	51	29,0	7,6	46,8	73	100	65	8,42	15,67	6	Creme	China	Não
CI 10617	1116,7	38	49	33,0	7,2	52,8	80	50	66	7,77	19,68	6	Creme	China	Não
CI 10624	1333,3	41	41	37,5	9,1	57,7	70	50	67	13,30	18,45	6	Creme	China	Não
CI 10670	566,7	26	48	34,0	7,0	51,8	65	0	95	10,05	20,53	6	Creme	Irã	Não
CI 10697	5400,0	51	40	41,5	8,0	58,8	70	0	55	7,63	16,43	6	Creme	Irã	Não
CI 10722	3600,0	65	32	47,0	4,4	38,4	70	10	70	7,05	15,00	6	Creme	Irã	Não
CI 11134	2391,7	45	48	38,0	5,2	40,8	80	80	67	20,22	18,50	6	Creme	Etiópia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 11246	3575,0	70	26	46,5	5,2	45,6	60	0	65	4,01	14,15	6	Creme	Grécia	Não
CI 11249	1708,3	74	22	46,0	6,4	45,6	75	100	63	7,17	18,83	6	Creme	Grécia	Não
CI 11254	841,7	74	22	48,5	6,0	40,8	50	50	67	6,24	11,15	6	Creme	Itália	Não
CI 11263	725,0	44	42	46,0	7,6	60,0	75	50	67	8,86	19,42	6	Creme	Turquia	Não
CI 11264	1050,0	68	26	40,5	8,3	62,4	65	100	70	14,45	18,06	6	Creme	Turquia	Não
CI 11266	3366,7	48	36	36,5	6,8	57,2	60	100	66	5,46	15,58	6	Creme	Grécia	Não
CI 11270	4058,3	42	46	36,0	7,2	48,0	66	100	66	6,49	14,69	6	Creme	Grécia	Não
CI 11273	708,3	28	50	37,5	8,4	68,4	68	100	78	13,28	16,11	6	Creme	Grécia	Não
CI 11277	983,3	49	40	40,5	7,8	54,0	67	0	67	8,05	17,08	6	Creme	Macedônia	Não
CI 11282	1441,7	34	48	37,0	6,4	39,6	57	70	67	8,81	14,68	6	Creme	Croácia	Não
CI 11304 PALLAS	2666,7	53	41	33,0	7,2	24,0	55	0	66	5,01	18,66	2	Creme	Suécia	Não
CI 11305 SV 02102	2325,0	69	24	40,5	8,8	23,2	75	0	70	6,30	17,64	2	Creme	Suécia	Não
CI 11344 CHAMPLAIN	4391,7	41	44	36,5	8,2	67,2	84	20	58	10,04	14,09	6	Creme	Canadá	Não
CI 11377 BUCK 3	3966,7	61	36	39,5	6,8	45,6	70	20	66	5,61	16,26	6	Creme	Argentina	Não
CI 11379 GUATRACHE ARAUCANA	3675,0	64	31	40,0	5,6	37,2	65	100	55	6,75	14,78	6	Creme	Argentina	Não
CI 11401	2858,3	7	37	28,5	5,9	38,4	85	50	65	8,47	12,27	6	Preta	Irã	Não
CI 11404	3866,7	40	40	32,5	6,6	40,8	70	0	53	3,38	12,65	6	Creme	Irã	Não
CI 11407	4225,0	41	43	43,0	9,0	24,8	85	90	51	5,90	17,09	2	Creme	Irã	Não
CI 11412	3141,7	52	40	36,5	7,4	61,2	75	100	66	6,30	15,13	6	Creme	Irã	Não
CI 11449	1041,7	66	29	43,5	7,0	48,0	72	0	68	21,15	20,17	6	Creme	Etiópia	Não
CI 11481 SWALLOW	4416,7	76	21	36,5	8,4	26,4	70	0	65	5,23	16,53	2	Creme	Alemanha	Não
CI 11489 HAARER ISDANIA	3600,0	58	34	38,0	9,2	25,6	75	0	70	13,35	19,36	2	Creme	Alemanha	Não
CI 11490 HAFNIA	2933,3	78	20	42,5	8,4	23,6	85	0	67	4,35	17,53	2	Creme	Dinamarca	Não
CI 11493 FRUGHERSTE STANKAS	4025,0	81	16	42,5	9,0	26,8	75	0	59	5,76	14,30	2	Creme	Alemanha	Não
CI 11505	2383,3	11	57	28,5	5,2	42,0	60	0	65	7,89	14,85	6	Creme	EUA	Não
CI 11524 PERUVIAN	2033,3	72	22	48,0	5,4	34,8	78	0	69	2,88	10,69	6	Creme	EUA	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 11527 HEIL HANNA	1566,7	25	46	32,5	7,4	34,8	70	0	66	12,24	19,00	2	Creme	EUA	Não
CI 11531 KINDRED	2141,7	75	23	38,0	7,0	64,8	75	0	58	8,16	17,97	6	Creme	EUA	Não
CI 11619 I 5	1825,0	18	45	33,0	6,8	55,2	70	80	67	14,72	15,62	6	Creme	Croácia	Não
CI 11622 BALKAN 1942-922	2191,7	16	60	36,0	7,0	55,2	65	20	67	3,81	16,53	6	Creme	Iugoslávia	Não
CI 11683	1433,3	65	27	39,5	5,0	59,0	60	30	67	18,21	17,75	6	Creme	Afeganistão	Não
CI 11684	4983,3	78	18	42,5	7,0	49,2	55	100	59	21,94	13,97	6	Creme	Afeganistão	Não
CI 11734	4175,0	53	36	41,0	6,4	46,8	80	20	69	16,95	17,76	6	Preta	Etiópia	Não
CI 11989	3125,0	73	23	46,5	5,8	44,4	82	100	68	9,63	16,33	6	Creme	Portugal	Não
CI 12050 S 44	2733,3	66	29	39,0	8,8	60,0	65	0	66	6,42	17,74	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12068 MAZOWIECKI	4700,0	59	33	37,5	9,2	50,8	75	100	53	26,61	13,94	6	Creme	Polônia	Não
CI 12129 PR 592	3408,3	38	47	34,0	5,2	50,4	70	0	67	11,49	15,79	6	Creme	Canadá	Não
CI 12262	4575,0	54	38	38,5	5,5	37,0	75	100	50	4,46	11,72	6	Creme	Irã	Não
CI 12268 19	3791,7	14	54	33,5	6,6	44,0	75	100	58	6,24	16,84	6	Creme	Irã	Não
CI 12269	3575,0	37	47	30,0	4,4	43,2	72	0	59	5,94	16,11	6	Creme	Irã	Não
CI 12271	5458,3	36	54	32,5	5,8	46,8	75	50	53	3,92	14,78	6	Creme	Irã	Não
CI 12276	1583,3	51	35	37,5	6,4	52,8	60	0	78	4,10	14,78	6	Creme	Índia	Não
CI 12357 MALTWORTHY	3166,7	88	11	44,0	6,6	22,4	66	0	67	8,08	19,11	2	Creme	Austrália	Não
CI 12367 BRANISOVKY	4491,7	90	8	40,0	9,0	28,8	75	0	61	5,16	14,14	2	Creme	República Tcheca	Não
CI 12399 JAPANISCHE SANTOY	1275,0	19	57	30,0	5,4	67,2	65	100	66	9,58	17,02	6	Creme	Hungria	Não
CI 12400 KAMA KURO	1941,7	27	48	27,0	4,9	61,2	70	30	68	4,54	15,76	6	Creme	Hungria	Não
CI 12419 MANFREDI M.A.G.	1691,7	79	18	46,0	5,5	52,0	80	50	64	10,41	15,76	6	Preta	Hungria	Não
CI 12420 DUPLEX	666,7	86	13	50,5	6,5	44,4	70	0	67	6,70	17,81	6	Creme	Hungria	Não
CI 12453 KAMAMUGI	1166,7	3	30	24,0	5,4	57,6	70	80	67	5,44	18,48	6	Creme	Japão	Sim
CI 12560	1383,3	20	52	38,0	7,0	43,0	65	0	67	7,37	15,57	6	Vermelha	Etiópia	Não
CI 12577	3666,7	85	12	65,0	7,4	20,4	75	100	67	15,44	16,82	2/6	Creme	Etiópia	Não
CI 12583	2650,0	55	35	43,5	6,8	57,6	85	0	67	14,03	16,80	6	Creme	Etiópia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 12585	4241,7	76	20	48,0	6,8	49,2	95	80	67	15,47	17,90	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12598	4900,0	45	46	41,5	7,6	51,6	73	70	55	6,71	14,70	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12624	416,7	40	40	40,0	6,2	44,4	68	0	67	13,54	20,31	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12631	2258,3	42	40	39,5	6,4	44,4	65	0	66	5,45	18,03	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12636	2066,7	60	36	44,0	8,2	52,8	55	50	66	29,62	18,35	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12651	1150,0	64	33	45,0	7,2	49,2	65	50	68	9,73	18,34	2/6	Preta	Etiópia	Não
CI 12653	2641,7	38	53	42,5	7,6	54,0	80	0	70	19,84	18,03	6	Vermelha	Etiópia	Não
CI 12666	2108,3	67	28	45,0	7,9	39,6	75	50	68	19,37	18,01	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12765	458,3	58	30	49,5	6,0	42,5	60	0	67	7,85	17,62	6	Creme	Argentina	Não
CI 12878	3558,3	76	20	50,0	9,4	20,0	85	100	66	20,22	17,03	2/6	Creme	Etiópia	Não
CI 12879	3441,7	53	41	46,5	6,0	43,2	80	0	56	8,68	16,62	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12884	2575,0	68	22	46,0	8,2	24,4	85	100	58	15,37	18,17	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12890	2516,7	64	31	45,0	6,7	19,0	70	50	67	13,78	17,90	6	Preta	Etiópia	Não
CI 12916	4850,0	47	39	37,5	7,1	56,4	75	70	64	13,12	14,89	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12918	5341,7	67	28	44,0	6,9	49,2	92	50	58	12,83	16,69	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12919	1516,7	72	23	42,5	6,9	46,0	60	0	66	18,11	18,69	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12920	5441,7	72	24	44,0	6,1	28,0	70	100	58	15,73	15,60	6	Creme	Etiópia	Não
CI 12931	5775,0	7	40	34,0	8,0	54,0	75	0	65	15,05	14,48	6	Creme	Etiópia	Sim
CI 12997 SEKITORIKII	2858,3	13	59	22,5	3,7	56,4	55	0	65	5,89	17,29	6	Creme	Hungria	Não
CI 13015	1700,0	82	16	57,0	7,9	25,6	85	0	69	11,86	10,68	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13017	2866,7	57	37	45,0	4,4	55,2	85	0	67	18,38	18,46	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13034	4183,3	52	40	46,0	9,0	54,0	80	0	58	18,06	18,34	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13048	3108,3	43	48	39,0	7,0	51,6	65	10	68	18,33	17,50	2/6	Preta	Etiópia	Não
CI 13069 IRBA MODA	4941,7	43	39	40,0	7,0	25,0	75	30	56	14,49	16,14	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13100 STEVELAND	950,0	41	38	35,5	7,9	65,8	65	0	67	7,82	16,68	6	Creme	EUA	Não
CI 13369	2741,7	58	36	43,5	8,6	28,0	82	0	67	9,89	16,84	6	Creme	Turquia	Não
CI 13453	2683,3	9	43	37,0	7,9	20,0	75	0	65	7,00	19,72	2	Creme	Romênia	Sim

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 13516	3183,3	63	34	48,0	6,2	44,4	80	50	69	12,58	17,08	6	Preta	Etiópia	Não
CI 13538 ECLAT	3875,0	52	37	30,0	8,9	23,2	70	0	67	3,66	14,41	2	Creme	Bélgica	Não
CI 13542 EURA	3950,0	66	29	37,0	7,3	22,0	75	0	58	3,30	17,08	2	Creme	Austria	Não
CI 13543 E 351 JABLE	2733,3	49	42	36,0	9,6	27,2	65	0	66	7,82	16,77	2	Creme	Iugoslávia	Não
CI 13574 PERFEKTA	3025,0	65	31	35,0	7,2	22,4	75	0	67	5,97	18,02	2	Creme	Austria	Não
CI 13586 KORITNICE 10	3216,7	83	16	39,0	9,1	28,8	65	0	64	5,31	17,20	2	Creme	Eslovênia	Não
CI 13625 CENTENNIAL	2408,3	90	8	37,5	6,9	25,0	65	0	67	7,40	16,18	2	Creme	Canadá	Não
CI 13626 ARIMAR	4058,3	87	12	47,0	4,0	37,2	55	0	59	6,08	12,76	6	Creme	EUA	Não
CI 13645 PIRI	2791,7	49	42	35,0	9,6	23,2	84	0	69	6,20	16,80	2	Creme	França	Não
CI 13655 PURPLE NUDUM B24	2641,7	36	25	26,5	8,0	76,8	57	50	65	6,87	13,99	2	Creme	Austrália	Sim
CI 13683 NUMAR	6166,7	67	29	46,5	5,8	45,6	60	0	53	5,75	11,95	6	Creme	EUA	Não
CI 13704	4575,0	90	9	52,0	8,0	24,4	75	50	53	9,74	16,30	2	Preta	Inglaterra	Não
CI 13711	4858,3	66	32	36,5	5,4	44,4	55	0	58	12,16	16,01	6	Creme	Colômbia	Não
CI 13715	5458,3	81	17	43,0	5,2	46,8	75	0	53	8,25	17,09	6	Creme	Colômbia	Não
CI 13752	4375,0	58	36	47,5	8,3	16,4	80	20	57	9,60	18,01	6	Preta	Etiópia	Não
CI 13755	5225,0	31	55	41,0	6,0	52,8	79	10	70	17,43	18,28	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13770	683,3	70	28	48,0	6,6	48,0	75	20	70	15,56	18,21	6	Creme	Etiópia	Não
CI 13824 ATLAS 68	5075,0	86	12	47,0	5,5	43,0	80	100	56	7,06	14,08	6	Creme	EUA	Não
CI 13866 OLYMPE	2383,3	53	35	33,0	8,2	22,0	60	0	70	4,05	17,22	2	Creme	França	Não
CI 13894	6200,0	65	30	37,0	7,0	57,6	90	0	59	22,22	12,00	6	Creme	EUA	Não
CI 13895	5333,3	42	44	40,0	6,8	66,0	55	0	60	8,69	11,71	6	Creme	EUA	Não
CI 13946 H 348	3733,3	63	31	38,0	7,3	61,2	75	0	64	7,28	14,04	6	Creme	EUA	Não
CI 13957 63AB2987	3158,3	43	37	31,0	5,4	38,0	45	0	66	12,26	11,24	6	Creme	EUA	Não
CI 14031	5775,0	80	16	47,5	5,1	51,6	80	80	66	29,41	17,34	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14032	3875,0	68	30	48,0	7,2	50,0	85	0	63	11,79	16,98	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14040	3441,7	65	33	45,0	7,6	52,8	80	50	66	12,79	17,90	6	Preta	Etiópia	Não
CI 14041	5275,0	66	32	45,0	6,8	51,6	75	0	64	14,65	17,31	6	Creme	Etiópia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 14090	2933,3	53	40	45,0	7,1	50,4	80	20	67	21,83	19,62	6	Vermelha	Etiópia	Não
CI 14146	233,3	69	30	38,5	7,5	42,0	70	0	95	15,21	24,14	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14150	4033,3	32	47	42,5	6,0	42,0	65	0	67	10,35	15,86	6	Creme	Mongólia	Sim
CI 14219	1941,7	11	56	27,0	7,6	68,4	60	50	70	10,30	17,11	6	Creme	Mongólia	Não
CI 14237	2258,3	17	43	24,0	7,2	60,0	75	50	70	11,53	17,33	6	Creme	Mongólia	Não
CI 14238	3025,0	4	29	38,0	8,2	66,0	82	0	67	9,61	15,77	6	Creme	Mongólia	Não
CI 14277	3116,7	52	38	40,0	9,6	61,2	70	100	64	13,82	16,22	6	Creme	China	Não
CI 14278	1766,7	60	30	37,5	5,3	52,8	68	70	58	12,13	17,54	6	Creme	China	Não
CI 14283	2600,0	61	31	32,0	7,0	72,0	85	90	66	7,87	17,37	6	Creme	Rússia	Não
CI 14376	1575,0	7	56	26,0	9,0	61,2	80	0	70	21,25	18,51	6	Creme	China	Não
CI 14712 ORANGE LEMMA	4683,3	15	53	29,0	6,8	57,6	60	0	57	4,75	14,59	2/6	Creme	EUA	Não
CI 14857 ELS 6402-441	4858,3	48	43	37,5	6,0	50,4	75	20	67	11,85	17,77	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14858 ELS 6402-442	1275,0	16	57	39,0	8,0	44,4	80	0	67	13,23	19,39	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14885 ELS 6402-471	4308,3	58	35	45,5	6,2	36,0	70	10	57	5,96	12,82	2/6	Creme	Etiópia	Não
CI 14916 ELS 6402-503	5416,7	18	49	39,0	9,0	52,8	70	0	66	18,80	15,00	6	Preta	Etiópia	Não
CI 14925 ELS 6402-512	5733,3	46	47	42,0	6,0	50,4	77	0	55	6,80	13,34	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14933 ELS 6402-520	4325,0	54	35	43,5	6,5	52,8	90	20	65	17,48	15,77	6	Vermelha	Etiópia	Não
CI 14939 ELS 6402-526	4533,3	40	45	46,0	5,9	49,2	88	50	52	11,94	14,19	6	Preta	Etiópia	Não
CI 14969 ELS 6402-556	1625,0	58	38	48,5	8,9	55,2	85	30	68	17,45	19,17	6	Creme	Etiópia	Não
CI 14997 ELS 6402-584	3166,7	68	26	40,0	4,8	64,8	80	100	69	23,29	18,68	6	Creme	Etiópia	Não
CI 15039	4200,0	77	20	41,5	4,6	39,6	64	70	58	4,97	13,30	2	Creme	Alemanha	Não
CI 15116 52PI 344912	1600,0	38	47	41,0	7,5	51,6	75	100	68	7,54	16,22	6	Creme	Bósnia e Herzegovina	Não
CI 15215 HARLAN II	3058,3	83	15	46,0	5,2	39,0	60	100	58	7,93	14,10	6	Creme	EUA	Não
CI 15245 51AB4934	3775,0	90	9	41,0	6,4	52,8	65	100	65	13,48	18,05	6	Creme	EUA	Não
CI 15277 SAFRA 1206-6	1041,7	37	47	33,5	5,4	49,2	60	100	57	12,56	16,62	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15278 JEBALI 1206-7	3700,0	55	34	36,5	5,9	42,0	57	100	50	4,80	15,66	2/6	Creme	Tunísia	Não
CI 15279 2528-23	5508,3	58	32	38,0	6,2	48,0	63	100	52	7,28	14,69	6	Creme	Tunísia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 15280 2728-25	5325,0	62	29	40,0	5,2	44,4	75	100	53	5,52	14,55	2/6	Creme	Tunísia	Não
CI 15281 3102-16	5783,3	51	34	37,0	6,0	35,8	60	100	59	6,24	15,32	2/6	Creme	Tunísia	Não
CI 15283 3124-9	2541,7	65	31	39,0	6,1	37,2	70	100	57	4,09	14,77	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15295 DJEBAI 2318-47	3525,0	52	35	37,5	5,7	45,6	65	100	55	5,33	15,63	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15296 DJEBAI 2316-57	4558,3	62	30	41,0	5,6	43,2	65	100	52	5,75	12,80	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15297 FRIGUI 3246-55	2525,0	54	35	34,5	5,8	48,2	65	100	61	4,88	16,03	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15300 FRIGUI 2432-49	4275,0	63	30	40,0	4,8	31,2	65	100	51	5,31	14,70	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15302 1356-33	4683,3	57	36	38,0	5,5	39,6	63	100	50	4,33	13,87	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15305 JEBALI 2122-119	4141,7	72	25	42,0	4,4	34,8	55	50	58	3,50	12,56	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15311 HMIRA	3916,7	77	20	43,0	5,2	33,6	60	100	53	4,42	14,62	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15313 DJEBAI 1124-63	3708,3	58	28	40,0	4,9	35,0	65	100	48	5,60	14,00	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15315 DJEBAI 2132-67	3108,3	56	38	36,5	5,4	28,8	55	100	53	3,96	16,01	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15318 3380-35	3875,0	51	38	39,0	4,1	27,6	60	100	51	6,16	15,44	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15319 3248-37	3700,0	53	38	38,5	4,8	39,6	68	100	58	3,32	14,92	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15322 3102-77	2758,3	52	37	39,5	5,6	38,4	70	0	55	6,10	15,46	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15323 2222-79	5350,0	76	20	44,0	4,4	34,8	53	10	52	4,37	13,21	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15324 2260-85	4516,7	53	40	40,0	6,2	44,4	75	20	53	4,99	14,30	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15325 2244-87	4883,3	44	40	35,0	6,2	44,4	60	100	55	4,64	15,03	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15326 2238-83	4375,0	63	33	41,5	5,5	30,0	45	0	51	4,80	16,10	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15328 JEBALI 2176-89	3141,7	36	37	31,0	4,2	34,8	62	100	57	6,81	16,37	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15332 JEBALI 3360-97	4441,7	71	25	42,5	4,6	42,0	70	100	57	4,61	14,69	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15334 JEBALI 4310-103	3508,3	49	38	35,0	7,0	44,5	60	100	52	3,99	14,11	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15335 JEBALI 4138-105	4358,3	53	36	37,5	5,6	37,2	55	100	58	3,76	15,48	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15343 JEBALI 3220-144	2991,7	47	38	36,0	4,6	39,6	60	100	51	9,70	14,71	6	Creme	Tunísia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
CI 15347 JEBALI 5208-152	3833,3	66	29	43,5	5,4	37,2	50	100	58	5,42	13,50	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15356 JEBALI 1234-170	4183,3	61	30	36,5	5,2	38,0	55	100	58	5,20	15,97	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15361 JEBALI 2346-180	3150,0	63	29	40,0	5,1	44,4	60	100	56	5,49	12,76	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15362 JEBALI 2344-182	3483,3	64	27	40,0	6,0	43,2	65	100	56	14,04	14,91	6	Creme	Tunísia	Não
CI 15506 FLX65-205-8	3275,0	56	35	38,0	6,8	50,4	85	0	58	7,76	13,39	6	Creme	EUA	Não
CI 15536 IV 363 UC SIGNAL	1283,3	56	31	40,0	6,1	57,6	40	0	65	4,05	11,21	6	Creme	EUA	Não
CI 15560 QB 136-4-1	6666,7	74	22	38,5	8,6	73,2	80	0	58	9,46	13,66	6	Creme	Canadá	Não
CI 15563 QB 136-17	3750,0	49	36	32,5	7,8	64,8	75	0	59	8,91	14,79	6	Creme	Canadá	Não
CI 15565 QB 136-20	6408,3	84	14	40,5	7,8	63,6	90	0	58	11,14	15,10	6	Creme	Canadá	Não
CI 15580 QB 136-41	6041,7	64	29	38,5	8,3	70,0	80	0	58	11,21	13,59	6	Creme	Canadá	Não
CI 15591 QB 139-1	5650,0	54	38	34,5	8,6	72,0	70	0	57	11,67	13,75	6	Creme	Canadá	Não
CI 15594 QB 139-8	3466,7	66	27	37,0	7,3	64,8	70	0	65	10,81	13,89	6	Creme	Canadá	Não
CI 16493 ISOGENIC	3850,0	58	37	36,5	9,6	72,0	87	50	67	15,72	14,25	6	Creme	EUA	Não
CI 16523 ISOGENIC: LATE MATURITY	3383,3	43	47	32,0	8,1	75,6	82	0	67	11,09	11,89	6	Creme	EUA	Não
CI 16528 ISOGENIC: NORMAL MATURITY	3275,0	29	54	30,0	8,4	67,2	85	0	69	15,19	17,26	6	Creme	EUA	Não
CI 16547 ISOGENIC: NORMAL LEMMA	3783,3	44	46	32,5	8,2	72,0	65	0	67	15,58	14,98	6	Creme	EUA	Não
CI 16556 ISOGENIC: TITAN	2825,0	38	51	35,5	7,9	61,2	70	0	70	12,31	16,59	6	Creme	EUA	Não
MCU 3421 PI 401899	3333,3	70	25	37,5	8,2	42,0	75	0	58	1,81	13,59	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3429 PI 401904	3033,3	75	22	37,5	4,8	44,4	70	0	60	2,07	14,23	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3435 PI 401913	3925,0	86	12	43,0	5,4	42,0	70	0	53	8,05	13,77	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3448 PI 401926	5208,3	67	28	37,0	6,6	52,8	85	30	53	10,19	12,83	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3449 PI 401927	5983,3	77	20	37,5	5,0	49,2	70	0	53	3,51	13,32	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3452 PI 401930	5758,3	79	17	41,0	5,5	50,4	75	0	49	6,22	12,85	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3453 PI 401931	3441,7	80	17	39,5	5,9	48,0	60	0	57	4,30	15,20	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3454 PI 401932	4700,0	70	25	28,5	5,8	48,0	80	0	49	10,59	13,26	6	Creme	Colômbia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
MCU 3455 PI 401933	4000,0	87	10	38,5	6,2	49,2	80	20	56	11,24	14,62	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3457 PI 401935	3750,0	36	45	34,5	7,7	56,4	85	100	58	16,29	17,01	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3458 PI 401936	4608,3	34	46	32,5	5,2	52,8	70	0	48	4,89	15,02	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3461 PI 401939	5500,0	83	15	40,0	7,9	50,4	95	50	53	6,93	14,57	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3467 PI 401945	4525,0	61	34	36,5	5,8	56,4	65	0	51	2,63	14,13	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3469 PI 401947	6608,3	92	7	41,0	7,0	52,8	95	0	47	6,64	14,33	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3470 PI 401948	4058,3	79	16	38,0	5,6	40,8	82	0	51	5,14	12,89	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3478 PI 401956	4850,0	88	10	43,0	6,0	50,4	75	0	53	4,99	12,01	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3482 PI 401960	4383,3	64	31	36,0	5,8	37,2	65	0	56	6,17	15,10	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3484 PI 401962	5783,3	82	15	37,5	6,1	57,6	70	0	47	5,93	12,41	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3488 PI 401966	3616,7	70	23	40,0	5,0	45,6	55	0	49	2,63	14,01	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3489 PI 401967	5333,3	88	9	37,5	5,4	56,4	75	0	48	5,33	16,03	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3491 PI 401969	3908,3	79	18	36,5	4,2	34,8	75	0	48	3,31	15,28	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3493 PI 401971	4300,0	55	39	38,0	7,0	44,4	75	50	53	4,44	13,34	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3502 PI 401980	8266,7	94	5	45,0	7,1	47,0	83	20	52	12,09	13,20	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3512 PI 401990	3550,0	63	30	34,5	6,0	64,8	80	0	53	4,16	13,84	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3515 PI 401993	4125,0	58	34	35,0	4,9	45,6	70	70	50	4,58	14,81	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3550 PI 402028	4475,0	76	22	41,0	6,0	46,0	65	0	58	2,57	14,84	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3555 PI 402033	3266,7	65	27	38,5	6,8	50,4	80	0	65	17,24	16,98	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3556 PI 402034	4433,3	90	8	42,5	7,8	45,6	70	0	56	6,23	14,34	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3568 PI 402046	6733,3	67	28	38,5	6,8	56,2	75	100	49	6,21	14,65	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3571 PI 402049	4641,7	81	16	39,5	6,2	51,6	72	0	50	14,25	15,14	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3576 PI 402054	5025,0	20	52	36,5	8,0	50,4	80	10	59	13,27	17,78	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3592 PI 402070	5875,0	81	17	40,0	5,3	43,2	70	0	47	2,59	13,60	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3605 PI 402083	4041,7	76	20	36,5	6,2	51,6	82	0	53	8,75	15,91	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3634 PI 402112	6275,0	83	13	42,5	6,6	56,4	80	0	49	5,07	15,70	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3635 PI 402113	3250,0	31	46	30,0	8,3	70,8	85	0	58	6,87	13,80	6	Creme	Colômbia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
MCU 3645 PI 402123	3566,7	56	36	38,5	7,4	54,0	77	0	53	7,71	15,28	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3653 PI 402131	4933,3	70	26	32,5	5,0	50,4	80	30	49	4,48	14,07	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3654 PI 402132	4650,0	83	16	37,5	5,2	54,0	80	0	52	12,32	12,50	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3656 PI 402134	4925,0	55	36	32,5	6,2	55,2	85	0	58	10,51	13,98	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3689 PI 402167	3541,7	69	27	39,0	5,4	44,4	72	20	59	9,81	11,57	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3700 PI 402178	4458,3	83	14	41,5	5,2	42,0	80	0	52	26,84	17,02	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3706 PI 402184	3408,3	74	23	41,0	6,6	48,0	84	0	65	9,54	14,81	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3719 PI 402197	6183,3	94	5	41,0	5,2	45,6	75	0	58	4,27	12,44	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3721 PI 402199	4900,0	85	13	42,0	5,4	49,2	75	0	57	9,13	16,66	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3750 PI 402228	5058,3	80	17	40,0	5,1	52,8	70	0	55	7,08	15,35	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3752 PI 402230	4450,0	61	32	32,0	5,4	48,0	80	0	53	13,42	15,83	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3766 PI 402244	4266,7	79	18	37,5	6,0	54,0	75	0	63	8,46	15,38	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3773 PI 402251	2800,0	72	25	36,5	6,4	45,6	60	0	58	6,08	14,07	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3778 PI 402256	4550,0	58	21	37,5	7,2	52,8	75	30	59	4,54	14,90	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3780 PI 402258	4550,0	71	26	36,0	8,0	54,0	75	0	52	3,10	14,72	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3813 PI 402291	3950,0	90	9	45,0	4,1	35,0	80	0	53	7,80	14,30	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3816 PI 402294	5025,0	88	11	42,0	6,0	39,6	80	0	52	7,37	13,35	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3818 PI 402296	5200,0	93	5	45,0	6,8	48,0	90	0	50	9,31	15,29	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3827 PI 402305	5700,0	83	16	38,5	5,4	48,0	80	0	48	7,11	13,74	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3832 PI 402310	5033,3	73	23	33,5	7,4	60,0	70	0	58	10,50	16,03	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3841 PI 402319	4366,7	79	18	41,0	4,2	43,2	65	0	58	3,83	16,26	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3850 PI 402328	5666,7	70	24	36,5	4,9	48,8	80	0	50	4,33	14,38	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3851 PI 402329	5141,7	83	16	40,5	5,0	52,8	85	0	56	4,70	14,15	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3852 PI 402330	4475,0	86	13	40,5	7,1	57,6	75	0	53	4,64	12,67	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3854 PI 402332	4258,3	48	46	37,5	6,8	62,4	85	0	51	6,87	13,00	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3858 PI 402336	4491,7	75	20	42,5	4,9	45,6	74	50	49	5,42	16,85	6	Creme	Colômbia	Não
MCU 3865 PI 402343	7450,0	86	12	43,0	5,2	44,4	70	0	52	4,84	13,75	6	Creme	Colômbia	Não

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características															
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA	
MCU 3870 PI 402348	5933,3	75	22	35,0	6,8	61,2	66	0	55	12,00	13,11	6	Creme	Colômbia	Não	
MCU 3876 PI 402354	5058,3	49	43	39,0	7,2	64,8	74	0	50	6,29	18,46	6	Creme	Colômbia	Não	
MCU 3878 PI 402356	5950,0	61	31	38,0	4,6	41,2	75	0	49	5,53	15,92	6	Creme	Colômbia	Não	
MCU 3883 PI 402361	5366,7	59	35	40,5	4,2	44,4	70	0	49	6,16	16,98	6	Creme	Colômbia	Não	
MCU 3884 PI 402362	5100,0	82	17	37,0	5,0	49,2	70	30	53	4,64	14,48	6	Creme	Colômbia	Não	
PI 327910 A HOR 55/61	4558,3	31	47	30,5	6,6	44,4	77	0	58	8,75	14,98	6	Creme	Bulgária	Não	
PI 328151 A HOR 368/31	3366,7	42	45	37,0	5,2	42,0	70	100	51	5,94	16,89	6	Creme	Turquia	Não	
PI 328180 A HOR 421/61	2941,7	29	45	38,5	7,6	58,8	65	100	61	3,45	17,96	6	Creme	Turquia	Não	
PI 328273 A HOR 528/57	2066,7	36	52	36,5	8,1	49,0	70	100	59	7,23	17,35	6	Creme	Turquia	Não	
PI 328937 EGYPT	3358,3	70	25	25,5	4,8	49,2	50	100	50	7,93	14,62	6	Creme	Egito	Não	
PI 328958 A HOR 2502/60	2875,0	46	43	33,5	6,0	24,0	65	40	46	3,88	15,29	6	Creme	Irã	Não	
PI 329080 H HOR 1073/61	3725,0	64	28	42,5	7,6	62,4	55	100	68	25,46	13,66	6	Creme	Turquia	Não	
PI 329126 H HOR 2325/58	4741,7	50	40	32,5	6,6	55,2	70	50	57	16,51	13,82	6	Creme	Afeganistão	Não	
PI 356412 E 273/2	3450,0	45	45	40,0	6,4	49,2	80	100	61	15,26	17,12	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356414 E 273/4	4883,3	31	52	38,5	5,6	52,8	80	30	59	15,00	17,33	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356434 E 310/3	3791,7	52	32	43,0	5,4	50,4	85	0	59	4,46	17,72	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356437 E 2/320	2791,7	77	19	44,0	8,0	19,2	85	50	58	10,25	17,26	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356466 E 362/2	3583,3	9	49	37,5	4,6	42,0	75	0	66	22,65	17,44	6	Preta	Etiópia	Sim	
PI 356474 E 363/3	3250,0	9	46	33,0	6,4	34,8	65	0	63	16,87	19,21	6	Preta	Etiópia	Sim	
PI 356484 E 377/6	2466,7	37	47	38,5	8,7	20,4	67	80	67	23,22	17,52	6	Preta	Etiópia	Não	
PI 356491 E 384/10	3750,0	78	19	36,5	7,8	60,0	70	0	59	7,65	14,01	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356495 E 3/416	5241,7	26	48	35,5	7,2	55,2	80	10	61	18,24	16,28	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356556 E 460/2	2141,7	22	52	41,1	6,6	48,0	60	0	67	15,55	19,27	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356622 E 557/3	1925,0	84	13	45,0	4,8	39,6	72	100	57	8,05	15,19	6	Creme	Etiópia	Não	
PI 356697 MOR 7/6	2250,0	51	45	46,5	4,6	40,8	55	50	59	4,64	16,03	6	Creme	Marrocos	Não	
PI 356804 WPBS/CAN 2/184	4891,7	77	20	43,5	8,0	49,2	76	100	61	6,72	20,68	6	Creme	Canadá	Não	

Tabela 1. Continuação...

Acesso	Características														
	REND	CLASS1	CLASS2	PMS	TE	GE	ALT	ACAM	ESP	AFBAND	PROT	NFG	COR	ORIGEM	NUA
PI 361636 GALOVER (C A N 1126)	4525,0	64	29	34,0	8,4	68,4	60	0	58	6,44	11,76	2/6	Creme	Dinamarca	Não
PI 370799 179A	2008,3	4	18	30,0	8,2	51,6	84	0	66	18,06	19,18	6	Creme	Suíça	Sim
PI 370899 532C	4233,3	94	5	40,0	7,8	23,6	75	0	59	4,21	17,86	2	Creme	Suíça	Não
PI 370909 547D	3591,7	78	21	38,0	7,4	24,8	70	20	64	3,57	15,73	2	Creme	Suíça	Não
PI 370929 582C	3208,3	55	33	34,0	5,6	48,0	65	100	58	10,43	17,71	6	Creme	Suíça	Não
PI 371091 1026B	6441,7	77	20	45,0	8,8	25,8	80	20	58	9,43	16,38	2	Creme	Suíça	Não
PI 371113 1104B	2725,0	82	14	42,0	11,2	30,4	70	50	68	13,22	16,17	2	Creme	Suíça	Não
PI 371268 1850A	1683,3	26	55	30,0	6,5	45,6	85	30	69	11,96	18,41	6	Creme	Suíça	Não
PI 371415 2043C	5858,3	34	50	31,0	5,0	52,8	70	0	57	23,40	13,73	6	Creme	Suíça	Não
PI 371440 2072A	2000,0	13	59	29,5	7,0	48,2	80	50	65	15,28	19,24	6	Creme	Suíça	Não
PI 371443 2072E	4241,7	79	18	39,5	9,6	27,2	90	0	61	7,52	17,54	2	Creme	Suíça	Não
PI 371450 2075C	5500,0	35	56	34,0	8,2	64,8	80	0	56	7,28	12,58	6	Creme	Suíça	Não
PI 371463 2109A	3458,3	83	16	40,0	8,0	26,0	85	10	68	10,28	17,97	2	Creme	Suíça	Não
PI 371464 2110B	2225,0	63	31	33,5	3,7	21,6	68	0	67	5,53	15,56	2	Creme	Suíça	Não
PI 371474 2118D	4475,0	75	21	40,0	11,2	30,0	85	0	67	18,67	18,69	2	Creme	Suíça	Não
PI 371478 2120A	3050,0	58	38	33,0	8,8	26,0	77	0	68	5,73	17,22	2	Creme	Suíça	Não
PI 371632 CARINA	5783,3	78	20	42,0	9,2	29,6	80	0	68	15,13	16,97	2	Creme	Alemanha	Não
PI 371639 ROBIN	3658,3	83	15	40,5	7,6	23,0	60	0	61	11,25	16,34	2	Creme	França	Não
PI 379558 SATSUKI-NIYJO	475,0	62	30	37,0	9,7	26,8	60	0	67	4,22	18,61	2	Creme	Japão	Não
BRS 180 (T)	5063,9	70	22	37,4	8,2	63,8	75	1,34	58	10,78	12,13	6	Creme	Brasil	Não
BRS 195 (T)	2908,3	80	17	41,0	7,6	23,9	63	0	69	5,03	16,76	2	Creme	Brasil	Não
Ideótipo	9108,3	95	2	65	12,6	76,8	40	0	38	30,5398	12,5	-	-	-	-

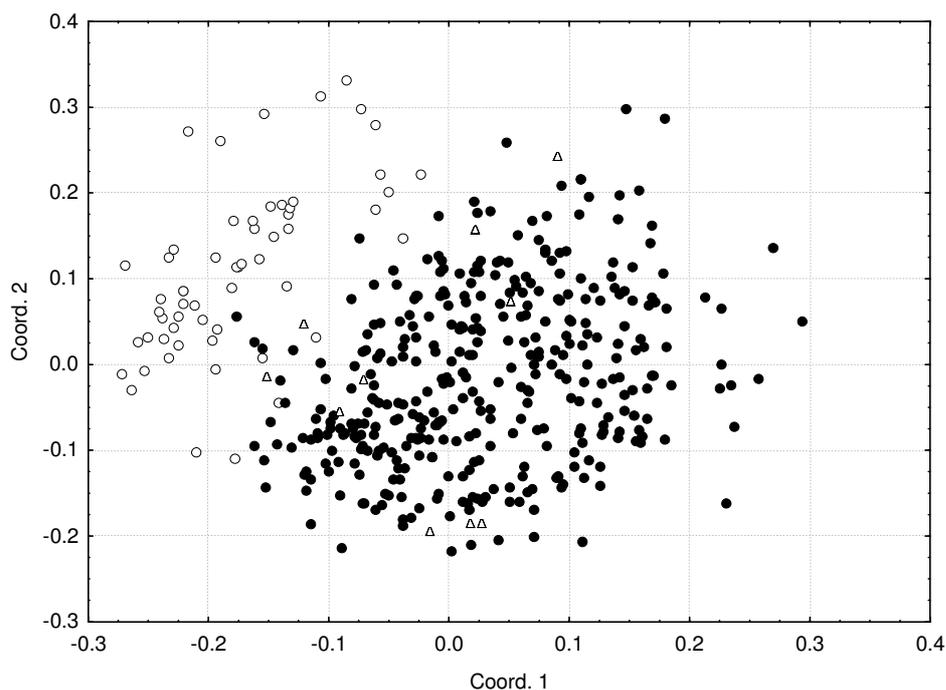


Figura 1. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o número de fileiras de grãos na espiga (NFGRÃO)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – 6 fileiras de grãos; ○ – 2 fileiras de grãos; Δ – irregular.

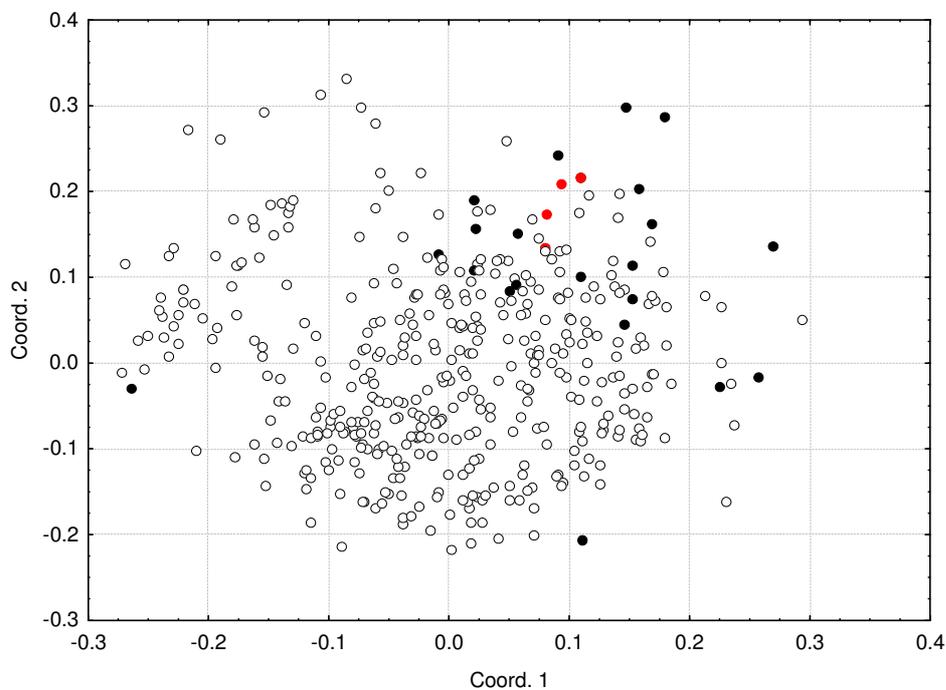


Figura 2. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a cor do grão (COR)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ○ – creme; ● – preto; ● – vermelho.

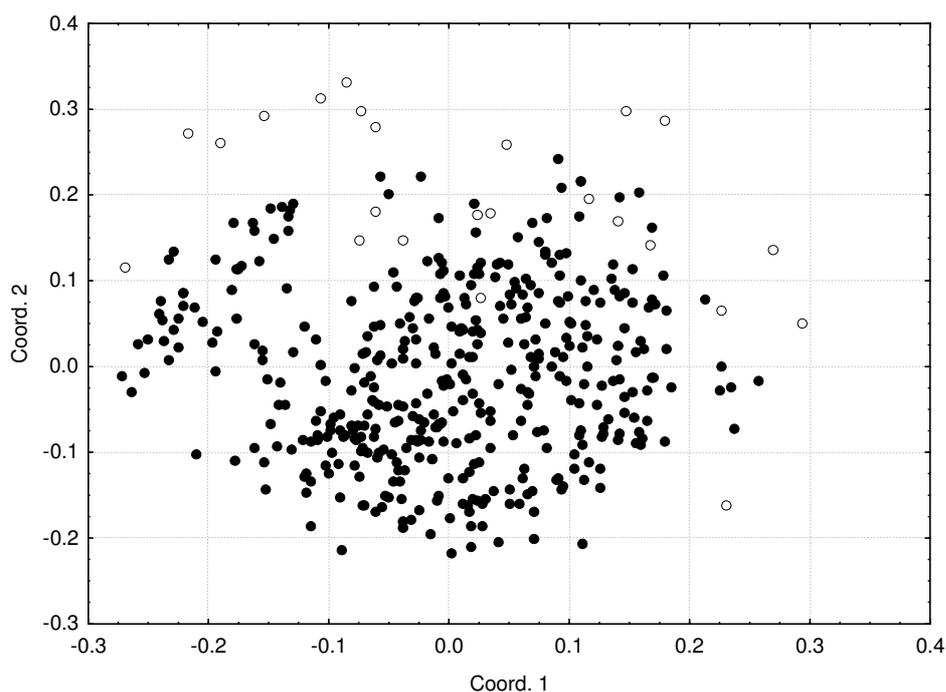


Figura 3. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a adesão da pálea e lema ao grão (NUA)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – pálea e lema aderidos ao grão; ○ – pálea e lema não aderidos ao grão (cevada nua).

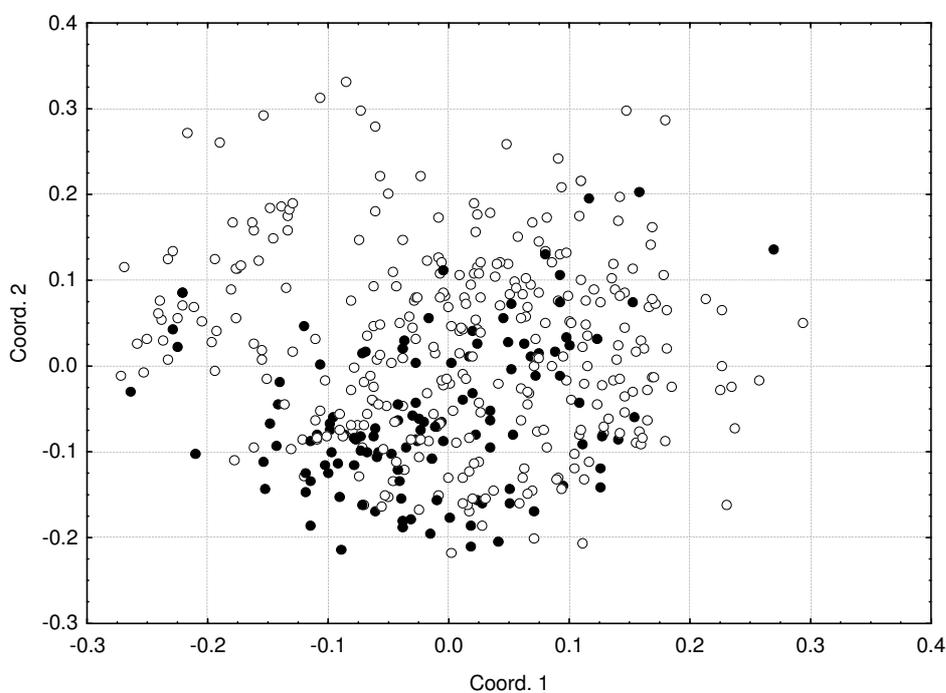


Figura 4. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o rendimento estimado de grãos (REND)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – REND $\geq 4.500,0 \text{ kg ha}^{-1}$; ○ – REND $< 4.500,0 \text{ kg ha}^{-1}$.

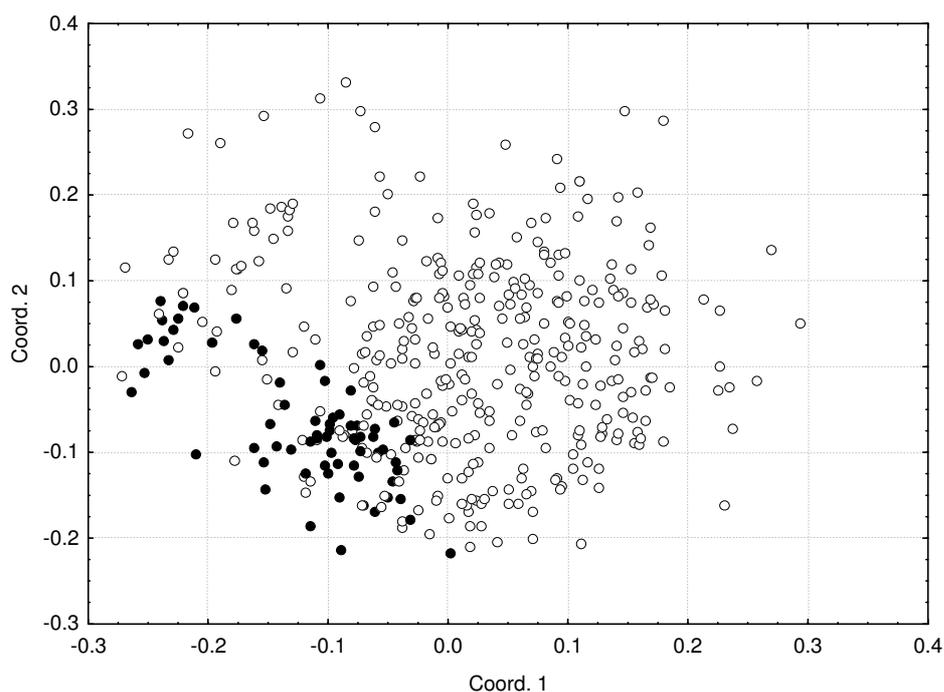


Figura 5. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a classificação comercial de primeira (CLASS1)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – CLASS1 \geq 80%; ○ – CLASS1 < 80%.

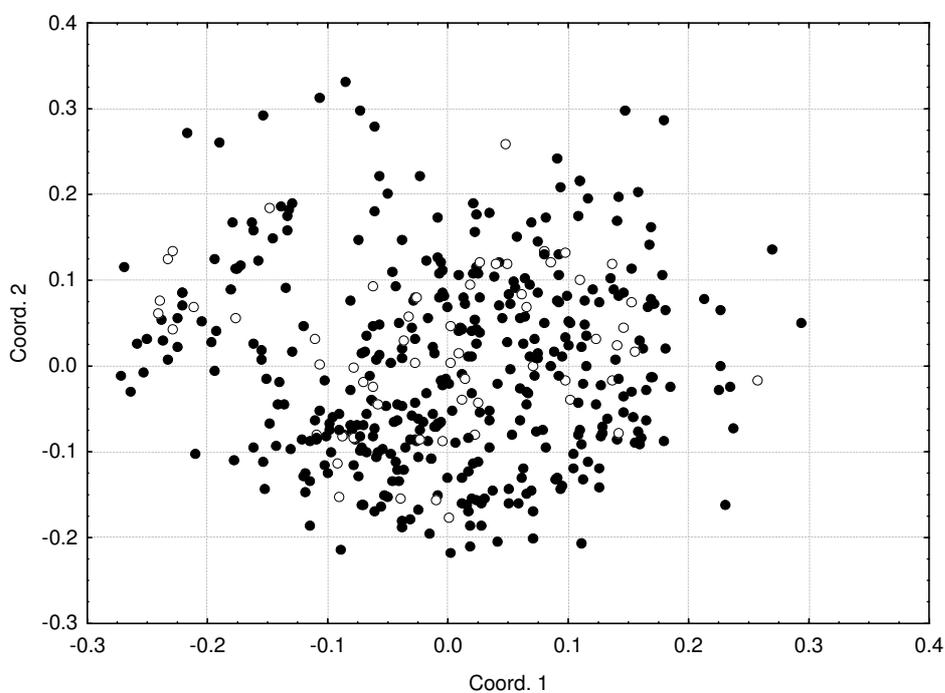


Figura 6. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando a altura de plantas (ALT)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – ALT \leq 80 cm; ○ – ALT > 80 cm.

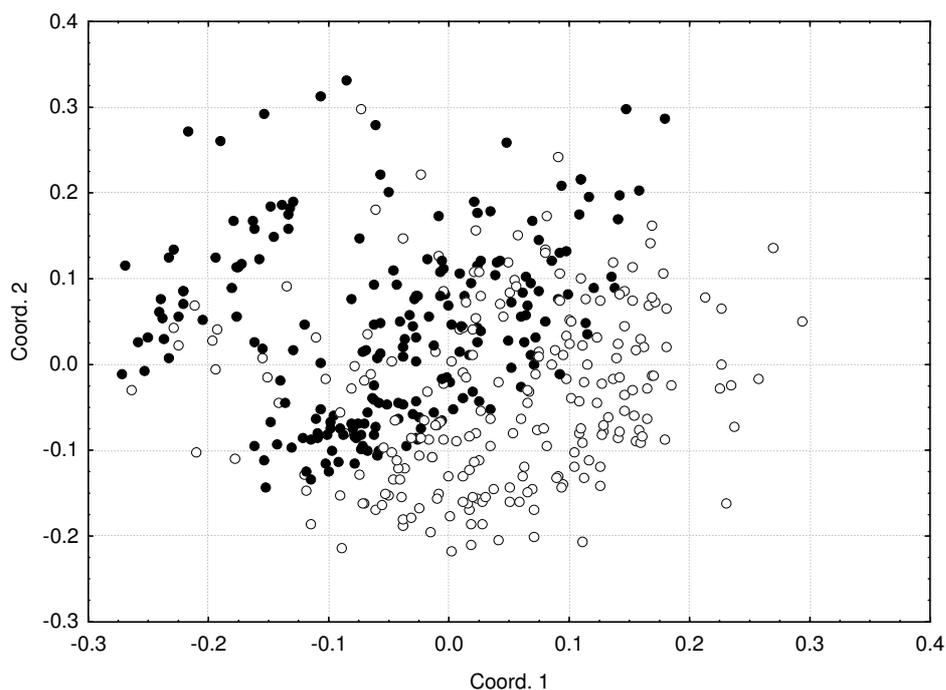


Figura 7. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o grau de acamamento (ACAM)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – ACAM = 0; ○ – ACAM > 0.

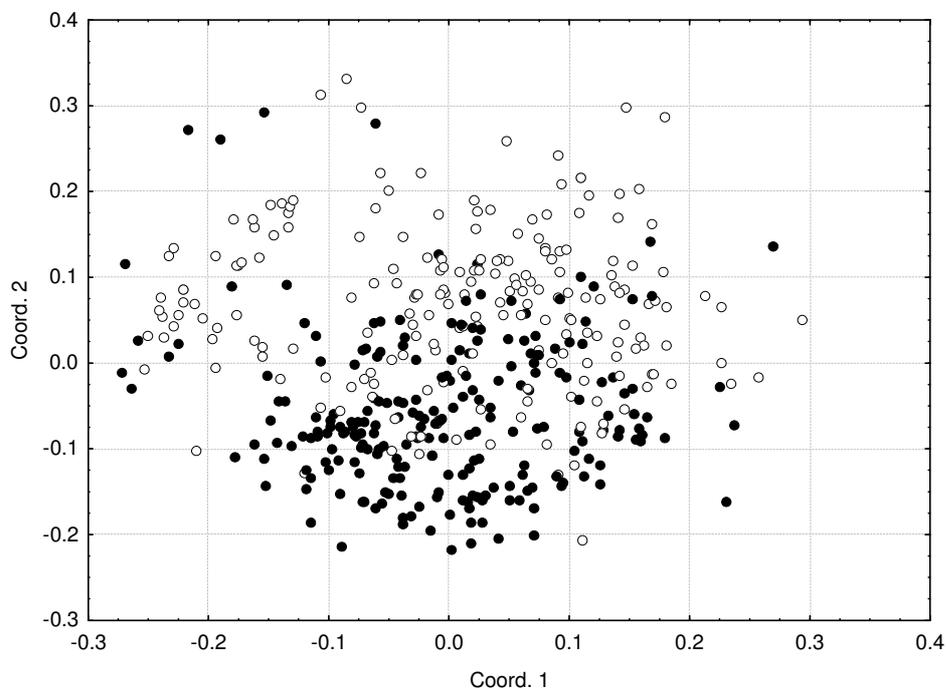


Figura 8. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o número de dias para espigamento (ESP)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – ESP ≤ 60 dias; ○ – ESP > 60 dias.

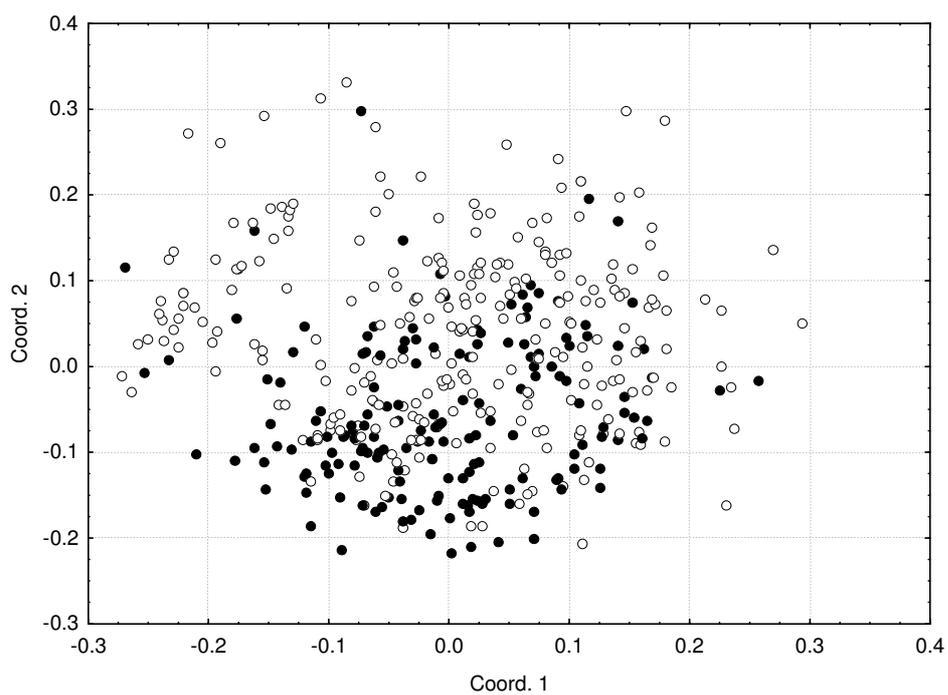


Figura 9. Dispersão gráfica dos 435 acessos de cevada baseadas na dissimilaridade genética utilizando o índice de Gower para 11 descritores morfoagronômicos quantitativos e quatro categóricos, a partir de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais. As legendas foram obtidas considerando o teor de proteína no grão (PROT)⁽¹⁾. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2010.

¹ ● – PROT < 15%; ○ – PROT ≥ 15%.

8. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O melhoramento genético vegetal é uma ciência que necessita de constante evolução. Os avanços em pesquisa nesse âmbito garantem a manutenção e o aumento da competitividade agrícola brasileira frente às constantes demandas dos mercados nacional e internacional.

Os resultados obtidos neste experimento permitem impetrar ganhos por seleção em programas de melhoramento genético destinados à adaptação e à produção comercial da cevada em ambiente de Cerrado irrigado, aumentando sua eficiência a partir da análise dos parâmetros genéticos aqui apresentados. Além disso, fornece dados agronômicos e industriais de acessos exóticos, integrando nova variabilidade a fim de aumentar a base genética disponível em coleções de trabalho e possibilitando hibridações que podem resultar em efeito heterótico e, portanto, geração de linhagens de cevada superiores, quando cultivadas durante o inverno do Cerrado sob sistema irrigado.

A caracterização e a valorização de ampla diversidade genética disponível em bancos de germoplasma abrem portas para novas oportunidades de trabalho. O uso coerente dessa ferramenta biotecnológica é capaz de romper barreiras preestabelecidas no melhoramento genético, com avanços cada vez maiores para a sustentabilidade do agronegócio, de forma a adaptar espécies vegetais às mudanças climáticas e a ambientes diversos de seus centros de origem e dispersão.

Para o futuro, espera-se um aprofundamento científico na compreensão desses recursos genéticos, conhecendo os acessos em nível molecular e gerando informações agronômicas e industriais precisas. Ademais, o processo de caracterização de novos acessos provenientes de bancos de germoplasma deve ser feito concomitantemente, garantindo populações com elevada frequência de alelos desejáveis em cevada.

9. ANEXOS

```

=====
Programa GENES                GENÓTIPOS COM TESTEMUNHAS INTERCALARES
Arquivo de dados              C:\Users\Vitor\Desktop\GENES\ANOVA\433gen2test15carac.txt
Número de variáveis           13
Número de genótipos           433
Número de testemunhas         2
Data                           08-05-2011
=====

```

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Rend

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	983148594,885	2275806,932604	5,1457	,0
Testemunhas	1	34848076,296333	34848076,296333	78,7926	,0
Resíduo	28	12383732,9854	442276,17805		

MÉDIA geral	3557,14470842333
MÉDIA dos genótipos	3527,42378752887
MÉDIA das testemunhas	3986,11666666667
CV(%) geral	18,6958511147661
CV(%) genótipos	18,8533762508161
CV(%) testemunhas	16,683868893876

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	2275806,932604
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	442276,17805
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	1833530,754554
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	80,5662
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	38,3872
RAZÃO CVg/CVe	2,0361

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	2323205,086422
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	29485,078537
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	2293720,007886
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	98,7308
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela) - %	83,8349
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	37,9945
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	2,2773
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => 1No

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	426,110855	,986368	,1252	100,0
Testemunhas	1	264,033333	264,033333	33,5027	,0
Resíduo	28	220,666667	7,880952		

MÉDIA geral	29,511879049676
MÉDIA dos genótipos	29,3325635103926
MÉDIA das testemunhas	32,1
CV(%) geral	9,51245224171014
CV(%) genótipos	9,570603671367
CV(%) testemunhas	8,74549345866571

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	,986368
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	7,880952
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	,0
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	,
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	,
RAZÃO CVg/CVe	,

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	17,602222
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,525397
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	17,076825
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	97,0152
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	68,4229
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	12,8736
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	1,472
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => 2No

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	521,542725	1,207275	,1982	100,0
Testemunhas	1	240,833333	240,833333	39,5426	,0
Resíduo	28	170,533333	6,090476		
MÉDIA geral		36,7149028077754			
MÉDIA dos genótipos		36,540415704388			
MÉDIA das testemunhas		39,2333333333333			
CV(%) geral		6,72176371525452			
CV(%) genótipos		6,75386135447728			
CV(%) testemunhas		6,29028635944947			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	1,207275
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	6,090476
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	,0
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	,
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	,
RAZÃO CVg/CVe	,

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	16,055556
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,406032
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	15,649524
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	97,4711
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	71,9849
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	10,0831
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	1,603
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Class1

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	211700,378753	490,047173	3,7098	,000052
Testemunhas	1	653,333333	653,333333	4,9459	,03439
Resíduo	28	3698,666667	132,095238		
MÉDIA geral		57,866090712743			
MÉDIA dos genótipos		56,6789838337182			
MÉDIA das testemunhas		75			
CV(%) geral		19,8618380994358			
CV(%) genótipos		20,2778322306484			
CV(%) testemunhas		15,3243590024503			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	490,047173
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	132,095238
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	357,951935
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	73,0444
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	33,3803
RAZÃO CVg/CVe	1,6461

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	43,555556
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	8,806349
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	34,749206
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	79,7813
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	20,8273
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	7,8598
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	,5129
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Class2

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	75090,166282	173,819829	4,2479	,000012
Testemunhas	1	197,633333	197,633333	4,8299	,036404
Resíduo	28	1145,733333	40,919048		
MÉDIA geral		31,2354211663067			
MÉDIA dos genótipos		32,0438799076212			
MÉDIA das testemunhas		19,5666666666667			
CV(%) geral		20,4793134085729			
CV(%) genótipos		19,9626256669819			
CV(%) testemunhas		32,6923328541857			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	173,819829
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	40,919048
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	132,900782
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	76,4589
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	35,9765
RAZÃO CVg/CVe	1,8022

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	13,175556
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	2,727937
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	10,447619
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	79,2955
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	20,3393
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	16,5193
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	,5053
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => PMS

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	15324,8272	35,474137	5,5789	,0
Testemunhas	1	95,052	95,052	14,9484	,000598
Resíduo	28	178,0427	6,358668		
MÉDIA geral		38,7356371490281			
MÉDIA dos genótipos		38,7025404157044			
MÉDIA das testemunhas		39,2133333333333			
CV(%) geral		6,50987075428572			
CV(%) genótipos		6,51543771330216			
CV(%) testemunhas		6,4305676153965			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	35,474137
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	6,358668
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	29,115469
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	82,0752
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	13,9419
RAZÃO CVg/CVe	2,1398

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	6,3368
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,423911
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	5,912889
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	93,3103
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	48,1837
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	6,2011
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	,9643
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => TE

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	941,8083	2,180112	3,1991	,000231
Testemunhas	1	2,408333	2,408333	3,534	,070563
Resíduo	28	19,0814	,681479		
MÉDIA geral		6,81641468682505			
MÉDIA dos genótipos		6,74110854503464			
MÉDIA das testemunhas		7,90333333333333			
CV(%) geral		12,1107237727641			
CV(%) genótipos		12,246014856645			
CV(%) testemunhas		10,4451769792599			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	2,180112
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,681479
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	1,498633
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	68,7411
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	18,16
RAZÃO CVg/CVe	1,4829

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	,160556
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,045432
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	,115124
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	71,7033
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	14,4518
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	4,2931
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	,411
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => GE

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	72803,8459	168,527421	6,4927	,0
Testemunhas	1	11952,048	11952,048	460,4633	,0
Resíduo	28	726,784	25,956571		
MÉDIA geral		46,4976241900648			
MÉDIA dos genótipos		46,6817551963048			
MÉDIA das testemunhas		43,84			
CV(%) geral		10,9570312478875			
CV(%) genótipos		10,9138124532943			
CV(%) testemunhas		11,6212573267123			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	168,527421
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	25,956571
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	142,57085
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	84,598
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	25,5781
RAZÃO CVg/CVe	2,3436

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	796,8032
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	1,730438
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	795,072762
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	99,7828
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	96,8385
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	64,3181
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	5,5345
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Alt

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	39348,050808	91,083451	1,7992	,030549
Testemunhas	1	1032,533333	1032,533333	20,3962	,000101
Resíduo	28	1417,466667	50,62381		
MÉDIA geral		72,0345572354212			
MÉDIA dos genótipos		72,2448036951501			
MÉDIA das testemunhas		69			
CV(%) geral		9,87726078956067			
CV(%) genótipos		9,84851603552151			
CV(%) testemunhas		10,3116537344172			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	91,083451
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	50,62381
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	40,459641
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	44,4204
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	8,8045
RAZÃO CVg/CVe	,894

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	68,835556
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	3,374921
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	65,460635
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	95,0971
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	56,3905
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	11,7258
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	1,1371
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Acam

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	,800487	,001853	29,9228	,0
Testemunhas	1	,000133	,000133	2,1538	,153355
Resíduo	28	,001734	,000062		
MÉDIA geral		0,0396995234319654427645788337			
MÉDIA dos genótipos		0,0423039797944572748267898383			
MÉDIA das testemunhas		0,0021085366			
CV(%) geral		19,822076066174073062841472435			
CV(%) genótipos		18,601724402354769612244603332			
CV(%) testemunhas		373,21001364608942524402943729			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	,001853
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,000062
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	,001791
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	96,6581
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	100,0399

RAZÃO CVg/CVe

5,378

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	,000009
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,000004
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	,000005
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	53,5714
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	7,1429
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	103,5098
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	,2774
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Ciclo

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	23029,542725	53,309127	46,26	,0
Testemunhas	1	1009,2	1009,2	875,7521	,0
Resíduo	28	32,266667	1,152381		
MÉDIA geral		60,6544276457883			
MÉDIA dos genótipos		60,459584295612			
MÉDIA das testemunhas		63,4666666666667			
CV(%) geral		1,76984619575066			
CV(%) genótipos		1,77554988634157			
CV(%) testemunhas		1,69142344576154			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	53,309127
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	1,152381
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	52,156746
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	97,8383
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	11,9451
RAZÃO CVg/CVe	6,7276

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	67,28
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	,076825
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	67,203175
DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - %	99,8858
CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- %	98,3141
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	12,9166
RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas	7,6365
NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES	15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => AFBand

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	11390,2635	26,366351	21,0948	,0
Testemunhas	1	248,026253	248,026253	198,4369	,0
Resíduo	28	34,9972	1,2499		
MÉDIA geral		9,19950323974082			
MÉDIA dos genótipos		9,28921478060046			
MÉDIA das testemunhas		7,90466666666667			
CV(%) geral		12,1527134385506			
CV(%) genótipos		12,0353473668268			
CV(%) testemunhas		14,1434081111902			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	26,366351
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	1,2499
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	25,116451
HERDABILIDADE (US: média da família) - %	95,2595

COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%) 53,9511
 RAZÃO CVg/CVe 4,4827

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média) 16,535084
 VARIÂNCIA AMBIENTAL (média) ,083327
 VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média) 16,451757
 DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - % 99,4961
 CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- % 92,9391
 COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%) 51,3124
 RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas 3,628
 NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES 15,

ANÁLISE DE VARIÂNCIA DA VARIÁVEL => Prot

FV	GL	SQ	QM	F	Probabilidade
Genótipos	432	1948,4309	4,510257	4,3242	,00001
Testemunhas	1	161,33283	161,33283	154,6773	,0
Resíduo	28	29,2048	1,043029		
MÉDIA geral		15,7469978401728			
MÉDIA dos genótipos		15,8372055427252			
MÉDIA das testemunhas		14,445			
CV(%) geral		6,48560260780885			
CV(%) genótipos		6,44866103315164			
CV(%) testemunhas		7,07018139545759			

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para genótipos

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média) 4,510257
 VARIÂNCIA AMBIENTAL (média) 1,043029
 VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média) 3,467228
 HERDABILIDADE (US: média da família) - % 76,8743
 COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%) 11,7574
 RAZÃO CVg/CVe 1,8232

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS - Obtidos para testemunhas

VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média) 10,755522
 VARIÂNCIA AMBIENTAL (média) ,069535
 VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média) 10,685987
 DETERMINAÇÃO GENOTÍPICA (US: média da família) - % 99,3535
 CORRELAÇÃO INTRACLASSE (US: parcela)- % 91,1073
 COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%) 22,6303
 RAZÃO CVg/CVe - Média das testemunhas 3,2008
 NÚMERO MÉDIO DE REPETIÇÕES 15,

COVARIÂNCIAS FENOTÍPICAS

2275806,932604 -39,736864 4,413504 10661,33358 -5532,541324 858,656676 -245,429753 495,411338 2664,117774 -
 2,698967 -6616,370217 -408,009234 -1617,765514
 -39,736864 ,986368 ,292084 -,446235 ,244633 -,183254 -,06324 ,50585 -,940398 -,002188 ,210231 -,546289 -,094531
 4,413504 ,292084 1,207275 -,02982 -,495991 -,274061 ,064075 -,801691 ,453046 -,000842 -,156349 -,64057 -,10432
 10661,33358 -,446235 -,02982 490,047173 -256,048381 85,673734 -3,621958 -75,456565 17,217657 -,047229 -44,750273 -
 18,185114 -9,76083
 -5532,541324 ,244633 -,495991 -256,048381 173,819829 -41,159602 2,247729 41,704738 -8,672804 ,034234 24,044602
 12,066539 6,203456
 858,656676 -,183254 -,274061 85,673734 -41,159602 35,474137 -,524179 -24,14338 4,92808 ,019462 -1,721772 1,63881
 ,328762
 -245,429753 -,06324 ,064075 -3,621958 2,247729 -,524179 2,180112 ,342025 3,742922 -,002512 3,606526 1,924164 ,690205
 495,411338 ,50585 -,801691 -75,456565 41,704738 -24,14338 ,342025 168,527421 17,153782 ,001821 5,525997 11,769243 -
 3,94941
 2664,117774 -,940398 ,453046 17,217657 -8,672804 4,92808 3,742922 17,153782 91,083451 -,01849 ,470565 11,717183
 1,949783
 -2,698967 -,002188 -,000842 -,047229 ,034234 ,019462 -,002512 ,001821 -,01849 ,001853 -,021363 ,018158 -,000645
 -6616,370217 ,210231 -,156349 -44,750273 24,044602 -1,721772 3,606526 5,525997 ,470565 -,021363 53,309127 11,23726
 7,300546
 -408,009234 -,546289 -,64057 -18,185114 12,066539 1,63881 1,924164 11,769243 11,717183 ,018158 11,23726 26,366351
 3,275538

-1617,765514 -.094531 -.10432 -9,76083 6,203456 ,328762 ,690205 -3,94941 1,949783 -.000645 7,300546 3,275538
4,510257

COVARIÂNCIAS GENOTÍPICAS

1833530,754554 -356,58234 -303,025781 10196,239533 -4743,6918 334,273558 -492,022132 -861,178377 3939,013965 -
3,430041 -6419,434741 -279,079926 -1782,707946
-356,58234 -6,894585 -4,962678 ,029955 -2,138701 1,647459 ,465093 ,308707 -.695159 -.000757 ,303088 -.597027 -.35503
-303,025781 -4,962678 -4,883201 1,029704 -.610276 -.752871 -.173781 -.770264 -2,285049 ,001191 ,388889 -.771668 -
,088603
10196,239533 ,029955 1,029704 357,951935 -212,274572 76,084448 -4,738625 -72,406565 -1,865677 -.050994 -39,821701 -
19,399995 -6,772257
-4743,6918 -2,138701 -.610276 -212,274572 132,900782 -29,12865 3,364635 36,126165 -.968042 ,031147 20,592221
11,098324 2,638173
334,273558 1,647459 -.752871 76,084448 -29,12865 29,115469 -1,272345 -23,511522 4,421651 ,021006 -.492962 2,184347
,984678
-492,022132 ,465093 -.173781 -4,738625 3,364635 -1,272345 1,498633 -1,091404 3,581018 -.004349 3,904622 1,978621
,782673
-861,178377 ,308707 -.770264 -72,406565 36,126165 -23,511522 -1,091404 142,57085 34,088067 ,002273 6,101711 13,751 -
4,371596
3939,013965 -.695159 -2,285049 -1,865677 -.968042 4,421651 3,581018 34,088067 40,459641 -.018791 ,334851 8,822849
4,204643
-3,430041 -.000757 ,001191 -.050994 ,031147 ,021006 -.004349 ,002273 -.018791 ,001791 -.020987 ,017128 -.001567
-6419,434741 ,303088 ,388889 -39,821701 20,592221 -.492962 3,904622 6,101711 ,334851 -.020987 52,156746 11,391808
7,254691
-279,079926 -.597027 -.771668 -19,399995 11,098324 2,184347 1,978621 13,751 8,822849 ,017128 11,391808 25,116451
3,014812
-1782,707946 -.35503 -.088603 -6,772257 2,638173 ,984678 ,782673 -4,371596 4,204643 -.001567 7,254691 3,014812
3,467228

COVARIÂNCIAS RESIDUAIS

442276,17805 316,845476 307,439285 465,094047 -788,849524 524,383118 246,592379 1356,589714 -1274,89619 ,731074 -
196,935476 -128,929307 164,942432
316,845476 7,880952 5,254762 -.47619 2,383333 -1,830714 -.528333 ,197143 -.245238 -.001431 -.092857 ,050738 ,260499
307,439285 5,254762 6,090476 -1,059524 ,114286 ,47881 ,237857 -.031427 2,738095 -.002033 -.545238 ,131098 -.015717
465,094047 -.47619 -1,059524 132,095238 -43,77381 9,589286 1,116667 -3,049999 19,083333 ,003765 -4,928571 1,214881 -
2,988573
-788,849524 2,383333 ,114286 -43,77381 40,919048 -12,030952 -1,116906 5,578573 -7,704762 ,003088 3,452381 ,968215
3,565283
524,383118 -1,830714 ,47881 9,589286 -12,030952 6,358668 ,748166 -.631857 ,506429 -.001544 -1,22881 -.545538 -.655916
246,592379 -.528333 ,237857 1,116667 -1,116906 ,748166 ,681479 1,433429 ,161904 ,001836 -.298096 -.054457 -.092468
1356,589714 ,197143 -.031427 -3,049999 5,578573 -.631857 1,433429 25,956571 -16,934285 -.000452 -.575714 -1,981757
,422186
-1274,89619 -.245238 2,738095 19,083333 -7,704762 ,506429 ,161904 -16,934285 50,62381 ,000301 ,135714 2,894335 -
2,25486
,731074 -.001431 -.002033 ,003765 ,003088 -.001544 ,001836 -.000452 ,000301 ,000062 -.000377 ,00103 ,000923
-196,935476 -.092857 -.545238 -4,928571 3,452381 -1,22881 -.298096 -.575714 ,135714 -.000377 1,152381 -.154548 ,045856
-128,929307 ,050738 ,131098 1,214881 ,968215 -.545538 -.054457 -1,981757 2,894335 ,00103 -.154548 1,2499 ,260727
164,942432 ,260499 -.015717 -2,988573 3,565283 -.655916 -.092468 ,422186 -2,25486 ,000923 ,045856 ,260727 1,043029

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS

1, -.0265 ,0027 ,3192 -.2782 ,0956 -.1102 ,0253 ,185 -.0416 -.6007 -.0527 -.5049
-.0265 1, ,2677 -.0203 ,0187 -.031 -.0431 ,0392 -.0992 -.0512 ,029 -.1071 -.0448
,0027 ,2677 1, -.0012 -.0342 -.0419 ,0395 -.0562 ,0432 -.0178 -.0195 -.1135 -.0447
,3192 -.0203 -.0012 1, -.8773 ,6498 -.1108 -.2626 ,0815 -.0496 -.2769 -.16 -.2076
-.2782 ,0187 -.0342 -.8773 1, -.5242 ,1155 ,2437 -.0689 ,0603 ,2498 ,1782 ,2216
,0956 -.031 -.0419 ,6498 -.5242 1, -.0596 -.3123 ,0867 ,0759 -.0396 ,0536 ,026
-.1102 -.0431 ,0395 -.1108 ,1155 -.0596 1, ,0178 ,2656 -.0395 ,3345 ,2538 ,2201
,0253 ,0392 -.0562 -.2626 ,2437 -.3123 ,0178 1, ,1385 ,0033 ,0583 ,1766 -.1433
,185 -.0992 ,0432 ,0815 -.0689 ,0867 ,2656 ,1385 1, -.045 ,0068 ,2391 ,0962
-.0416 -.0512 -.0178 -.0496 ,0603 ,0759 -.0395 ,0033 -.045 1, -.068 ,0821 -.0071
-.6007 ,029 -.0195 -.2769 ,2498 -.0396 ,3345 ,0583 ,0068 -.068 1, ,2997 ,4708
-.0527 -.1071 -.1135 -.16 ,1782 ,0536 ,2538 ,1766 ,2391 ,0821 ,2997 1, ,3004
-.5049 -.0448 -.0447 -.2076 ,2216 ,026 ,2201 -.1433 ,0962 -.0071 ,4708 ,3004 1,

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS

1, 99, 99, ,398 -.3039 ,0458 -.2968 -.0533 ,4573 -.0599 -.6564 -.0411 -.707
99, 1, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99,
99, 99, 1, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99, 99,
,398 99, 99, 1, -.9732 ,7453 -.2046 -.3205 -.0155 -.0637 -.2914 -.2046 -.1922

- ,3039 99, 99, -,9732 1, -,4683 ,2384 ,2624 -,0132 ,0638 ,2473 ,1921 ,1229
,0458 99, 99, ,7453 -,4683 1, -,1926 -,3649 ,1288 ,092 -,0127 ,0808 ,098
-,2968 99, 99, -,2046 ,2384 -,1926 1, -,0747 ,4599 -,0839 ,4416 ,3225 ,3434
-,0533 99, 99, -,3205 ,2624 -,3649 -,0747 1, ,4488 ,0045 ,0708 ,2298 -,1966
,4573 99, 99, -,0155 -,0132 ,1288 ,4599 ,4488 1, -,0698 ,0073 ,2768 ,355
-,0599 99, 99, -,0637 ,0638 ,092 -,0839 ,0045 -,0698 1, -,0687 ,0808 -,0199
-,6564 99, 99, -,2914 ,2473 -,0127 ,4416 ,0708 ,0073 -,0687 1, ,3147 ,5395
-,0411 99, 99, -,2046 ,1921 ,0808 ,3225 ,2298 ,2768 ,0808 ,3147 1, ,3231
-,707 99, 99, -,1922 ,1229 ,098 ,3434 -,1966 ,355 -,0199 ,5395 ,3231 1,

CORRELAÇÕES RESIDUAIS

1, ,1697 ,1873 ,0608 -,1854 ,3127 ,4492 ,4004 -,2694 ,1397 -,2759 -,1734 ,2428
,1697 1, ,7585 -,0148 ,1327 -,2586 -,228 ,0138 -,0123 -,0648 -,0308 ,0162 ,0909
,1873 ,7585 1, -,0374 ,0072 ,0769 ,1168 -,0025 ,1559 -,1047 -,2058 ,0475 -,0062
,0608 -,0148 -,0374 1, -,5954 ,3309 ,1177 -,0521 ,2334 ,0416 -,3995 ,0945 -,2546
-,1854 ,1327 ,0072 -,5954 1, -,7459 -,2115 ,1712 -,1693 ,0613 ,5028 ,1354 ,5457
,3127 -,2586 ,0769 ,3309 -,7459 1, ,3594 -,0492 ,0282 -,0778 -,4539 -,1935 -,2547
,4492 -,228 ,1168 ,1177 -,2115 ,3594 1, ,3408 ,0276 ,2827 -,3364 -,059 -,1097
,4004 ,0138 -,0025 -,0521 ,1712 -,0492 ,3408 1, -,4672 -,0113 -,1053 -,3479 ,0811
-,2694 -,0123 ,1559 ,2334 -,1693 ,0282 ,0276 -,4672 1, ,0054 ,0178 ,3639 -,3103
,1397 -,0648 -,1047 ,0416 ,0613 -,0778 ,2827 -,0113 ,0054 1, -,0446 ,117 ,1148
-,2759 -,0308 -,2058 -,3995 ,5028 -,4539 -,3364 -,1053 ,0178 -,0446 1, -,1288 ,0418
-,1734 ,0162 ,0475 ,0945 ,1354 -,1935 -,059 -,3479 ,3639 ,117 -,1288 1, ,2283
,2428 ,0909 -,0062 -,2546 ,5457 -,2547 -,1097 ,0811 -,3103 ,1148 ,0418 ,2283 1,

MÉDIAS DAS TESTEMUNHAS

434	15	5063,8933	29,1333	36,4000	70,3333	22,1333	37,4333	8,1867	63,8000	74,8667	,0042	57,6667	10,7800	12,1260
435	15	2908,3400	35,0667	42,0667	79,6667	17,0000	40,9933	7,6200	23,8800	63,1333	,0000	69,2667	5,0293	16,7640

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA
36571-000 VIÇOSA - MG – BRASIL

```

=====
Programa GENES      Agrupamento de Otimização - Tocher
Arquivo de distâncias C:\Users\Vitor\Desktop\Dissertação\Discussão\GENES\Matriz_Tocher_Com origem.txt
Dimensão da matriz  435
Acessos selecionados 435
Data                01-07-2012
=====

```

LIMITE DE DISTÂNCIA INTERGRUPO

(1).1085	(2).0966	(3).0966	(4).0692	(5).1292
(6).1088	(7).0889	(8).0699	(9).0953	(10).0356
(11).0759	(12).0722	(13).1121	(14).075	(15).1187
(16).0683	(17).0939	(18).1047	(19).0582	(20).0262
(21).2372	(22).1255	(23).083	(24).0802	(25).099
(26).0414	(27).0939	(28).1229	(29).0775	(30).0624
(31).1121	(32).061	(33).1525	(34).0334	(35).1863
(36).1033	(37).0788	(38).0969	(39).125	(40).1025
(41).1073	(42).0843	(43).0399	(44).1396	(45).0432
(46).0747	(47).0364	(48).0824	(49).0471	(50).1009
(51).0483	(52).0526	(53).0676	(54).0602	(55).0437
(56).099	(57).1067	(58).0319	(59).0635	(60).0526
(61).1257	(62).0437	(63).061	(64).1275	(65).0414
(66).0666	(67).0679	(68).0849	(69).1546	(70).1498
(71).0662	(72).1017	(73).1251	(74).0896	(75).1216
(76).0985	(77).0753	(78).1369	(79).0375	(80).0614
(81).0417	(82).0523	(83).0944	(84).0927	(85).0731
(86).0644	(87).0864	(88).1279	(89).116	(90).0523
(91).0401	(92).0846	(93).0347	(94).1083	(95).0789
(96).071	(97).0468	(98).1031	(99).0524	(100).0465
(101).1082	(102).0414	(103).0302	(104).0458	(105).0553
(106).0908	(107).0271	(108).1173	(109).1223	(110).0519
(111).0747	(112).0595	(113).0591	(114).0519	(115).0366
(116).0319	(117).0517	(118).1546	(119).102	(120).0488
(121).1171	(122).0488	(123).055	(124).1394	(125).2023
(126).0737	(127).0392	(128).0537	(129).1187	(130).1146
(131).1745	(132).0702	(133).0465	(134).0592	(135).0788
(136).0316	(137).0845	(138).1263	(139).0458	(140).0306
(141).0366	(142).0949	(143).0508	(144).0414	(145).1095
(146).1407	(147).044	(148).2207	(149).0465	(150).1317
(151).0754	(152).039	(153).1089	(154).108	(155).0874
(156).0565	(157).0868	(158).1105	(159).0504	(160).0335
(161).0535	(162).1753	(163).0967	(164).0676	(165).1076
(166).0508	(167).0609	(168).0689	(169).0595	(170).0684
(171).0605	(172).077	(173).0666	(174).0444	(175).1193
(176).0615	(177).0622	(178).0335	(179).0641	(180).0651
(181).0363	(182).1395	(183).0605	(184).0679	(185).0662
(186).0301	(187).1453	(188).1265	(189).0568	(190).0811
(191).0352	(192).1029	(193).0644	(194).1515	(195).0591
(196).0937	(197).0892	(198).0759	(199).1189	(200).0945
(201).0786	(202).05	(203).0568	(204).1031	(205).1189
(206).0537	(207).0641	(208).0405	(209).0605	(210).0306
(211).0811	(212).0934	(213).0713	(214).0262	(215).1156
(216).1047	(217).0716	(218).1169	(219).0421	(220).0451
(221).1419	(222).0674	(223).0572	(224).0505	(225).1001
(226).1095	(227).1092	(228).066	(229).0824	(230).0653
(231).066	(232).0757	(233).0252	(234).1218	(235).0731
(236).0468	(237).0423	(238).0636	(239).1312	(240).068
(241).2017	(242).0636	(243).0997	(244).0226	(245).0845
(246).1177	(247).0301	(248).093	(249).1176	(250).0786
(251).0573	(252).0572	(253).0462	(254).0605	(255).0253
(256).0356	(257).0429	(258).0802	(259).0569	(260).0423
(261).066	(262).0895	(263).05	(264).034	(265).0454
(266).1275	(267).1177	(268).1121	(269).1053	(270).0614
(271).0786	(272).0519	(273).0757	(274).0316	(275).0713
(276).0679	(277).0802	(278).0565	(279).0447	(280).0355
(281).0927	(282).1041	(283).1092	(284).0714	(285).0849
(286).1029	(287).0689	(288).0402	(289).0633	(290).0716
(291).1041	(292).0571	(293).0252	(294).0622	(295).0491
(296).0348	(297).085	(298).0341	(299).0341	(300).0684
(301).1488	(302).066	(303).0985	(304).1093	(305).0517
(306).108	(307).081	(308).0451	(309).0468	(310).0226
(311).0576	(312).1648	(313).0911	(314).0583	(315).0349

(316).1192	(317).0952	(318).088	(319).0874	(320).058
(321).0714	(322).0771	(323).0718	(324).0637	(325).0633
(326).0718	(327).0608	(328).0584	(329).0964	(330).0392
(331).0637	(332).0684	(333).0843	(334).0612	(335).0711
(336).0818	(337).0818	(338).0352	(339).0679	(340).0445
(341).0302	(342).0602	(343).0432	(344).0727	(345).0987
(346).1267	(347).0326	(348).055	(349).0676	(350).0892
(351).1008	(352).1003	(353).0411	(354).1263	(355).0582
(356).0631	(357).1034	(358).0908	(359).1367	(360).0953
(361).0748	(362).1112	(363).0468	(364).0739	(365).1363
(366).0799	(367).0585	(368).1213	(369).0548	(370).0667
(371).0674	(372).1193	(373).1154	(374).1312	(375).1001
(376).1112	(377).1235	(378).0754	(379).0847	(380).0569
(381).0866	(382).1053	(383).1444	(384).0561	(385).0501
(386).0704	(387).0824	(388).1333	(389).0687	(390).0424
(391).0506	(392).1088	(393).1162	(394).0561	(395).0502
(396).0677	(397).0253	(398).0955	(399).0519	(400).0394
(401).0506	(402).0465	(403).1241	(404).0352	(405).1234
(406).0488	(407).1246	(408).0674	(409).0545	(410).0412
(411).0545	(412).0576	(413).0733	(414).0488	(415).0326
(416).0942	(417).0552	(418).0271	(419).0668	(420).0591
(421).0411	(422).0505	(423).0817	(424).0817	(425).1106
(426).083	(427).0608	(428).0785	(429).0678	(430).099
(431).0713	(432).0713	(433).0678	(434).1107	(435).1029

MAIOR ENTRE OS MÍNIMOS .2372

FORMAÇÃO DOS GRUPOS

GRUPO	ACESSOS																						
< 1 >	244	310	140	264	210	107	280	233	293	279	127	174	152	385	265	296	208	390	116	58	418		
395	294	413	27	313	195	420	104	139	349	53	201	419	238	80	119	25	297	399	120	114	122	175	
342	242	57	151	19	350	271	123	347	270	202	165	216	166	248	348	23	143	412	346	237	392	427	
211	398	415	128	424	108	38	30	260	206	327	311	230	197	132	223	18	252	356	26	7	245	113	292
232	76	157	355	28	263	198	61	54	102	300	389	37	309	142	257	400	417	358	320	81	299	97	377
110	272	159	178	91	160	414	338	93	191	404	343	49	45	99	79	369	298	62	259	51	341	20	410
214	47	43	406	255	161	397	295	181	164	85	103	340	274	288	55	315	136	34	144	261	66	65	63
32	330	361	328	384	394	219	121	158	147	314	135	4	345	251	176	196	179	111	308	207	380	184	
220	276	379	90	319	366	402	344	236	307	372	381	339	275	134	393	434	133	177	215	209	67	173	
11	249	247	96	29	149	50	401	52	83	129	370	235	253	126	225	59	273	203	189	172	46	317	101
254	5	386	218	368	12	367	60	106	105	16	224	303	156	186	100	72	302	407	408	234	250	423	155
89	82	352	74	284	213	205	15	243	371	92	363	167	336	422	222	2	42	217	278	229	290	94	391
322	6	332	269	204	335	403	306	333	426														
< 2 >	10	256	190	421	353	277	95	387	185	71	337	36	68	41	117	285	188	435	192	378	324	305	
409	411	286	364	331	48	226	145	329	77	170	405	13	351	416	75	187	84	246	267	78	39	124	150
< 3 >	115	141	231	180	396	17	9	373	8	168	14	287	22	268	137	376	362	193	86	304	312	383	
< 4 >	112	169	425	40	183	171	282	146	153	163	87	334	318	109	375	388	98	291	3	154	281	31	
< 5 >	289	325	228	240	56	359	69																
< 6 >	429	433	428	430	431	432	88																
< 7 >	323	326	118	239	374	316	301	266	182	283	64	227	162	365									
< 8 >	24	258	321	357	262	73																	
< 9 >	212	360	33	354	138																		
< 10 >	44	131	130																				
< 11 >	35	194	221																				
< 12 >	125	241																					
< 13 >	200	382																					
< 14 >	1																						
< 15 >	199																						
< 16 >	70																						
< 17 >	148																						
< 18 >	21																						

Distâncias intra e intergrupos

Grupos	n	Soma	Média
1	42195	8803.3688	.2086
1 x 2	13386	4015.0253	.2999
1 x 3	6402	1814.8421	.2835

1 x 4	6402	1645.1255	.257
1 x 5	2037	498.5319	.2447
1 x 6	2037	770.1792	.3781
1 x 7	4074	1268.0957	.3113
1 x 8	1746	492.7838	.2822
1 x 9	1455	353.9544	.2433
1 x 10	873	241.4735	.2766
1 x 11	873	249.4646	.2858
1 x 12	582	235.3139	.4043
1 x 13	582	150.5705	.2587
1 x 14	291	75.6775	.2601
1 x 15	291	81.8201	.2812
1 x 16	291	91.398	.3141
1 x 17	291	110.5703	.38
1 x 18	291	109.5351	.3764
2	1035	185.5234	.1792
2 x 3	1012	358.1382	.3539
2 x 4	1012	338.5666	.3346
2 x 5	322	108.3358	.3364
2 x 6	322	90.9909	.2826
2 x 7	644	252.7177	.3924
2 x 8	276	88.065	.3191
2 x 9	230	78.0579	.3394
2 x 10	138	41.1355	.2981
2 x 11	138	52.3096	.3791
2 x 12	92	29.3627	.3192
2 x 13	92	27.6375	.3004
2 x 14	46	14.2787	.3104
2 x 15	46	17.2912	.3759
2 x 16	46	19.3525	.4207
2 x 17	46	12.883	.2801
2 x 18	46	15.3737	.3342
3	231	43.14	.1868
3 x 4	484	140.5807	.2905
3 x 5	154	53.7414	.349
3 x 6	154	64.2016	.4169
3 x 7	308	95.3601	.3096
3 x 8	132	36.6353	.2775
3 x 9	110	33.5318	.3048
3 x 10	66	22.0045	.3334
3 x 11	66	16.5117	.2502
3 x 12	44	17.9582	.4081
3 x 13	44	12.3825	.2814
3 x 14	22	7.4445	.3384
3 x 15	22	7.558	.3435
3 x 16	22	8.9859	.4084
3 x 17	22	7.79	.3541
3 x 18	22	9.7398	.4427
4	231	44.8321	.1941
4 x 5	154	52.5503	.3412
4 x 6	154	56.4721	.3667
4 x 7	308	89.6901	.2912
4 x 8	132	46.5892	.3529
4 x 9	110	31.8631	.2897
4 x 10	66	19.8861	.3013
4 x 11	66	19.3177	.2927
4 x 12	44	18.0983	.4113
4 x 13	44	12.7255	.2892
4 x 14	22	6.2734	.2852
4 x 15	22	5.3671	.244
4 x 16	22	6.9515	.316
4 x 17	22	10.1999	.4636
4 x 18	22	7.9924	.3633
5	21	4.2927	.2044
5 x 6	49	21.6086	.441
5 x 7	98	37.6439	.3841
5 x 8	42	11.7988	.2809
5 x 9	35	9.2202	.2634
5 x 10	21	6.9427	.3306
5 x 11	21	6.7336	.3206
5 x 12	14	6.3675	.4548
5 x 13	14	4.0697	.2907
5 x 14	7	2.0496	.2928

5 x 15	7	2.3855	.3408
5 x 16	7	2.4192	.3456
5 x 17	7	2.3273	.3325
5 x 18	7	2.9279	.4183
6	21	2.7944	.1331
6 x 7	98	29.9101	.3052
6 x 8	42	18.432	.4389
6 x 9	35	15.5367	.4439
6 x 10	21	7.4512	.3548
6 x 11	21	9.4668	.4508
6 x 12	14	3.6895	.2635
6 x 13	14	5.1744	.3696
6 x 14	7	2.3937	.342
6 x 15	7	3.1066	.4438
6 x 16	7	2.4473	.3496
6 x 17	7	2.8279	.404
6 x 18	7	1.9454	.2779
7	91	20.1269	.2212
7 x 8	84	31.3754	.3735
7 x 9	70	24.3561	.3479
7 x 10	42	15.1104	.3598
7 x 11	42	14.2107	.3384
7 x 12	28	9.349	.3339
7 x 13	28	9.251	.3304
7 x 14	14	4.9058	.3504
7 x 15	14	4.6279	.3306
7 x 16	14	3.4941	.2496
7 x 17	14	6.7088	.4792
7 x 18	14	4.4509	.3179
8	15	2.7679	.1845
8 x 9	30	8.0346	.2678
8 x 10	18	6.2081	.3449
8 x 11	18	6.4315	.3573
8 x 12	12	4.2297	.3525
8 x 13	12	3.3325	.2777
8 x 14	6	2.2603	.3767
8 x 15	6	2.0013	.3335
8 x 16	6	2.3711	.3952
8 x 17	6	2.124	.354
8 x 18	6	2.6932	.4489
9	10	1.956	.1956
9 x 10	15	4.9222	.3281
9 x 11	15	4.6888	.3126
9 x 12	10	3.5942	.3594
9 x 13	10	3.0731	.3073
9 x 14	5	1.6195	.3239
9 x 15	5	1.2045	.2409
9 x 16	5	1.6808	.3362
9 x 17	5	2.025	.405
9 x 18	5	1.8541	.3708
10	3	.56	.1867
10 x 11	9	3.2719	.3635
10 x 12	6	2.5555	.4259
10 x 13	6	1.983	.3305
10 x 14	3	.8705	.2902
10 x 15	3	1.0473	.3491
10 x 16	3	1.1491	.383
10 x 17	3	1.2232	.4077
10 x 18	3	1.0556	.3519
11	3	.6287	.2096
11 x 12	6	2.7473	.4579
11 x 13	6	2.1281	.3547
11 x 14	3	.9674	.3225
11 x 15	3	.9666	.3222
11 x 16	3	1.0552	.3517
11 x 17	3	.9098	.3033
11 x 18	3	1.214	.4047
12	1	.2023	.2023
12 x 13	4	1.783	.4457
12 x 14	2	.9053	.4526
12 x 15	2	.749	.3745
12 x 16	2	.6914	.3457
12 x 17	2	.8043	.4021

12 x 18	2	.5766	.2883
13	1	.2126	.2126
13 x 14	2	.5611	.2806
13 x 15	2	.7241	.3621
13 x 16	2	.7949	.3974
13 x 17	2	.8254	.4127
13 x 18	2	.8931	.4465
14	1	.	.
14 x 15	1	.355	.355
14 x 16	1	.3617	.3617
14 x 17	1	.4367	.4367
14 x 18	1	.3997	.3997
15	1	.	.
15 x 16	1	.2456	.2456
15 x 17	1	.4667	.4667
15 x 18	1	.327	.327
16	1	.	.
16 x 17	1	.4917	.4917
16 x 18	1	.2779	.2779
17	1	.	.
17 x 18	1	.4205	.4205
18	1	.	.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA
36571-000 VIÇOSA - MG – BRASIL