



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

**VARIABILIDADE, PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO**  
**AGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE CEVADA NUA**  
**(*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA**

**BRASÍLIA/DF**  
**FEVEREIRO/2014**



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

**VARIABILIDADE, PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO**  
**AGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE CEVADA NUA**  
**(*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**ORIENTADOR: FÁBIO GELAPE FALEIRO**  
**CO-ORIENTADOR: RENATO FERNANDO AMABILE**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM AGRONOMIA**

**PUBLICAÇÃO: 69/2014**

**BRASÍLIA/DF**  
**FEVEREIRO/2014**



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

**VARIABILIDADE, PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO  
AGRONÔMICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE CEVADA NUA  
(*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO**

**RICARDO MENESES SAYD**

**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:**

---

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

---

Eduardo Alano Vieira, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 999.533.669-34, eduardo.alano@embrapa.br  
(Examinador externo)

---

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

**BRASÍLIA/DF, 28 de fevereiro de 2014.**

## FICHA CATALOGRÁFICA

---

S274p Sayd, Ricardo Meneses.  
Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. f.) sob irrigação no Cerrado/ Ricardo Meneses Sayd. – 2014.  
83f. : il.

Orientador: Fábio Gelape Faleiro.  
Coorientador: Renato Fernando Amabile.

Dissertação (Mestrado) – Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, 2014.

1. *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* hook. f. 2. Diversidade genética. 3. Cevada nua. 4. RAPD. 5. Parâmetro genético. 6. Correlação genética. I. Faleiro, Fábio Gelape, orient. II. Amabile, Renato Fernando, coorient. III. Título.

633.16 CDD 21

---

Catálogo na fonte: Fábio Lima Cordeiro (CRB 1/1763)

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

SAYD, R. M. **Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) sob irrigação no Cerrado.** Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2014, 83 p. Dissertação de Mestrado.

## CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Ricardo Meneses Sayd

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO DE MESTRADO: Variabilidade, parâmetros genéticos e caracterização agronômica e molecular de genótipos de cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) sob irrigação no Cerrado.

GRAU: Mestre ANO: 2014

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

---

### **Ricardo Meneses Sayd**

CPF: 012.657.211-90

AE 04 Lote I/J torre 3, ap. 1307

Guará II. Brasília/DF - Brasil

CEP: 71.070-640

Tel: (61) 8173-8890

ricardo\_sayd@hotmail.com

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo que me deu na vida e por estar cuidando do seu filho.

A minha mãe, pelo amor que tem por mim e por me ter dado o respaldo pra seguir na vida acadêmica.

Ao meu pai, por ter me ensinado a gostar das coisas simples da vida e todo amor dedicado a mim.

A minha irmã Erika por ser um exemplo de caráter e ao meu irmão Rafael pelo ser modelo de persistência e disciplina.

A minha afilhada Helena, que me proporciona momentos de intensa felicidade!

A minha namorada Mariana, por todo amor e carinho dedicados a mim durante toda essa longa jornada.

Ao meu grande amigo e co-orientador Renato Amabile por sempre acreditar no meu potencial, e ter me direcionado para o caminho do estudo e do trabalho.

Ao meu orientador Fábio Faleiro, que coordenou com maestria além de sempre me incentivar com palavras positivas.

Aos meus professores pelos ensinamentos acadêmicos e de vida proporcionados, em especial ao professor José Ricardo Peixoto pelo grande ser humano que é.

A minha banca examinadora, nos nomes de Nara Souza e Eduardo Alano Vieira, por participar dessa etapa da minha carreira acadêmica e mostraram-se sempre disponíveis para ajudar.

Ao Amilton da Silva Pires, pela amizade estabelecida e sem o qual essa dissertação não seria realizada.

Ao Levi Botelho, Antônio Santos, Antônio Oliveira, Vanduir Siqueira e Pedro Cruz pelo valioso apoio durante e após a condução dos ensaios de campo.

Aos meus amigos e companheiros de estágio Vitor Monteiro, Matheus Santin e Vinicius Simões pela ajuda, amizade e ensinamentos passados.

Ao apoio prestado pela equipe da Embrapa Cerrados em todo processo: Bernardo Coutinho, João Batista dos Santos, Fernanda Ramos de Andrade, Osmi Soares, Adriano Delly Veiga e especialmente a minha amiga Gracielle Bellon.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa e, em especial, a Embrapa Cerrados pela possibilidade da realização deste treinamento.

À Universidade de Brasília, através da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, pela acolhida durante a minha vida acadêmica.

A todos aqueles que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho.

## SUMÁRIO

SUMÁRIO.....	vi
1. RESUMO.....	7
2. ABSTRACT.....	9
3. INTRODUÇÃO.....	11
4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	13
4.1. Cevada.....	13
4.2. Cevada Nua.....	14
4.3. Cerrado.....	15
4.4. Usos da cevada.....	16
4.5. Situação Mundial e Brasileira da Cevada.....	17
4.6. Variabilidade genética molecular e agronômica.....	18
4.7. Parâmetros genéticos.....	20
5. OBJETIVO GERAL.....	22
6. OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	22
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	23
CAPÍTULO I.....	30
1. RESUMO.....	31
2. ABSTRACT.....	32
3. INTRODUÇÃO.....	33
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	34
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
6. CONCLUSÕES.....	51
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	51
CAPÍTULO II.....	54
1. RESUMO.....	55
2. ABSTRACT.....	56
3. INTRODUÇÃO.....	57
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	58
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	60
6. CONCLUSÕES.....	74
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75

## 1. RESUMO

A cultura da cevada (*Hordeum vulgare* L.) tem se mostrado com alto potencial para integrar sistemas de produção do Cerrado irrigado em razão da sua capacidade agronômica de adaptação e pela crescente demanda por essa *commodity*. Todavia, apenas a cevada tradicional ou com casca, com viés cervejeiro, vem sendo explorada pelos melhoristas brasileiros. Nos últimos anos, a cevada nua ou ‘Hulless barley’, tem despertado um grande interesse devido as suas propriedades físico-químicas relacionadas à saúde. Essas características podem ser aproveitadas tanto para malteação como na alimentação animal e humana, dando oportunidade e oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais. Nesse sentido, ações de pesquisa e desenvolvimento são necessárias para gerar informações moleculares e agronômicas de diferentes acessos de cevada nua e, posteriormente, utilizar a variabilidade genética para o desenvolvimento de cultivares adaptadas. Neste trabalho, objetivou-se quantificar e caracterizar a variabilidade genética de 18 acessos de cevada nua com base em marcadores moleculares e caracteres agronômicos, além de selecionar acessos com características agronômicas desejáveis para cultivo no sistema de produção irrigado no Cerrado. Foram avaliados 18 acessos de cevada nua, além de três acessos de cevada com grãos cobertos que serviram como referência. Os experimentos foram realizados em dois locais no Distrito Federal: 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; e na Embrapa Produtos e Mercado (SPM), localizada em Recanto das Emas-DF a 15°54’53’’ de latitude Sul e 48°02’14’’ de longitude Oeste, em uma altitude de 1.254 m, ambos irrigados via pivô central, de maio a Setembro de 2012. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, segunda e terceira classe, peso de mil sementes, altura de plantas, grau de acamamento, ciclo de espigamento, peso hectolétrico e teor de proteína no grão. A caracterização molecular foi realizada com base em 157 marcadores moleculares RAPD e nos dez caracteres agronômicos. Foram obtidas as matrizes de distância genética entre os genótipos com base em marcadores moleculares e características quantitativas. Foram realizadas análises de agrupamento e dispersão gráfica dos acessos. Foi constatada alta variabilidade genética molecular e agronômica entre os acessos, possibilitando a utilização das mesmas pelo programa de melhoramento genético. Observou-se tendência de agrupamento dos genótipos etíopes e uma significativa dispersão dos genótipos brasileiros, os quais apresentaram maior variabilidade genética molecular. Com base nas características agronômicas, foram verificados dois agrupamentos mais consistentes, um com os materiais dísticos e outro com os hexásticos. Os genótipos mais divergentes foram os dísticos CI 13453, CN Cerrado 5, CN Cerrado 1 e CN Cerrado 2. Os genótipos PI 356466, CN Cerrado 1, PI 370799 e CI 13453 apresentaram características

agronômicas de interesse e foram distintos geneticamente, sendo indicado para a base de cruzamentos visando à seleção de genótipos promissores, maximizando os efeitos heteróticos e a complementaridade gênica dentro do programa de melhoramento genético da cevada nua irrigada no Cerrado. Os dados obtidos na caracterização agronômica foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Tukey. Foram detectadas diferenças significativas a 1% entre os acessos para todas as características avaliadas. Há possibilidade de se obter ganhos genéticos devido aos elevados valores do coeficiente de variação genotípico. Foi observada alta herdabilidade para todas as características, exceto para teor de proteína, possibilitando a transferência de características de interesse dos genitores para seus descendentes. Os acessos CI 13453, CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, CN Cerrado 5 e PI356466 destacaram-se dos demais em relação as características agronômicas, rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, acamamento e proteína.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f., variabilidade, recursos genéticos, parâmetros genéticos, melhoramento vegetal.



## 2. ABSTRACT

The barley (*Hordeum vulgare* L.) has shown a high potential for integrating irrigated production systems in the Brazilian Savanna due to its agronomic adaptability and to the increasing demand for this commodity. However, only the traditional or covered barley, with brewing characteristics, has been explored by Brazilian breeders. In recent years, the naked barley, or hulless barley, has aroused great interest due to its physical and chemical properties related to health. These characteristics can be availed for both malting and human or animal feeding, providing opportunity and supply to the agriculture business, in a way to include new commercial opportunities. In this sense, actions in research and development are needed to generate molecular and agronomic information from different barley accessions and, posteriorly, use the genetic variability for the development of adapted cultivars. In this study, it was aimed to quantify and characterize the genetic variability of 18 accessions of hulless barley based on molecular markers and agronomic traits, and select accessions with desired agronomic traits for cultivation in irrigated production system in the Brazilian Savanna. Eighteen accessions of hulless barley were evaluated, and three accessions of covered barley served as reference. The experiments were performed in two sites in Distrito Federal: Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, 15°35'30'' latitude south and 47°42'30'' longitude West, 1.007 meters high; and Embrapa Produtos e Mercado (SPM), Recanto das Emas-DF, 15°54'53'' latitude South and 48°02'14'' longitude West, 1.254 meters high, both irrigated via central pivot, from May to September of 2012. It was used the randomized blocks experimental design with three replicates. The evaluated characteristics were: grain yield; commercial classification of first, second, and third class; thousand seeds weight; plant height; lodging level; earing cycle; hectoliter weight; and grain protein content. The molecular characterization was performed based on 157 RAPD molecular markers and on the ten agronomic traits. Matrices of genetic distance among the genotypes were obtained based on molecular markers and quantitative traits. Graphic grouping and dispersion analysis of the accessions were made. High molecular and agronomic genetic variability were found among the accessions, enabling their use by the breeding program. It was observed a tendency to grouping among the Ethiopian genotypes and a significant dispersion among the Brazilian genotypes, which presented higher molecular genetic variability. Based on the agronomic characteristics, two more consistent groupings were identified, one with the two-rowed materials and another with the six-rowed materials. The more divergent genotypes were the two-rowed CI 13453, CN Cerrado 5, CN Cerrado 1, and CN Cerrado 2. The PI 356466, CN Cerrado 1, PI 370799, and CI 13453 genotypes presented agronomic traits of interest and were genetically different, being indicated for the crossing base aiming promising genotypes selection, maximizing the heterotic effects and the genic complementarity inside the breeding program of the hulless irrigated barley in the Cerrado.

The data obtained in the agronomic characterization were subjected to the statistical analysis of variance and the grouped means were analyzed by the Tukey test. Significant differences were observed at 1% among the accessions for all the evaluated traits. There's the possibility of obtaining genetic gains due to the high values of the genotypic variation coefficient. High heritability was found for all the characteristics, except protein content, enabling the trait of interest transfer from the parents to the descendants. The accessions CI 13453, CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, CN Cerrado 5, and PI356466 stood out among the others in relation to the agronomic traits, grain yield, commercial classification of first class, lodging, and protein content.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f., variability, genetic resources, genetic parameters, plant breeding.

### 3. INTRODUÇÃO

O potencial de adaptação da cevada (*Hordeum vulgare* L.) em condições de Cerrado irrigado foi verificado recentemente por Amabile (2013) e Monteiro (2012) que expuseram toda capacidade agrônômica da cultura. A cevada tem se mostrado uma cultura apta a região, apresentando potencial produtivo elevado, com rendimentos comerciais acima de 5,0 t ha<sup>-1</sup>, excelente classificação comercial e qualidade de grãos (AMABILE *et al.*, 2007). Entretanto, apenas a cevada tradicional ou com casca com viés cervejeiro vem sendo explorada pelos melhoristas brasileiros. Porém, nos últimos anos, as variedades de cevada nua ou ‘Hulless barley’, tem despertado interesse devido as suas propriedades físico-químicas, que podem ser aproveitadas tanto para malteação como na alimentação animal e humana (NEWMAN & NEWMAN, 2004).

Acredita-se que a utilização da cevada foi primeiramente para o consumo humano, sendo posteriormente utilizada na maltagem para o fabrico de cerveja. Essa mudança ocorreu devido à substituição da cevada pelo trigo e pelo arroz na alimentação. A cevada foi e vem sendo aproveitada, ao longo dos séculos, tanto para alimentação humana e animal, maltagem, quanto para rituais religiosos, celebrações e até como moeda, além de ser considerada um alimento funcional (AMABILE, 2013). Segundo Newman & Newman (2006), cerca de dois terços da produção mundial de cevada foi destinada para fins alimentícios, e um terço para a malteação, sendo que 2% do total serviram como fonte de alimentação direta (grão). No Brasil, Minella *et al.* (2007) descreveram uma situação inversa, onde 86% do total de cevada são para produção de malte. Os 14% restantes são utilizados na alimentação e como semente no plantio. Ainda não devidamente explorada, a cevada nua, tem pequena importância no Brasil e continua a ser cultivada somente em estações experimentais, a fim de avaliar suas potencialidades como alimento.

Diferentemente do panorama mundial, observa-se uma baixa oferta de cevada nua no Brasil. Contudo, o interesse mundial nesse grão é crescente, por causa dos benefícios existentes no consumo desse grão, acarretados pelo alto teor de betaglucanas, alta porcentagem de proteína e grande quantidade de fibra dietética solúvel (MARCONI *et al.*, 2000). Neste contexto, fica evidente a necessidade de estudos sobre a variabilidade genética, visando caracterizar agronomicamente os acessos existentes nos bancos de germoplasma, selecionando os melhores acessos nas condições específicas para a região do Cerrado do Brasil Central.

Entre os cereais, a cevada é o que possui uma das bases genéticas mais diversas (BAIK & ULLRICH, 2008). Alguns estudos que buscaram quantificar tal diversidade foram publicados por Kochieva *et al.* (2001), Yu *et al.* (2002) e Yang *et al.* (2010). Uma das ferramentas utilizadas em programas de melhoramento para obtenção de cultivares superiores é a utilização da complementaridade gênica entre um genótipo local adaptado e um genótipo exótico com

características agronômicas de interesse. Para que isso ocorra, é necessário identificar e separar geneticamente os genótipos que compõe a coleção de trabalho, para que se façam os cruzamentos mais complementares, gerando assim maior variabilidade da coleção (NASS, 2001).

O estudo da variabilidade genética juntamente com a caracterização agronômica e a estimativa de parâmetros genéticos em coleções de cevada nua no Cerrado é, até então, um trabalho inédito, cuja importância é fundamental para a agricultura dessa região. Os conhecimentos obtidos com a pesquisa gerarão subsídios para programas de melhoramento genético de cevada nua, principalmente fornecendo novas informações, que irão propiciar ganhos quantitativos e qualitativos.

## 4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 4.1. Cevada

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é um cereal cultivado há muitos anos. Restos arqueológicos de grãos foram encontrados na região do Crescente Fértil (Oriente Médio), atualmente constituída pelos países de Israel, Iraque, Irã, Turquia, Síria e Jordânia, indicando que a cultura foi domesticada há 8.000 anos a.C. (DIAMOND, 1998; ZOHARY & HOPF, 2001). Por volta de 6.000 anos a.C. aparecem relatos da cevada hexástica (seis fileiras de grãos) e de cevada nua (cujo grão não é aderido a pálea e a lema) (SMITH, 1995). Vavilov (1951) (apud HARLAN, 1979) descreveu um centro de origem principal da cevada compreendendo a península da Ásia Menor, Síria, Palestina, a antiga Transjordânia e Mesopotâmia e áreas adjacentes do Oeste do Irã, e dois centros secundários: um abrangendo a Etiópia e o Norte da África, com cevadas de aristas compridas; o outro englobando a região da China, Japão e Tibete, onde foram e são encontradas cevadas de aristas curtas ou sem aristas. Em relação à cevada nua, Harlan (1979) relatou que na região do Tibete ocorreu a existência de 95% de acessos de cevada nua em uma população de cevada avaliada.

A *Hordeum vulgare* L. teve sua gênese a partir de um ancestral selvagem e dístico, a subespécie *Hordeum spontaneum* (SMITH, 1995). É uma planta diploide ( $2n = 14$ ), preferencialmente autógama, hermafrodita e apresenta cleistogamia (REID & WIEBE, 1979).

A cevada teve grande importância na produção de cereais no hemisfério norte, devido à sua capacidade de maturação precoce, tornando-a adequada para áreas que eram necessárias plantas com um curto período de crescimento (HOLTEKJOLEN *et al.*, 2006). A espécie é uma planta herbácea com altura entre 60 e 110 centímetros, de ciclo anual e raiz capilar que pode atingir um metro de profundidade. O colmo é cilíndrico, separado por 5 a 7 entrenós, nos quais nascem as folhas. As folhas são verdes, alternas, compridas e largas. As bainhas envolvem o colmo por completo. A lígula e especialmente a aurícula permitem diferenciar a cevada de outros cereais porque são glabras, abraçam o colmo e podem estar pigmentadas por antocianinas. As cultivares de cevada forrageira produzem mais massa verde do que as cultivares de cevada cervejeira, pois suas folhas são mais largas e compridas. As flores são agrupadas em inflorescências do tipo espiga dística com aristas compridas. Os grãos na espiga podem ser alinhados em duas ou seis fileiras. Na dística, apenas a fileira central de espiguetas é fértil, enquanto que na hexástica as três fileiras de espiguetas produzem grãos. As sementes podem ter o grão coberto ou ser nua e são compridas e de coloração variada (DINIZ, 2007).

As características citadas conferem à cevada grande rusticidade, motivo que explica a existência, desde o início do século XX, de cultivos nos limites do Círculo Polar Ártico, nos

Altiplanos do Tibete a 4.600 m de altitude, em climas áridos como o do deserto do Saara ou nas planícies da Índia, situação inimaginável para outros cereais (TONON, 1992).

Tamanha adaptação, grande utilização – tanto para a alimentação animal, como para a humana – e a alta qualidade do malte para a fabricação de cerveja justificam a razão pela qual a cevada continua sendo um cereal importante após tantos séculos de cultivo. Mais recentemente, o desempenho agrônomico da cevada em diversas situações foi estudado na região Sul do Brasil por Lima & Minella (2007), em ensaios de competição; Minella & Lunardi (2010), no lançamento de cultivares; Forte (2013), analisando a resistência da cevada sob aplicação de herbicidas; e Kujawinski (2013), verificando a resposta de genótipos de cevada sob inoculação de bactéria fixadora de nitrogênio.

Para a região do Cerrado, vários trabalhos foram desenvolvidos no decorrer dos últimos anos visando incorporar a cevada ao sistema de produção (AMABILE *et al.* 2007, 2008, 2009, 2013). Monteiro (2012) caracterizou morfológica e agronomicamente 435 acessos de cevada do banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e Sayd *et al.* (2013) verificou o desempenho de genótipos de cevada em ensaios de competição, ambos os experimentos realizados em condições irrigantes no Cerrado do Distrito Federal. Amabile (2013) fez um estudo sobre variabilidade agrônomico, de qualidade malteira e molecular de genótipos elite de cevada, estimação dos parâmetros genéticos, resultando no lançamento de uma cultivar adaptada a região, a BRS Savanna.

Para o bioma Cerrado já foram lançadas cultivares cervejeiras para sistemas de produção irrigado:

- BRS 180, registrada em 1999 (SILVA *et al.*, 2000);
- BRS 195, recomendação estendida para o Cerrado em 2005 (BRS 195, 2006);
- BRS Deméter, registrada em 2007 (AMABILE *et al.*, 2008);
- BRS Sampa, registrada em 2008 (MINELLA *et al.*, 2009);
- BRS Manduri, lançada em 2011 (MINELLA *et al.*, 2011);
- BRS Savanna, lançada em 2013 (AMABILE *et al.*, 2013).

## **4.2. Cevada Nua**

A cevada nua difere da cevada com casca, por ter a pálea e a lema não aderidas ao grão, que é facilmente separável realizando a debulha (BHATTY, 1999b) e apresentam de 8% a 14% de energia digestível (BHATTY *et al.*, 1979). Esse caráter de grão “hulless” é controlado pelo gene “nud”, gene esse recessivo e localizado no braço longo do cromossoma 7H (KIKUCHI *et al.*, 2003). Acredita-se que a domesticação da cevada nua ocorreu após o da cevada com casca, em torno de

6.000 anos a.C. (ZOHARY & HOPF, 2001). A cevada nua tem uma ampla distribuição pelo mundo, mas há uma maior ocorrência deste tipo em países do Leste asiático, como China, Coréia e Japão e principalmente em altas altitudes como no Tibete, partes do Norte do Nepal, Índia e Paquistão. Em virtude da baixa frequência no Ocidente, Vavilov (1926) considera o sudeste da Ásia um possível centro de origem de cevada nua. No entanto, sabe-se que essa cultura foi cultivada também na região de Anatólia (Turquia) e no Norte da Europa em tempos antigos (HELBAEK, 1969).

A cevada nua em suas regiões de origem é uma importante fonte de alimentação, no entanto mundialmente é mais utilizada para alimentação animal na forma de ração e grão. Entretanto, em anos recentes, vem aumentando a sua importância como um alimento humano em áreas não tradicionais devido ao seu teor elevado de betaglucanas, que atuam como inibidores de colesterol total e de LDL além da síntese de triglicéridos (SHIMIZU *et al.*, 2008). As betaglucanas também normalizam o nível de açúcar no sangue e atuam sobre a derme humana (PINS & KAUR, 2006). Além disso, em comparação com a cevada de casca, o teor de proteína bruta em cevada nua é normalmente de 1,5% a 3% maior (LASZTITY, 1996).

Quanto à composição do seu grão, a cevada é composta pela pálea e a lema (casca) que representam de 10% a 13% do seu peso total, farelo, endosperma (aproximadamente 83% do peso total) e o gérmen com 2,5% do peso total do grão. O endosperma é a parte mais importante do grão de cevada, que é formado por 70% a 77% de hidratos de carbono, 12% a 16% de proteína, e cerca de 2% de vitaminas como a niacina e tiamina, e minerais como o selênio, ferro, magnésio, zinco, cobre e fósforo. Além disso, o germe, que inclui o embrião, contém alta quantidade de proteína (12%-20%), seguido por uma quantidade considerável de lípidos (1,5%-5%), vitaminas do complexo B e minerais representando menos de 2,5%. O farelo é constituído principalmente de cerca de 3% de proteína, com 3%-5% minerais (ferro, zinco, manganês), vitaminas do complexo B (3%-6%) e cerca de 4,5% a 15% de carboidratos não-amiláceos, que proporcionam a fibra dietética (USDA, 2014). Devido a essas características, estudos buscando explorar os potenciais da cevada nua tanto na indústria quanto para alimentação, foram realizados por Bhatti (1999a), Škrbić *et al.* (2009) e Kinner *et al.* (2011).

### **4.3 Cerrado**

O Cerrado é o segundo maior bioma do Brasil, ficando atrás apenas da Amazônia. Sua extensão é de aproximadamente 204 milhões de hectares, ou seja, 24% do território nacional. O Cerrado abrange os estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Bahia, Maranhão, Ceará, Piauí, Pará, Rondônia, Roraima, Amapá e São Paulo e, ainda, o Distrito Federal (EMBRAPA, 2011). Há cerca de 30 anos, o grande potencial agrícola do Cerrado já era

discutido, destacando-se a necessidade de uma agricultura de grandes investimentos, tanto em pesquisa, como nos solos (GOEDERT, 1985).

Os Latossolos são as unidades dominantes (46%) no Cerrado, sendo os solos mais comumente encontrados nas áreas irrigadas via pivot. São solos com elevado grau de intemperismo, porosos, permeáveis, bem drenados e, por isto, intensamente lixiviados. O teor de matéria orgânica normalmente varia entre 2,0% e 3,0% (LOPES, 1983; MALAVOLTA & KLIEMANN, 1985; SOUSA & RITCHEY, 1988; KER *et al.*, 1992; HARIDASAN, 1993). Apresentam baixa capacidade de troca catiônica, acidez elevada, alta capacidade de adsorção de fósforo e, conseqüentemente, baixa fertilidade natural (LOPES, 1983; MALAVOLTA & KLIEMANN, 1985). Esta forte acidez é devida em boa parte aos altos níveis de  $Al^{3+}$ , o que os torna aluminotóxicos para a maioria das plantas agrícolas (COUTINHO, 2000).

Um dos principais fatores determinantes na produção agrícola deste ambiente é a irregularidade na distribuição das chuvas. Em geral, a precipitação média anual fica entre 1.200 mm e 1.800 mm. Ao contrário da temperatura do ar, a precipitação média mensal apresenta uma grande estacionalidade, concentrando-se nos meses de primavera e verão (outubro a março), que é a estação chuvosa. Curtos períodos de seca, denominados de veranicos, ocorrem em meio a esta estação das chuvas (SETTE, 2004).

A estação seca apresenta de 3 a 5 meses de duração. No início deste período a ocorrência de nevoeiros é comum nas primeiras horas das manhãs, formando-se grande quantidade de orvalho sobre as plantas e umedecendo o solo. Já no período da tarde, os índices de umidade relativa do ar caem bastante, podendo atingir valores extremamente baixos, próximo de, apenas, 15% (SETTE, 2004).

Uma alternativa no sistema de produção, que vem sendo usada na época seca, para contornar estes problemas de déficit hídrico no Cerrado, é a utilização de irrigação via pivô-central, cuja área estimada é de cerca de 478 mil hectares (0,23% da área total do bioma) (LIMA *et al.*, 2009).

Outra característica associada ao bioma é a grande diferença entre altitudes e latitudes. Em consequência disso, ocorre em seu território uma alta diversidade térmica. As temperaturas médias do ar variam de 22 °C a 27 °C. Essas são mais baixas devido à latitude e também pela influência das massas de ar advindas da região Sul do país (NIMER, 1989).

#### **4.4 Usos da cevada**

Nos dias atuais, o uso da cevada é dividido em alimentação animal (55%-60%), produção de malte (30%-40%), alimentação humana (2%-3%) e como semente (5%) (ULLRICH, 2011). Nos Estados Unidos, segundo ZHOU (2009) apenas 25% da produção são usados para produção de



malte, com cerca de 80% desse sendo utilizados na produção de cerveja, 14% utilizados na produção de álcool destilado, e 6% usado para xarope de malte, leite maltado e comidas matinais. No Canadá, cerca de 83% da cevada produzida é destinada a alimentação animal, na forma de ração, e 17% é para alimentação humana (sopa, pão, farinha e mingais) e uso industrial (malte e indústria cervejeira) (STATISTICS CANADA, 2012). No Brasil, os grãos são utilizados principalmente para produção de malte (86%), alimentação animal (7%) e outros fins industriais (7%) (MINELLA *et al.*, 2007).

A demanda por alimentos de cevada e malte tem aumentado entre os últimos cinco a dez anos, favorecida pela conscientização da saúde e aumento dos preços de mercado favoráveis (BAIK & ULLRICH, 2008). O uso de cevada na indústria nutracêutica emergiu recentemente por causa do seu teor elevado de betaglucanas. Segundo Vasanthan & Temelli (2008), as empresas que estão produzindo cevada com alto teor de betaglucanas são: a Polycell Technologies (EUA), a Cargill (EUA) e a GraceLinc Ltd. (Nova Zelândia). Para fins de malte, as cultivares incluem variedades com grãos cobertos e cevadas nuas (pálea e lema não aderida ao grão), no entanto a cevada nua em alguns casos é preferida por sua maior contribuição para o sabor e ajuda na filtragem durante o processo de fermentação (GUNKEL *et al.*, 2002).

Além dos usos convencionais, a cevada pode ser utilizada como farinha para produção de pães, extrato sólido e líquido de malte, xaropes, remédio e álcool combustível (BHATTY, 1999b). Para utilizações alimentares, a cevada nua em grãos ou farinha tem sido utilizada na preparação de muitos pratos tradicionais da Rússia, Polônia, Tibete, Japão e Índia (CHATTERJEE E ABROL, 1977). Outra utilização da cevada é como um substituto do arroz e para a produção de pasta de soja e molho de soja na Coreia (RYU, 1979). Nos países ocidentais é consumida no café da manhã, e também como sopa, mingau, misturas de farinha de panificação assim como em alimentos para bebês (BHATTY, 1993).

#### **4.5 Situação Mundial e Brasileira da Cevada**

A cevada é o quarto cereal mais semeado no mundo, ficando atrás apenas de milho, arroz e trigo (FAOSTAT, 2014). Quanto ao crescimento da produtividade mundial, o rendimento de grãos teve um crescimento notável, uma vez que passou de 1,4 t ha<sup>-1</sup> para 2,4 t ha<sup>-1</sup>. Porém, quando comparada ao milho, essa mostra resultados menos expressivos, uma vez que o milho passou de 2,0 t ha<sup>-1</sup> para 5,0 t ha<sup>-1</sup>, no mesmo período (ZHOU, 2009), muito provavelmente por ser uma planta alógama e com maior resposta aos efeitos heteróticos.

Ainda no que tange a produção mundial de cevada no ano de 2011, segundo a Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO, essa foi de aproximadamente 134,2 milhões

de toneladas, colhidas em uma área de 48,6 milhões hectares, resultando em uma produtividade mundial média de aproximadamente 2,76 t ha<sup>-1</sup>.

Os maiores produtores mundiais são:

1º) Rússia, com cerca de 13,95 milhões de toneladas colhidas em 7,64 milhões de hectares;

2º) França, com 11,347 milhões de toneladas em 1,68 milhões de hectares;

3º) Alemanha, com 10,422 milhões de toneladas em 1,68 milhões de hectares;

4º) Canadá, com 8,012 milhões de toneladas em 2,06 milhões de hectares (FAOSTAT, 2014).

Na América do Sul, a Argentina é o destaque entre os países produtores com uma produção, em 2012, de 5,50 milhões de toneladas. O Brasil, em 2011, produziu um total de 303 mil toneladas em uma área de 88.236 hectares, alcançando assim um rendimento de 3,44 toneladas por hectare (FAOSTAT, 2014). Porém, em 2012, a produtividade brasileira apresentou um grande decréscimo (2,52 t ha<sup>-1</sup>) chegando a produção de somente 258.500 toneladas, principalmente devido as condições climáticas. Essa baixa produtividade brasileira, não se diferenciou da mundial que foi de 2,68 t ha<sup>-1</sup>, em 2012.

A respeito da produtividade da cevada nua, Choo *et al.* (2003) relataram que ela possui rendimento inferior ao da cevada coberta. Thomason *et al.* (2009) encontraram rendimentos 20% menores, em razão da ausência da casca e principalmente pelo fato da cevada nua apresentar menor taxa de emergência, fato que pode ser contornado com a adequada taxa de semeadura. No Brasil, não existe nenhuma cultivar recomendada de cevada nua para plantio. Já os Estados Unidos são considerados os pioneiros no lançamento dessas cultivares com elevados teores de betaglucanas.

#### **4.6 Variabilidade genética molecular e agronômica**

Os marcadores moleculares vêm cada vez mais sendo utilizados no melhoramento de plantas. Na visão de Souza (2001), as principais aplicações dos mesmos no melhoramento são a caracterização e quantificação da diversidade genética entre indivíduos, a construção de mapas genéticos e o mapeamento de características de interesse e na seleção assistida por marcadores moleculares. Existem diferentes tipos de marcadores moleculares e aplicações práticas em programas de conservação, caracterização e uso de recursos genéticos e em programas de melhoramento, assim como diferentes tipos de marcadores moleculares (FALEIRO, 2007; FALEIRO, 2011).

Entre os diferentes tipos de marcadores moleculares, o *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), ou polimorfismos de fragmentos de DNA amplificados ao acaso, é utilizado com sucesso para quantificar a variabilidade no caso de espécies autógamas como a cevada. Amabile (2013) estudou a variabilidade genética molecular entre acessos elite de cevada cervejeira de diferentes países do mundo utilizando o RAPD como marcador molecular. Também utilizando o RAPD, Nazari

& Pakniyat (2008) analisaram a variabilidade genética molecular de genótipos com distintas respostas ao estresse hídrico. A eficiência na utilização da técnica RAPD tem se mostrado satisfatória uma vez que é uma técnica considerada simples, barata e capaz de gerar grande número de polimorfismos do DNA sem interferência do ambiente. Altos valores de polimorfismo foram relatados com uso de marcadores RAPD em populações de cevada selvagem no oeste chinês por Hou *et al.* (2005) (77%), Abdellaoui *et al.* (2010) com uma taxa de 82,8% e Pu *et al.* (2009) atingindo 91%. Taxa de polimorfismo da ordem de 88,12% foi relatada por Amabile (2013). Kroth *et al.* (2005) usaram marcadores RAPD para avaliar a dissimilaridade genética entre e dentro de treze variedades brasileiras de cevada (seis variedades nuas e sete de malte), conseguindo a partir de cinco iniciadores identificar eficientemente a variabilidade existente. Yang *et al.* (2010) identificou uma taxa de 43,7% de polimorfismo utilizando RAPD em acessos de cevada nua oriundos da região do Tibete. Outros trabalhos identificando a variabilidade em cevada nua foram realizados por Feng *et al.* (2006), Zhou *et al.* (2007) e Pan *et al.* (2008).

Apesar de a cevada apresentar uma base genética bem diversa (BAIK & ULLRICH, 2008), FRANKEL & SOULÉ (1981) afirmam que o tamanho da coleção é um dos fatores limitantes para o aproveitamento desta ampla variabilidade, visto que grandes coleções estão inversamente correlacionadas com sua acessibilidade, uso e aplicabilidade. A caracterização e avaliação da diversidade genética, objetivando a organização do germoplasma para o estabelecimento de uma coleção de trabalho, é primordial para obtenção de genótipos superiores, uma vez que a diversidade expressa a diferença entre as frequências alélicas das populações (FALCONER, 1987). Adicionalmente a amplitude da variabilidade, o progresso genético depende também de quanto às características de interesse são herdáveis para o uso dos mais acertados métodos de melhoramento (MOHAMMADI & PRASSANA, 2003). A caracterização de caracteres quantitativos e qualitativos é de extrema importância para o estudo da diversidade genética, auxiliando tanto na conservação de germoplasma como na melhor utilização dos recursos genéticos.

O estudo da diversidade genética tanto molecular quanto agrônômica, vem sendo realizada conjuntamente por diversos autores em cevada (MANJUNATHA *et al.*, 2007; SHAKHATREH *et al.*, 2010; AMABILE *et al.*, 2013), a fim de obter informações complementares a respeito da variabilidade existente em coleções de trabalho. Em cevada nua, a variabilidade genética molecular foi quantificada por Yu *et al.* (2002) e Yang *et al.* (2010). Monteiro (2012) realizou a caracterização morfológica e agrônômica da variabilidade de um conjunto de acessos de cevada, incluindo alguns de cevada nua do banco de germoplasma mantido na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O conhecimento da variabilidade genética dos bancos de germoplasma é a base dos programas de melhoramento, entretanto, segundo Amabile (2013), apesar dos ganhos obtidos no programa de

melhoramento da cevada no Cerrado, pouco se sabe a respeito da variabilidade existente nos bancos de germoplasma do país.

Segundo Amabile (2013), é necessário que se tenha um conhecimento mais profundo da variabilidade genética de genótipos de cevada no Ambiente Cerrado, e que tal conhecimento somente será obtido através de adequada caracterização da variabilidade. Monteiro (2012) citou que os descritores agronômicos nos permite conhecer a amplitude de variação do germoplasma e determinar a sua utilidade potencial.

#### **4.7 Parâmetros genéticos**

A estimativa dos parâmetros genéticos de uma população permite quantificar os diferentes efeitos genéticos, ambientais e também da interação genótipo x ambiente no fenótipo de características de interesse para o melhoramento. Além de quantificar a precisão e acurácia da avaliação fenotípica e possibilidades de obtenção de ganhos genéticos em ciclos de seleção e recombinação em programas de melhoramento. Assim, a seleção eficiente não depende apenas da existência de variação genética entre os genótipos, mas também do controle e avaliação experimental para minimizar e quantificar os efeitos ambientais na expressão fenotípica das características de interesse (FALCONER & MACKAY, 1996).

A herdabilidade, um dos principais parâmetros utilizados no melhoramento, pode ser de dois tipos. A herdabilidade em sentido amplo, que engloba toda variância genotípica, e a herdabilidade em sentido restrito, que envolve somente a variância genética aditiva. Ela é utilizada para estabelecer quanto das diferenças fenotípicas se devem a expressão gênica e quanto esta relacionada a interferência ambiental (LUSH, 1940).

O coeficiente de herdabilidade pode variar de zero a um. Quando a  $h^2$  é igual a um, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos ocorrem exclusivamente pelas diferenças genéticas entre eles. No caso de  $h^2$  ser igual a zero, as diferenças entre os genótipos não ocorrem devido às divergências genéticas (ALLARD, 1971). De acordo com Stansfield (1974), valores de  $h^2$  com magnitudes acima de 0,5 são considerados altos, valores entre 0,2 e 0,5 são de média intensidade e cálculos menores que 0,2 são classificados como herdabilidades baixas.

A herdabilidade é usualmente estimada a partir de uma análise de variância. Portanto, a ocorrência de erros associados a estimativas dela e de outros componentes da variância genética são normalmente verificados. Sendo assim, é necessário que haja atenção na avaliação dessas estimativas. Para um mesmo caráter, podem ser atribuídas estimativas de  $h^2$  variando dentro de uma grande faixa e que pode ser parcialmente atribuída à amostragem, às diferenças populacionais e às diferenças ambientais (RAMALHO *et al.*, 1993).

Considerando essas informações, experimentos com o intuito de obter estimativas de  $h^2$  devem ser realizados em ambiente semelhante aos que as estimativas serão aplicadas. Tal exigência evita que as estimativas da variância genética sofram interferência dos componentes da variância da interação entre genótipo e ambiente, componentes que estarão incluídos na variância fenotípica (BORÉM & MIRANDA, 2005).

Valores de herdabilidade foram estimados por Sayd (2011) em características de qualidade malteira de cevada, que reportou índices variando de 0,46 a 0,93. Monteiro (2012) estimou a herdabilidade de características morfológicas e agrônômicas em condições de Cerrado irrigado e relatou que o caráter dias para espigamento obteve o maior valor (0,97), confirmando os valores de Marquez-Cedillo *et al.* (2001) e Amabile (2013). O caráter peso de mil sementes também foi descrito por alguns autores como de alta herdabilidade (KOLE, 2006; JALATA *et al.*, 2011; MONTEIRO, 2012). Ainda, Chand *et al.* (2008) verificaram para peso de mil sementes numa coleção de genótipos elite em três ambientes diferentes,  $h^2$  da ordem de 0,99. De outro modo, valores de menor magnitude em relação a essa característica foram constatadas por Lu *et al.* (1999), variando de 0,27 a 0,55. Tais valores apontam grande oscilação em virtude dos genótipos e dos ambientes utilizados.

As correlações medem o grau de associação entre duas características ou uma medida da variação conjunta entre essas características. Essas correlações podem ser ainda positivas ou negativas. Quando elas são positivas, o aumento de um determinado caráter significa a ocorrência de aumento no caráter associado. Nas correlações negativas, o incremento de um caráter advém do detrimento de seu par correlacionado (STEEL & TORRIE, 1980). Com a correlação entre caracteres é possível fazer seleção indireta para um caráter desejado. Muitas vezes pode-se obter um progresso mais rápido do que na seleção direta. Entretanto, quando duas características são correlacionadas positivamente e com alto grau de associação, sendo uma delas indesejável, o melhorista encontra dificuldades. Isso também ocorre quando as duas características são desejáveis, mas apresentam correlações negativas com alto valor (FALCONER, 1987). Esse autor preconizou a existência de duas causas para as correlações entre caracteres, a genética e a ambiental. A genética ocorre principalmente em razão do pleiotropismo, que ocorre quando a expressão de um gene afeta a expressão de um ou mais caracteres, sendo que, se o gene estiver segregando, acarretará em variação conjunta nesses outros caracteres. A correlação genotípica é mais utilizada, pois esta encerra uma associação de caracteres herdáveis (ROBINSON *et al.*, 1951).

A correlação fenotípica é mensurada, a partir de dois caracteres, em certo número de indivíduos de uma população. As correlações genéticas e ambientais para um mesmo caráter são frequentemente muito diferentes em magnitude e eventualmente diferentes de sinal. Isto indica que as causas da variação genética e de ambiente afetam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (FALCONER & MACKAY, 1996). Contudo, caracteres genotipicamente

correlacionados, mas não correlacionados fenotipicamente podem não ser de valor prático na seleção, pois esta é geralmente baseada no fenótipo (SHUKLA *et al.*, 1998). Para uma maior eficiência no processo seletivo, é importante salientar que de acordo com a grande variação na magnitude dos valores de correlação encontrados na literatura, pode-se constatar a diferença que deve existir entre populações e verificar, sobretudo, a necessidade de se obter estimativas de correlação para cada população em particular (UNÊDA-TREVISOLI, 2000).

Alguns autores como Shoufu *et al.* (1996), Bhutta *et al.* (2005), Kole (2006) e Amabile (2013) detectaram em valores absolutos de correlações genóticas tanto para acessos dísticos como para acessos hexásticos superiores as correlações fenotípicas e ambientais, evidenciando a maior contribuição gênica na expressão do fenótipo. A característica rendimento estimado de grãos foi correlacionada positivamente com peso de mil sementes por Bhutta *et al.* (2005). Shoufu *et al.* (1996) encontraram correlações de sinais diferentes para altura de plantas com peso de mil sementes, diferentemente do descrito por Monteiro (2012) que obteve valores positivos e de Amabile (2013) que detectou cálculos negativos entre esses caracteres. As maiores correlações genotípica e fenotípica obtidas por Amabile (2013) ocorreram entre peso de mil sementes e classificação comercial de primeira, valores da mesma magnitude foram detectados por Monteiro (2012).

## **5. OBJETIVO GERAL**

Gerar informações moleculares e agronômicas de genótipos de cevada nua irrigada no Distrito Federal visando conhecer e explorar a variabilidade genética existente.

## **6. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

Quantificar e caracterizar a variabilidade genética de 18 acessos de cevada nua com base em marcadores moleculares RAPD e caracteres agronômicos e de qualidade de grãos (Capítulo 1).

Caracterizar e selecionar acessos de cevada nua com características agronômicas desejáveis ao sistema de produção irrigado no Cerrado e estimar parâmetros genéticos para subsidiar o programa de melhoramento de cevada nua irrigada da Embrapa para utilização na alimentação e pela indústria malteira (Capítulo 2).

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELLAOUI, R.; KADRI, K.; NACEUR, M. B.; KAAB, L. B. B. Genetic diversity in some Tunisian barley landraces based on RAPD markers. **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 6, p. 3775-3782, 2010.
- ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- AMABILE, R. F. **Caracterização molecular, morfoagronômica e de qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2013, 220 p. Tese de Doutorado.
- AMABILE, R. F.; AQUINO, F. G.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; FERRARI, R.; CIULLA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FERNANDES, F. D. Qualidade industrial do malte proveniente de genótipos de cevada cervejeira cultivados sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007. p. 430-442. (Embrapa Trigo. Documentos, 76).
- AMABILE, R. F.; CAPETTINI, F.; FALEIRO, F. G. BRS Savanna: New six-rowed malting barley cultivar for irrigated crops in the Brazilian Savanna. **Crop Breeding and applied Biotechnology**, v. 13, n. 2, p. 160-163, 2013a.
- AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G.; VIEIRA, E. A.; PEIXOTO, J. R.; CAPETTINI, F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Genetic diversity of irrigated barley based on molecular and quantitative data and on malting quality. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 7, p. 748-756, 2013b.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27, 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009. 1 CD-ROM.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.
- BAIK, B. K.; ULLRICH, S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.
- BHATTY, R. S.  $\beta$ -glucan and flour yield of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 314- 315, 1999a.
- BHATTY, R. S., Nonmalting uses of barley. In: MACGREGOR, A. W.; BHATTY, R. S. (Eds.), **Barley: Chemistry and Technology**. American Association of Cereal Chemists, p. 355-417, 1993.
- BHATTY, R. S. The potential of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 589-599, 1999b.
- BHATTY, R. S.; ROSSNAGEL, B. G.; CHRISTISON, G. I. Energy and protein digestibilities of hulled and hullless barley determined by swine-feeding. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 59, n. 3, p. 585-588, 1979.

- BHUTTA, W. M.; BARLEY, T.; IBRAHIM, M. Path-coefficient analysis of some quantitative characters in husked barley. **Caderno de Pesquisa Série Biologia**, v. 17, n. 1, p. 65-70, 2005.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525 p.
- BRS 195: primeira cultivar de cevada cervejeira de porte anão para o Cerrado em cultivo irrigado. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados; Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2006. 1 folder.
- 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.
- CHATTERJEE, S. R.; ABROL, Y. P. Protein quality evaluation of popped barley grains (Sattu). **Journal of Food Science and Technology**, v. 14, p. 247-250, 1977.
- CHOO, T. M.; ROSWELL, J.; MARTIN, R. A.; HO, K. M.; ETIENNE, M. Effects of environment, seeding rate, and fungicide on grain yield and hull retention of hullless barley. In: Eastern Expert Committee on Cereals and Oilseeds Annu. Meeting, 2003.
- COUTINHO, L. M. **Cerrado**. 2000. Disponível em: <<http://eco.ib.usp.br/cerrado/index.htm>> Acesso em: 10 nov. 2013.
- DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas**. 10. Ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.
- DINIZ, L. T. **Efeito da adubação nitrogenada, via fertirrigação, no nitrogênio da biomassa microbiana do solo e na qualidade de grãos de cevada**. In: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária. Universidade de Brasília: Brasília. 2007. p. 102.
- EMBRAPA, Agência de Informação. **Bioma Cerrado**. 2011. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/Abertura.html>>. Acesso em: 11 dez. 2013.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. Ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.
- FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p. il.
- FALEIRO, F. G. **Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal**. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JÚNIOR, F. B. Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. p. 55-118.
- FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 10 jan. 2014.



- FENG, Z. Y.; ZHANG, L. L.; ZHANG, Y. Z.; LING, H. Q. Genetic diversity and geographical differentiation of cultivated six-rowed naked barley landraces from the Qinghai-Tibet plateau of China detected by SSR analysis. **Genetic Molecular Biology**, v. 29, p. 330-338, 2006.
- FORTE, C. T. Desempenho agrônômico de cultivares de cevada submetidas a aplicação de herbicidas para o manejo de plantas daninhas. **Anais do SEPE-Seminário de Ensino, Pesquisa e Extensão da UFFS**, v. 3, n. 1, 2013.
- FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. E. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.
- GOEDERT, W. J. Potencial agrícola dos Cerrados. In: **Simpósio Sobre O Potencial Agrícola Dos Cerrados**, 1985, Goiânia. Trabalhos apresentados. Goiânia: EMGOPA / Campinas: Fundação Cargill, 1985. p. 1-2.
- GUNKEL, J.; VOETZ, M.; RATH, F. Effect of malting barley variety (*Hordeum vulgare* L.) on fermentability. **Journal of Institute of Brewing**, v. 108, p. 355-361, 2002.
- HARIDASAN, H. Solos do Distrito Federal. In: PINTO, M. N. (Ed.). **Cerrado**. 2. Ed. Brasília, DF: Universidade de Brasília, 1993. p. 321-344.
- HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: **Barley: origin, botany, culture, winter hardiness, genetics, utilization and pests**. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbook n. 338.
- HELBAEK, H. **Plant collecting, dry-farming, and irrigation agriculture in prehistoric Deh.** Luran. Mem. Mus. Anthrop. Univ. Michigan, v. 1, p. 383-426, 1969.
- HOLTEKJOLEN, A. K.; UHLEN, A. K.; BRATHEN, E.; SAHLSTROM, S.; KNUTSEN, S. H. Contents of starch and non-starch polysaccharides in barley varieties of different origin. **Food Chemistry**, v. 94, p. 348-358, 2006.
- HOU, Y. C.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity in barley from west China based on RAPD and ISSR analysis. **Barley Genetics Newsletter**, v. 35, p. 9-22, 2005.
- 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.
- KER, J. C.; PEREIRA, N. R.; CARVALHO JÚNIOR, W. de; CARVALHO FILHO, A. de. Cerrado: solos, aptidão e potencialidade agrícola. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO E CONSERVAÇÃO DO SOLO NO CERRADO, Goiânia, 1992. **Anais...** Campinas: Fundação Cargill, 1992. p. 1-31. Coord. por C. V. Costa e L. C. V. Borges.
- KIKUCHI, S.; TAKETA, S.; ICHII, M.; KAWASAKI, S. Efficient fine mapping of the naked caryopsis gene (*nud*) by HEGS (High Efficiency Genom Scaning) AFLP in barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 73-78, 2003.
- KINNER, M.; NITSCHKO, S.; SOMMEREGER, J.; PETRASCH, A.; LINSBERGER-MARTIN, G.; GRAUSGRUBER, H.; BERGHOFER, E.; SIEBENHANDL-EHN, S. Naked barley-Optimized recipe for pure barley bread with sufficient beta-glucan according to the EFSA health claims. **Journal of Cereal Science**, v. 53, n. 2, p. 225-230, 2011.

- KOCHIEVA, E. Z.; GORIUNOVA, S. V.; POMORTSEV, A. An RAPD-marking of genomes of representative *Hordeum* species. **Genetika**, v. 8, p. 1088-1094, 2001.
- KOLE, P. C. Variability, correlation and regression analysis in third somaclonal generation of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 44-47, 2006.
- KUJAWINSKI, R. Desempenho agronômico da cevada submetida a inoculação com *Azospirillum* brasilense. **Anais do SEPE-Seminário de Ensino, Pesquisa e Extensão da UFFS**, v. 3, n. 1, 2013.
- LASZTITY, R. **The chemistry of cereal proteins**. CRC Press, Inc. Ed. 2, p. 424-428, 1996.
- LIMA, J. E. F. W.; SANO, E. E.; SILVA, E. M. da; LOPES, T. S. S. Irrigação por pivô-central no Cerrado: levantamento da área irrigada elaborado com base na análise de imagens de satélite. **Revista ITEM - Irrigação e Tecnologia Moderna**, n. 83/84, p. 38-44, 2009.
- LIMA, M. I. P. M.; MINELLA, E. Caracterização preliminar de genótipos de cevada quanto à reação à brusone nas folhas. **Embrapa Trigo. Comunicado Técnico Online**, v. 217, 2007.
- LOPES, A. S. **Solos sob “Cerrado”**: características, propriedades e manejo. Piracicaba: Instituto da Potassa & Fosfato: Instituto Internacional da Potassa, 1983. 162 p.
- LIU, Z. W.; BIYASHEV, R. M.; SAGHAI-MAROOF, M. A. Development of simple sequence repeat DNA markers and their integration into a barley linkage map. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p. 869-876, 1996.
- LU, M. Q.; O'BRIEN, L.; STUART, I. M. Environmental and genetic variation for grain yield and barley malting quality attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 50, p. 1425-1434, 1999.
- LUSH, J. L. Intra-sire correlations on regressions of offspring on dam as a method of estimating heritability of characteristics. **Journal of Animal Science**, p. 293-301, 1940.
- 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.
- MARCONI, E.; GRAZIANO, M.; CUBADDA, R. Composition and utilization of barley pearling by-products for making functional pasta rich in dietary fibre and b-glucans. **Cereal Chemistry**, v. 77, p. 133-139, 2000.
- MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI FILHO, E.; COSTAMILLAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; CHAVES, M. S.; SCAGLIUSI, S. M. M. BRS Manduri: nova opção varietal de cevada cervejeira para produção irrigada. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 28., 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2011. 1 CD-ROM.
- MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI, E.; LIMA, M. I. P. M.; COSTAMILAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A. do; CHAVES, M. S.; BRAMMER, S. P.

- Cultivar de BRS Sampa. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2009. 1 CD-ROM.
- MINELLA, E.; 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.; LUNARDI, L. Cultivares de cevada 2010/2011. **Embrapa Trigo. Documentos**, v. 98, 2010.
- 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.
- 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, 2012. 136 p. Dissertação de Mestrado.
- 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 de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 2, p. 29-55.
- NAZARI, L.; PAKNIYAT, H. Genetic diversity of wild and cultivated barley genotypes under drought stress using RAPD. **Markers Biotechnology**, v. 7, p. 745-750, 2008.
- NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. Hulless barley for food and feed. In: **Specialty grains for food and feed**. ABDEL-AAL, E.; WOOD, P.; Eds.; AACC International: St. Paul, MN, 2004, p. 167-202.
- NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. A brief history of barley foods. **Cereal Foods World**, v. 51, p. 4-7, 2006.
- NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro: IBGE, 1989. p. 422.
- PAN, Z. F.; DENG, G. B.; ZHAI, X. G.; LONG, H.; TANG, Y. W.; QIANG, X. L.; YU, M. Q. Molecular analysis of cultivated naked barley (*Hordeum vulgare* L.) from Qinghai-Tibet Plateau in China using SSR markers. **Frontiers of Agriculture in China**, v. 2, p. 372-379, 2008.
- PINS, J. J.; KAUR, H. A review of the effects of barley  $\beta$ -glucan on cardiovascular and diabetic risk. **Cereal Food World**, v. 51, p. 8-11, 2006.
- PU, Z. E.; HOU, Y. C.; XU, X. X.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; LAN, X. J.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity among barley populations from West China based on RAMP and RAPD markers. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 111-119, 2009.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Editora UFG, Goiânia, 1993. 271 p.
- ROBINSON, H. F.; COMSTOK, R. E.; HARVEY, P. H. Genotypic correlation in corn and their implication in selection. **Agronomy Journal**, v. 43, p. 282-284, 1951.
- RYU, S. Grain quality of barley for human diet, in: **Proceedings of Joint Barley Utilization Seminar**, p. 94-108, 1979.

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

SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G. Desempenho de genótipos de cevada irrigada em ensaios de competição no ano de 2012 no Cerrado. In: **7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, 2013, Uberlândia-MG.

SETTE, D. M. Os climas do Cerrado do Centro-Oeste. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 1, p. 29-42, 2004.

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.

SHIMIZU, C.; KIHARA, M.; AOE, S.; ARAKI, A.; ITO, K.; HAYASHI, K.; WATARI, J. SAKATA, Y.; IKEGAMI, S. Effect of high b-glucan barley on Serum cholesterol concentrations and visceral fat area in Japanese men-A randomized, double-blinded, placebo-controlled trial. **Plant Foods for Human Nutrition**, v. 63, p. 21-25, 2008.

SHOUFU, X.; WEN, F.; RUNSHENG, J. Correlation analysis of several quantitative characters of barley. **Barley Newsletter Genetic**, v. 27, 1996. Disponível em: <<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn/27/xf1txt.html>>. Acesso em: 10 nov. 2013.

SHUKLA, S.; SINGH, K.; PUSHPENDRA, F. Correlation and path coefficient analysis of yield and its components in soybean (*Glycine max* L. Merrill.). **Soybean Genetics Newsletter**, v. 25 p. 67-70, 1998.

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

SMITH, C. W. **Crop Production: evolution, history and technology**. Department of Soil & Crop Science. Texas A&M University. 1995. p. 174-219.

SOUSA, D. M. G. de; RITCHEY, K. D. Acidez do solo e sua correção. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 6., Savanas, 1982. **Alimento e energia**. Planaltina, DF: EMBRAPA-CPAC, 1988. p. 15-32.

SOUZA, A. P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, J. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (eds.). **Recursos genéticos e melhoramento – Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 939-965.

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

STATISTIC CANADA, 2012. Canada: **Grains and oilseeds (G&O) Outlook: 2011-12**. [http://www.agr.gc.ca/pol/mad-dam/pubs/go-co/pdf/go-co\\_2012](http://www.agr.gc.ca/pol/mad-dam/pubs/go-co/pdf/go-co_2012). Acesso em: 08 jan.2014.

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

ŠKRBIĆ, B.; MILOVAC, S.; DODIG, D.; FILIPČEV, B. Effects of hull-less barley flour and flakes on bread nutritional composition and sensory properties. **Food Chemistry**, v. 115, n. 3, p. 982-988, 2009.

THOMASON, W. E.; BROOKS, W. S.; GRIFFEY, C. A.; VAUGHN, M. E. Hulless barley seeding rate effects on grain yield and yield components. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 342-346, 2009.

TONON, J. Cevada: As principais doenças fúngicas. **Correio Agrícola**, São Paulo, 1992. p. 12-15.

ULLRICH S. E. Significance, adaptation, production, and trade of barley. In: Ullrich SE (ed) **Barley: production, improvement, and uses**. Wiley-Blackwell, Ames, p. 3-13, 2011.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja**. 2000. 228 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

USDA, N. The PLANTS database. **National plant data center**, Baton Rouge, LA. <<http://plants.usda.gov>>. Acesso em: 07 jan. 2014.

VAVILOV, N. I. Studies on the origin of cultivated plants. **Bulletin Applied Botany, Genetics and Plant Breeding**, v. 16, p. 1-248, 1926.

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

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

ZHOU, H. J.; LIU, X. C.; LIU, X. J.; WANG, X. W.; HE, S. P.; LI, G.; YAN, M.; HE, G. D.; FENG, Z. Y. Comparative assessment of genetic diversity at hordein loci in developed hulless barley varieties from the plateau regions of Sichuan and Tibet, China. **Barley and Cereal Science**, v. 4, p. 1-6, 2007.

ZHOU, M. Barley Production and Consumption: World Barley Production. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 1-16.

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.

## **CAPÍTULO I**

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA NUA COM BASE EM  
MARCADORES RAPD E CARACTERES AGRONÔMICOS SOB IRRIGAÇÃO NO  
CERRADO**

**GENETIC VARIABILITY OF BARLEY HULLESS ACCESSIONS BASED ON RAPD  
MARKERS AND AGRONOMIC TRAITS UNDER IRRIGATION IN THE CERRADO**

# VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA NUA COM BASE EM MARCADORES RAPD E CARACTERES AGRONÔMICOS SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO

## 1. RESUMO

Neste trabalho, objetivou-se caracterizar e quantificar a variabilidade genética molecular e agronômica de acessos de cevada nua, a fim de auxiliar a seleção de genitores a serem utilizados no programa de melhoramento genético e na identificação de genótipos adaptados ao sistema de produção irrigado no Cerrado. Foram avaliados 18 acessos de cevada nua, além de três testemunhas de cevada com grãos cobertos. A caracterização foi realizada com base em 157 marcadores moleculares RAPD e dez caracteres agronômicos. Foram obtidas as matrizes de distância genética entre os genótipos com base em marcadores moleculares e características quantitativas. Foram realizadas análises de agrupamento e dispersão gráfica dos acessos. Foi constatada alta variabilidade genética molecular e agronômica entre os genótipos, possibilitando a utilização das mesmas pelo programa de melhoramento genético. Observou-se uma tendência de agrupamento dos genótipos etíopes e uma significativa dispersão dos genótipos brasileiros, os quais apresentaram maior variabilidade genética molecular. Com base nas características agronômicas, foram verificados dois agrupamentos mais consistentes, um com os materiais dísticos e outro com os hexásticos. Os genótipos PI 356466, CN Cerrado 1, PI 370799 e CI 13453 apresentaram características agronômicas de interesse e foram distintos geneticamente, sendo indicado para a base de cruzamentos visando à seleção de genótipos promissores.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f., diversidade genética, marcador molecular e caracteres quantitativos.

# GENETIC VARIABILITY OF BARLEY HULLESS ACCESSIONS BASED ON RAPD MARKERS AND AGRONOMIC TRAITS UNDER IRRIGATION IN THE CERRADO

## 2. ABSTRACT

In this study, it was aimed to characterize and quantify the genetic molecular and agronomic variability of hulless barley accessions, in order to assist the selection of parents to be used in the breeding program and in the identification of genotypes adapted to the irrigated production system in the Brazilian Savanna. Eighteen hulless barley accessions were evaluated, and three covered barley accessions served as reference. The characterization was made based on 157 RAPD molecular markers and ten agronomic traits. The matrices of genetic distance among the genotypes were obtained based on molecular markers and quantitative traits. Graphic grouping and dispersion analysis were performed. High genetic molecular and agronomic variability were found among the genotypes, enabling their use by the breeding program. A tendency to grouping was found among the Ethiopian genotypes and significant dispersion was observed among the Brazilian genotypes, which presented the higher molecular genetic variability. Based on the agronomic traits, two more consistent groupings were found, one with the more two-rowed materials and another with the six-rowed materials. The genotypes PI 356466, CN Cerrado 1, PI 370799, and CI 13453 presented agronomic traits of interest and were genetically different, being indicated for the crossing base aiming the promising genotypes selection.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f., genetic diversity, molecular markers, quantitative traits.



### 3. INTRODUÇÃO

A agricultura surgiu no período neolítico, e a cevada foi o primeiro cereal a ser cultivado no mundo, cerca de 10.000 anos atrás (DIAMOND, 1998). Smith (1998) apontou a domesticação do trigo, da ervilha e da lentilha, em época semelhante a da cevada. A região do Crescente Fértil é considerada o centro de origem principal da cevada (*Hordeum vulgare* L.), reputando ainda a existência de um centro secundário que engloba a região africana, onde está localizada a Etiópia, e a chinesa denomina ‘Hither Asia’ (HARLAN, 1979). Os primeiros relatos das cevadas hexásticas e da cevada nua, em que o grão não é aderido a pálea e a lema, foram datadas de 8.000 anos antes da nossa Era (SMITH, 1995).

A cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) tem finalidades diversas, como na alimentação humana e animal e na produção do malte, para a fabricação de cerveja e produtos alimentícios. Historicamente, a cevada nua foi utilizada como alimento humano em suas regiões de origem, sendo mais recentemente consumida por populações mais carentes nos países em desenvolvimento do Oriente. Entretanto, nos países ocidentais como Estados Unidos e Canadá, a cevada nua vem sendo utilizada cada vez mais como parte de uma dieta saudável, principalmente por ser considerada um alimento funcional, ser uma excelente fonte de carboidrato, e também rica em fibras, principalmente as betaglucanas (NEWMAN & NEWMAN, 2004).

O cultivo da cevada no Brasil habitualmente ocorre nas regiões temperadas, mais ao Sul do país, em consequência das temperaturas do ar mais amenas. Todavia, as potencialidades da cevada como alternativa para sistema de produção irrigado no Cerrado vem sendo demonstrado por ações de pesquisa e desenvolvimento realizadas ao longo dos últimos vinte anos pela Embrapa Cerrados e parceiros. A cevada cultivada no Cerrado vem apresentando altos rendimentos e boa classificação de grãos, ausência de dormência pós colheita, e sementes limpas, sem a presença de fungos (AMABILE, 2007).

Entre os cereais, a cevada é o que possui uma das bases genéticas mais diversas (BAIK & ULLRICH, 2008). A identificação e a caracterização da variabilidade dos acessos dentro de uma espécie são fundamentais para um programa de melhoramento genético, com a finalidade de se obter genótipos promissores, que atendam as necessidades do sistema de produção. O conhecimento de tais informações acarretará ganhos quantitativos e qualitativos com maior eficiência na seleção e avaliação de genótipos por meio de características adequadas, para serem utilizados como futuros genitores em hibridações (VALLS, 2007).

O estudo da variabilidade genética, tanto molecular quanto agronômica, vem sendo estudada conjuntamente por diversos autores (MANJUNATHA *et al.*, 2007; SHAKHATREH *et al.*, 2010; AMABILE *et al.*, 2013), a fim de obter informações complementares a respeito da variabilidade

existentes em coleções de trabalho. Em cevada nua, a variabilidade molecular foi quantificada por Yu *et al.* (2002) e Yang *et al.* (2010). Monteiro (2012) realizou a caracterização morfológica e agrônômica da variabilidade de um conjunto de acessos de cevada, incluindo alguns de cevada nua do banco de germoplasma mantido na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O conhecimento da variabilidade genética dos bancos de germoplasma é a base dos programas de melhoramento, entretanto, segundo Amabile (2013), apesar dos ganhos obtidos no programa de melhoramento da cevada no Cerrado, pouco se sabe a respeito da variabilidade existente nos bancos de germoplasma do país.

Uma das ferramentas que mais vem sendo utilizadas para a identificação e quantificação da variabilidade genética de genótipos de inúmeras plantas são os marcadores moleculares do DNA, devido à geração de número praticamente ilimitado de polimorfismos sem influência do ambiente (FALEIRO, 2007). Um dos marcadores moleculares muito utilizados em estudos de variabilidade de plantas autógamas é o *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) em virtude de ser uma técnica com grande capacidade de acessar as informações do genoma da espécie com eficiência facilidade e rapidez de execução (FALEIRO, 2007; KARIM *et al.*, 2009).

Neste trabalho, objetivou-se quantificar e caracterizar a variabilidade genética de 18 acessos de cevada nua com base em marcadores moleculares RAPD e caracteres agrônômicos e de qualidade de grãos.

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

Para avaliação das características agrônômicas, os ensaios de campo foram conduzidos em dois ambientes, sob irrigação via pivô central de Maio a Setembro de 2012. O ambiente 1 está localizado no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, situado a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, num LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso, a 1.007 m de altitude. O ambiente 2 está situado no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), no Recanto das Emas-DF, a 15°54'53'' de latitude Sul e 48°02'14'' de longitude Oeste, em uma altitude de 1.254 m, num LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso.

Os resultados médios das análises do solo no CPAC foram: perfil 1- (0-10 cm), conforme EMBRAPA (1997) indicou a existência de 0,40 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 1,97 me/100cc de H+Al; 59,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 56,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 55,83 mg dm<sup>-3</sup> de P; 180,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 7,02. Perfil 2- (10-20 cm), 0,20 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 15,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 71,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 14,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 50,95 mg dm<sup>-3</sup> de P; 140,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 6,85. Perfil 3- (20-30 cm), 0,60 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 21,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 54,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,0

me/100cc de Mg; 183,4 mg dm<sup>-3</sup> de P; 84,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 6,50. Perfil 4- (30-40 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 15,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 62,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 9,88 mg dm<sup>-3</sup> de P; 92,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 6,58.

A análise de solo no SPM no perfil 1 (0-10 cm), indicou a presença de 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 20,1 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 80,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 17,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 21,47 mg dm<sup>-3</sup> de P; 94,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 7,19. Perfil 2- (10-20 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 30,6 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 70,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 15,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 26,44 mg dm<sup>-3</sup> de P; 70,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 6,83. Perfil 3- (20-30 cm), 0,40 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 44,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 39,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 8,17 mg dm<sup>-3</sup> de P; 46,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 6,04. Perfil 4- (30-40 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 47,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 33,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 8,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 5,23 mg dm<sup>-3</sup> de P; 36,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH<sub>(água)</sub> de 5,62.

Foram empregados para o estudo, 18 acessos de cevada nua, dística e hexástica, e três testemunhas de cevada cervejeira com casca, originários dos continentes africano, americano, asiático, europeu e oceânico, disponíveis no Banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Tabela 1), selecionados por apresentarem número de sementes viáveis e germinação maior que 85%. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>.

Os caracteres quantitativos avaliados para o estudo de diversidade agrônômica foram: 1. Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. Class1 - classificação comercial de primeira (%); 3. Class2 - classificação comercial de segunda (%); 4. Class3 - classificação comercial de terceira (%) - todas as classificações de acordo com Brasil (1996); 5. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 6. ALT - altura de plantas (cm); 7. ACAM - grau de acamamento (valor de acamamento igual a zero significa acamamento mínimo ou inexistente, e contrariamente, quando igual a 100, o acamamento é máximo); 8. Ciclo - espigamento (período da emergência até que 50% das espigas, da área útil da parcela, estivessem visíveis), em dias; 9. PH - peso hectolítrico de grãos (kg hL<sup>-1</sup>), segundo Brasil (2009); e 10. Proteína - teor de proteína total (%) utilizando o método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001). As análises de nitrogênio para a quantificação do teor de proteína do grão ocorreram no Laboratório de Química da Embrapa Cerrados. As avaliações de altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento foram realizadas nos campos experimentais do CPAC e do SPM. E as avaliações de rendimento de grãos, classificação comercial, PMS e PH foram feitas no Laboratório de Sementes da Embrapa Cerrados.

Foi estimada a distância genética, entre todos os pares de acessos, através da distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ij}$ ), definida como:  $D^2_{ij} = (X_i - X_j)' E_{-1} (X_i - X_j)$ , em que:  $X_i$  e  $X_j$  são os vetores médios relacionados aos acessos  $i$  e  $j$ , respectivamente;  $E_{-1}$  é a matriz de covariância residual

obtida na análise da variância multivariada (CRUZ *et al.*, 2004). Foram efetuadas análises de agrupamento, baseadas na matriz de distâncias genéticas, por meio de dendograma, utilizando método hierárquico aglomerativo da média aritmética não ponderada entre pares (UPGMA), como critério de agrupamento (SNEATH & SOKAL 1973). A dispersão gráfica foi gerada por escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS Institute Inc., 2008) e Statistica (Statsoft Inc., 1999).

O estudo de diversidade molecular foi executado no Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados. Amostras de folhas de duas plantas de cada acesso foram coletadas para realizar a extração do DNA genômico. O método de extração do DNA foi o do CTAB com modificações (FALEIRO *et al.*, 2003). A maceração foi realizada utilizando tecido vegetal fresco, com ajuda de uma barra de vidro. Posteriormente à maceração, foi adicionado a cada amostra, 450 µL de tampão composto por 100 µM de Tris-HCl, CTAB 7%, EDTA 20 mM e NaCl 1,4 M, e colocadas em banho-maria a 65 °C, por trinta minutos.

Foi efetuada a desproteíntização utilizando, para cada amostra, 400 µL de uma solução de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1), realizando uma agitação para que se formasse uma emulsão. Em seguida, as amostras foram centrifugadas durante cinco minutos, separando em torno de 200 µL do sobrenadante, e recolocando-os em novos microtubos de dois mL. Ao sobrenadante, foi acrescentado 200 µL de isopropanol a 5 °C para que ocorresse a precipitação do DNA. Os tubos foram agitados levemente e após esse processo, foram colocados a -20 °C por trinta minutos, e posteriormente centrifugados a 7.000 rpm, durante dez minutos. O sobrenadante foi descartado e o *pellet* formado passou por dois processos de lavagem com 200 µL de etanol a 70%. O *pellet* foi seco à temperatura ambiente e em seguida, diluído em 100 µL de água Milli Q, composta também por RNase a 40 µL mL<sup>-1</sup> de concentração.

A quantificação do DNA foi realizada utilizando espectrofotometria a 260 nm (A260) e a relação A260/A280 foi empregada para aferir a pureza e qualidade (SAMBROOK *et al.*, 1989).

Amostras de DNA de cada acesso foram amplificadas para obtenção de marcadores RAPD. As reações de amplificação foram feitas em um volume total de 13 µL, contendo Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), KCl 50 mM, MgCl<sub>2</sub> 3 mM, 100 µM de cada um dos desoxiribonucleotídeos (dATP, dTTP, dGTP e dCTP), 0,4 µM de um “primer” (Operon Technologies Inc., Alameda, CA, EUA), uma unidade da enzima Taq polimerase e, aproximadamente, 15 ng de DNA. Foram utilizados os seguintes primers: OPD03, OPD04, OPD08, OPE18, OPE20, OPF01, OPF17, OPF20, OPG01, OPG05, OPH14, OPH16, OPH17 e OPH20.

As amplificações foram efetuadas em termociclador programado para 40 ciclos, cada um constituído pela seguinte sequência: 15 segundos a 94 °C, 30 segundos a 35 °C e 90 segundos a 72 °C. Após os 40 ciclos, foi feita uma etapa de extensão final de seis minutos a 72 °C, e finalmente, a

temperatura foi reduzida para 4 °C. Em seguida, adicionou-se a cada amostra, três µL de uma mistura de azul de bromofenol (0,25%) e glicerol (60%) em água. Essas amostras foram aplicadas em gel de agarose (1,2%), corado com brometo de etídio, submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM). A separação eletroforética foi de, aproximadamente, quatro horas, a 90 volts. Ao término da corrida, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta.

Uma matriz de dados binários foi gerada a partir dos marcadores moleculares gerados, da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os acessos, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li (1979), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

A similaridade genética (SG) foi dada por:  $S_{gij} = 2N_{ij}/(N_i + N_j)$ ; onde:  $N_{ij}$  é o número de bandas presentes em ambos os genótipos  $i$  e  $j$ ;  $N_i$  e  $N_j$  é o número de bandas presentes no genótipo  $i$  e  $j$ , respectivamente; e, subtraído o valor de SG da unidade ( $1 - SG$ ), foi obtida a dissimilaridade genética.

As análises de agrupamento via dendograma, foram realizadas utilizando a matriz de distancia genética, utilizando o método UPGMA (*Unweighted pair-group method arithmetic average*) como critério de agrupamento (SNEATH & SOKAL, 1973), com o auxílio do programa SAS (SAS Institute Inc., 2008) e Statistica (Statsoft Inc., 1999). Além do dendograma, foram gerados gráficos de dispersão com base no método das coordenadas principais, estratificando os acessos com base nos tipos de espiga, origem continental e origem por país.

O coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ) foi calculado para estimar o ajuste entre as distancias genéticas originais da matriz de dissimilaridade e a representação gráfica exibida no dendograma, de acordo com Sokal & Rohlf (1962), com o auxílio do programa NTSYS PC 2.1 (ROHLF, 2000). A contribuição relativa dos caracteres avaliados quanto à diversidade genética foi mensurada empregando-se o método de Singh (SINGH, 1981), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As amplificações das amostras de DNA dos acessos de cevada nua e dos acessos de grão com casca, utilizando os 14 *primers* decâmeros, geraram 157 marcadores RAPD, dos quais 141 (89%) foram polimórficos (Tabela 1). Os iniciadores OPD03, OPD04, OPG05 e OPH20 foram os que geraram as maiores quantidades de bandas polimórficas, enquanto o OPD08 foi aquele que gerou maior número de bandas monomórficas (3).

Foi observada alta variabilidade genética entre os acessos, visto que foi obtida alta porcentagem de bandas polimórficas. Tal variabilidade era esperada, em razão da cevada ser um dos cereais com a base genética mais diversa (BAIK & ULLRICH, 2008), considerando também que os

genótipos utilizados no estudo foram oriundos de diferentes países e regiões do mundo. Outros estudos identificaram ampla variabilidade genética molecular em acessos de cevada (KOCHIEVA *et al.*, 2001; YU *et al.*, 2002; HOU *et al.*, 2005; ABDELLAOUI *et al.*, 2007; KARIM *et al.*, 2009; YANG *et al.*, 2010; AMABILE *et al.*, 2013). As altas variabilidades genéticas relatadas são importantes nos programas de melhoramento, permitindo a seleção de genitores contrastantes para criar acertados blocos de cruzamento e hibridações, com o intuito de aumentar as chances de sucesso e reduzir o tempo para obtenção de cultivares elite.

**Tabela 1.** Iniciadores utilizados para obtenção dos marcadores RAPD para genótipos de cevada e respectivos números de bandas polimórficas e monomórficas. CPAC/SPM, DF, 2014.

Iniciador	Sequência 5'→3'	Nº de bandas polimórficas	Nº de bandas monomórficas
OPD03	GTCGCCGTCA	16	2
OPD04	GTCACCGCGC	13	0
OPD08	GTGTGCCCCA	10	3
OPE18	GTCTTTCAGG	8	2
OPE20	TGATCCCTGG	11	0
OPF01	ACCTGGACAC	3	1
OPF17	GTGATCGCAG	11	0
OPF20	GGTCTAGAGG	8	1
OPG01	TGGCGGTTTG	6	2
OPG05	CTGAGACGGA	14	0
OPH14	ACGGCGTATG	10	1
OPH16	GGAGATGTAC	11	2
OPH17	GATGCCAGAC	7	0
OPH20	GGGAGACATC	13	2
	<b>Total</b>	<b>141</b>	<b>16</b>

As distâncias genéticas, entre os acessos com base nos marcadores moleculares, variaram de 0,131 a 0,484, sendo a amplitude igual a 0,353 (Tabela 2), superior a encontrada por Amabile *et al.* (2013) em genótipos elite de cevada testada no Cerrado irrigado. A menor distância foi entre os acessos CI 09928 x PI 370799 (0,131), ambos hexásticos, sendo o primeiro proveniente da China enquanto o segundo da Suíça. Acessos que da mesma forma se mostraram mais próximos geneticamente foram os etíopes e hexásticos PI 356474 e CI 12931 com distância de 0,135. Os genótipos mais contrastantes foram o CI 13453, material dístico de origem romena e o CI 07650, hexástico e indiano. O acesso CI 13453 foi o mais divergente em relação aos demais com distância média de 0,382 (Tabela 2).

**Tabela 2.** Matriz de dissimilaridade entre 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, calculada com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei e Li (1979), utilizando-se 157 marcadores RAPD. CPAC/SPM, DF, 2014.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
<b>1</b>	-																				
<b>2</b>	0,205	-																			
<b>3</b>	0,296	0,185	-																		
<b>4</b>	0,325	0,231	0,170	-																	
<b>5</b>	0,366	0,194	0,207	0,135	-																
<b>6</b>	0,430	0,295	0,266	0,274	0,221	-															
<b>7</b>	0,378	0,270	0,242	0,193	0,189	0,222	-														
<b>8</b>	0,462	0,306	0,325	0,309	0,241	0,297	0,231	-													
<b>9</b>	0,405	0,306	0,265	0,236	0,231	0,250	0,244	0,262	-												
<b>10</b>	0,436	0,315	0,299	0,306	0,232	0,272	0,244	0,253	0,190	-											
<b>11</b>	0,404	0,330	0,361	0,262	0,256	0,270	0,257	0,280	0,233	0,210	-										
<b>12</b>	0,439	0,275	0,291	0,230	0,191	0,309	0,260	0,273	0,232	0,191	0,250	-									
<b>13</b>	0,368	0,304	0,353	0,302	0,273	0,379	0,352	0,333	0,333	0,322	0,325	0,233	-								
<b>14</b>	0,366	0,345	0,325	0,333	0,325	0,391	0,373	0,389	0,342	0,366	0,346	0,346	0,225	-							
<b>15</b>	0,408	0,345	0,325	0,333	0,288	0,315	0,325	0,348	0,289	0,316	0,307	0,308	0,299	0,219	-						
<b>16</b>	0,355	0,233	0,272	0,244	0,205	0,250	0,251	0,286	0,222	0,216	0,277	0,221	0,224	0,233	0,159	-					
<b>17</b>	0,366	0,228	0,264	0,204	0,178	0,224	0,266	0,292	0,251	0,233	0,257	0,204	0,218	0,310	0,229	0,162	-				
<b>18</b>	0,484	0,333	0,353	0,279	0,250	0,284	0,240	0,299	0,284	0,298	0,313	0,302	0,341	0,358	0,299	0,247	0,184	-			
<b>19</b>	0,345	0,263	0,290	0,220	0,215	0,301	0,249	0,272	0,256	0,304	0,284	0,242	0,311	0,349	0,329	0,256	0,196	0,196	-		
<b>20</b>	0,376	0,286	0,303	0,333	0,225	0,255	0,260	0,218	0,280	0,249	0,238	0,345	0,302	0,366	0,308	0,267	0,227	0,228	0,264	-	
<b>21</b>	0,418	0,322	0,307	0,303	0,251	0,232	0,231	0,261	0,224	0,230	0,219	0,291	0,306	0,333	0,275	0,225	0,198	0,174	0,257	0,131	-

<sup>1</sup>1. CI 13453, 2. CI 09976, 3. CN Cerrado 4, 4. PI 356474, 5. CI 12931, 6. CN Cerrado 1, 7. CI 14150, 8. CI 09459, 9. 295418 (T), 10. CN Cerrado 2, 11. CI 06440, 12. 164321 (T), 13. CI 09977, 14. CN Cerrado 5, 15. CN Cerrado 6, 16. 193011 (T), 17. PI 356466, 18. CI 07650, 19. CI 09969, 20. CI 09928 e 21. PI 370799.

No estudo de agrupamento, usando o método UPGMA, o dendograma fez uma boa representação dos valores de distancia genética mostrados na matriz original (Tabela 2), com valor do coeficiente de correlação cofenético igual a 0,83, considerado alto e significativo a 1%, e superior ao que foi indicado por Rohlf (2000) com  $r$  igual a 0,70. Considerando o ponto de corte a distância média dos genótipos (0,280), ocorreu a formação de três grupos de similaridade (Figura 1). O primeiro grupo foi formado por apenas um acesso, o CI 13453. No segundo, foram agrupados a maior parte dos genótipos, onde foi possível identificar alguns subgrupos. Os acessos hexásticos etíopes PI 356474 e CI 12931 juntamente com o também hexástico CI 14150 de origem mongol se mostraram próximos. Ainda dentro do segundo conjunto, outros quatro genótipos hexásticos ficaram agrupados em outro subgrupo: o chinês CI 09928, o suíço PI 370799, o etíope PI 356466 e o indiano CI 09969. Amabile *et al.* (2013), do mesmo modo encontrou tendências de agrupamento dos genótipos com relação ao tipo de espiga.

No que diz respeito ao agrupamento entre acessos com e sem casca, não se pôde constatar tendências de agrupamento, visto que um dos três genótipos com casca se distanciou significativamente dos demais. Fedak *et al.* (1972) explicaram que a característica sem casca é controlada por apenas um único *locus* recessivo em relação ao caráter com casca. Logo, esta diferença pontual foi diluída em relação às demais diferenças entre os acessos, visto que as análises utilizando os marcadores RAPD são realizadas considerando os polimorfismos obtidos em todo o genoma.

No terceiro grupo, notou-se quatro genótipos, dentre eles três dísticos, sendo dois de origem brasileira, CN Cerrado 5 e CN Cerrado 6, além da testemunha australiana 193011. O outro acesso foi o CI 09977, hexástico e etíope, que se mostrou mais próximo ao CN Cerrado 5 (Figura 1).

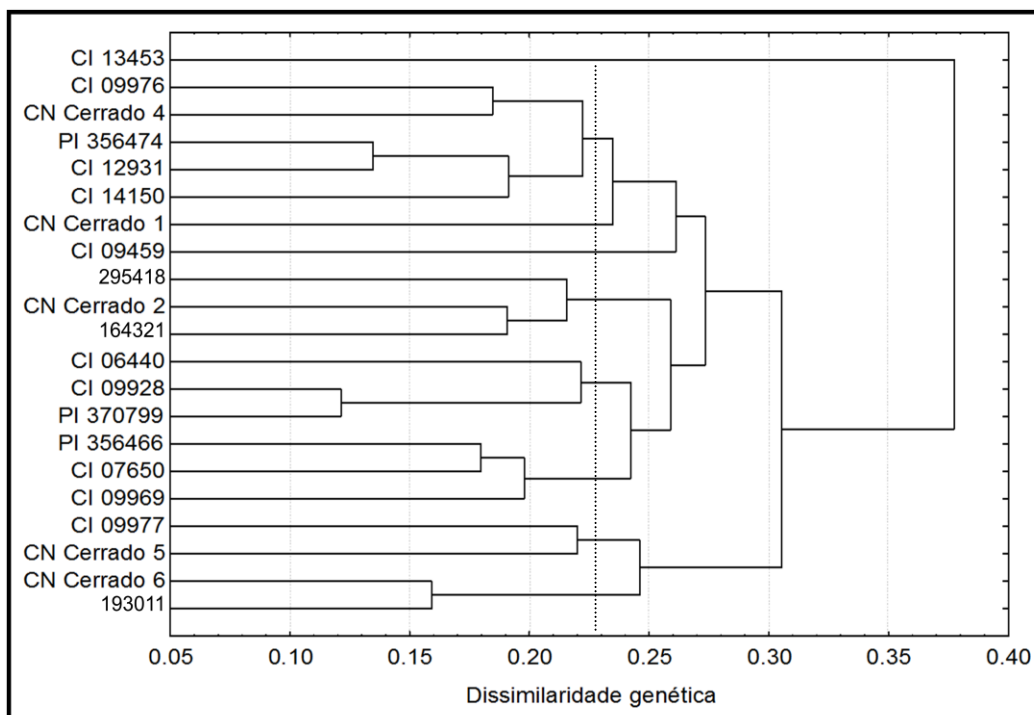
No gráfico de dispersão, quando analisado o posicionamento dos acessos com tipo de espiga dístico e hexástico, notou-se uma tendência de dispersão dos acessos, contudo, os genótipos hexásticos encontram-se distribuídos mais ao centro do gráfico, principalmente os acessos CI 09928, PI370799, 164321, CI 07650 e PI 356466. Dentre os acessos dísticos, o CI 06640 e o CN Cerrado 2 foram os únicos a se associarem entre si, os demais ficaram distribuídos mais nas bordas do gráfico de dispersão (Figura 2).

Ao se observar a dispersão dos genótipos quanto ao continente de origem (Figura 3), nota-se que os acessos sul-americanos, foram os que apresentaram uma distribuição mais ampla, possuindo genótipos localizados nos quatro quadrantes do gráfico de dispersão.

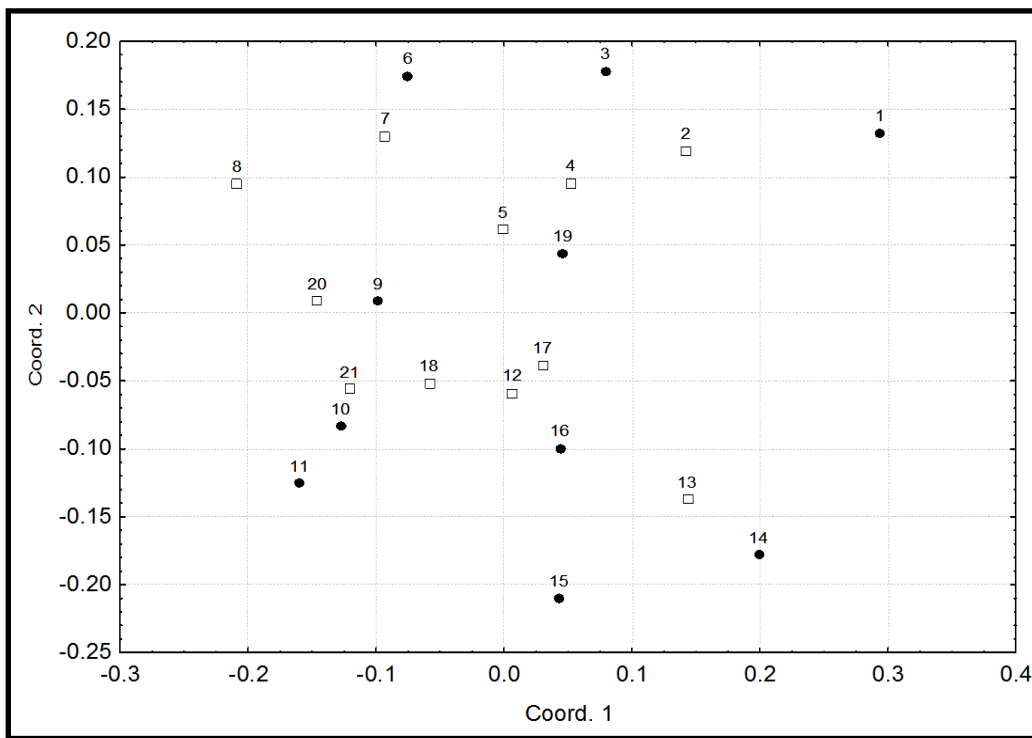
No gráfico de dispersão dos acessos estratificados por país de origem, (Figura 4) é identificado um grupamento na porção central de genótipos de origem indiana, chinesa, suíça, brasileira e etíope. Possivelmente, esse resultado deve-se ao fato de que todas as cevadas nuas



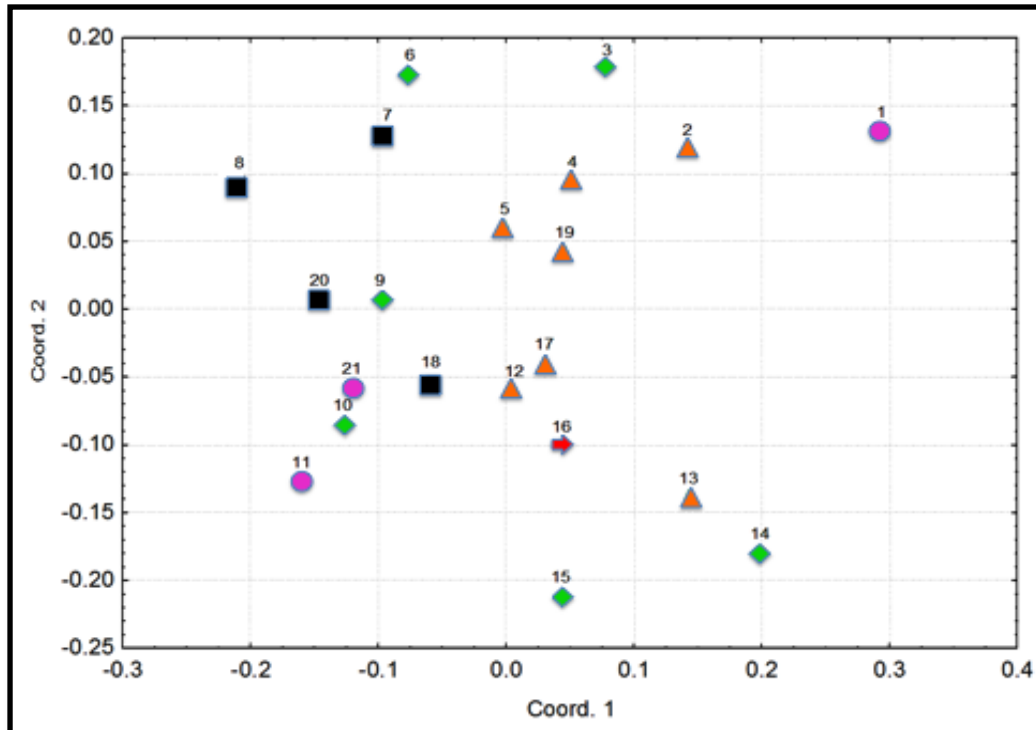
possuem um mesmo ancestral em comum (TAKETA *et al.*, 2004). Os genótipos etíopes PI 356474, CI 12931 e CI 09969 formaram o único conjunto de acessos do mesmo país, evidenciando, uma maior tendência a agrupamentos por continente de origem do que por país de origem.



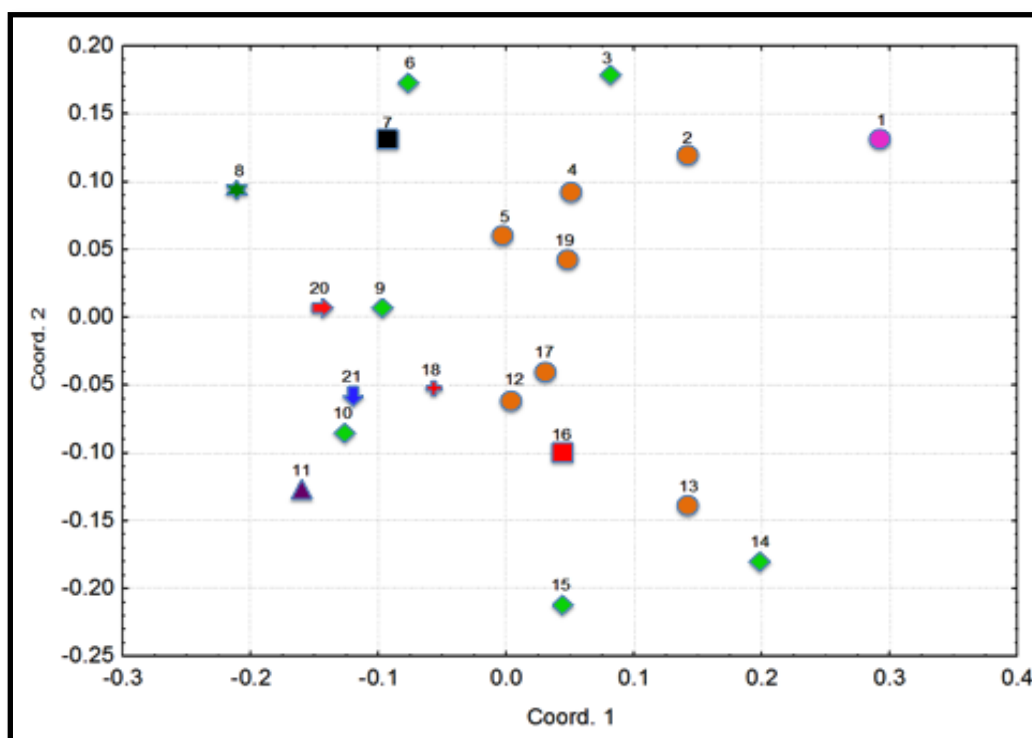
**Figura 1.** Análise de agrupamento de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 157 marcadores RAPD. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,83. Ponto de corte: distancia genética média de 0,280. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 2.** Dispersão gráfica de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca sendo eles dísticos ou hexásticos, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 157 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. (□) Acessos hexásticos (●) Acessos dísticos. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 3.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca de diferentes continentes de origem, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 157 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. (●) Europa; (▲) África; (◆) América; (■) Ásia; (◆) Oceania. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 4.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca de diferentes países de origem, com base na matriz de distâncias genéticas calculadas utilizando-se 157 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. (●) Etiópia; (◊) Brasil; (●) Romênia; (■) Austrália; (★) Coreia do Sul; (➔) China; (⬇) Suíça; (▲) Polônia; (■) Mongólia; e (+) Índia. CPAC/SPM, DF, 2014.

No estudo da variabilidade com base nos caracteres agrônômicos, constatou-se que os acessos mais contrastantes foram o CI 09459 (hexástico, sul-coreano) e o acesso de grão coberto 295418 (dístico, brasileiro) com distância ( $D^2$ ) entre eles de 1.900,1. Os genótipos mais similares agronomicamente ( $D^2 = 16,5$ ) foram os etíopes CI 09976 e CI 12931, ambos hexásticos. Os pares de genótipos CI 06440 (dístico e polônês) e CI 09977 (hexástico e etíope) e os acessos dísticos CI 13453 (romeno) e CN Cerrado 4 (brasileiro) da mesma forma apresentaram baixas estimativas de distância com  $D^2$  igual a 21,0 e 33,9, respectivamente (Tabela 3). A grande amplitude mostrada entre os genótipos evidencia a grande variabilidade existente nesta coleção de cevada nua, fator primordial para o melhoramento genético. Manjunatha *et al.* (2007) e Shakhathreh *et al.* (2010) averiguaram elevada variabilidade em coleções de cevada coberta, e bem superiores as coleções nuas estudadas por Eshghi & Akhundova (2010) e Yang *et al.* (2010).

**Tabela 3.** Matriz de dissimilaridade entre 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base em caracteres agrônômicos, calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). CPAC/SPM, DF, 2014.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
<b>1</b>	-																				
<b>2</b>	253,4	-																			
<b>3</b>	33,9	287,3	-																		
<b>4</b>	470,0	165,1	497,9	-																	
<b>5</b>	364,6	16,5	392,6	160,8	-																
<b>6</b>	598,4	1.466,5	594,3	1.765,4	1.622,2	-															
<b>7</b>	172,5	272,2	149,1	413,9	300,3	714,4	-														
<b>8</b>	783,9	388,7	810,9	419,5	293,7	1.818,9	385,6	-													
<b>9</b>	613,8	1.440,1	554,2	1.787,4	1.596,8	90,6	730,9	1.900,1	-												
<b>10</b>	629,0	1.424,9	622,3	1.617,6	1.548,7	92,4	637,3	1.529,8	284,7	-											
<b>11</b>	169,4	116,4	189,7	218,0	148,3	1.070,9	158,2	356,6	1.177,5	905,9	-										
<b>12</b>	195,0	700,1	183,3	948,6	811,8	197,8	268,6	1.114,4	261,6	253,6	455,9	-									
<b>13</b>	198,3	129,1	211,0	224,7	142,9	1.053,3	96,0	291,6	1.157,3	896,7	21,0	432,7	-								
<b>14</b>	139,6	115,6	112,3	338,2	175,4	1.043,5	183,4	634,0	905,7	1.101,0	211,8	459,7	216,0	-							
<b>15</b>	218,2	720,1	165,9	968,1	831,7	242,7	244,6	1.104,5	168,6	308,7	536,6	132,3	518,0	351,7	-						
<b>16</b>	171,1	158,4	128,3	369,3	189,4	907,4	117,8	452,5	819,1	934,1	183,6	367,7	162,6	95,1	352,5	-					
<b>17</b>	250,3	188,7	242,3	481,0	257,8	1.242,8	387,9	900,0	1.029,3	1.427,7	418,9	616,5	425,1	58,3	512,3	191,0	-				
<b>18</b>	101,3	53,0	142,5	211,2	108,5	1.088,4	164,7	447,3	1.120,3	1.026,1	47,2	452,1	68,5	103,8	494,8	141,4	232,3	-			
<b>19</b>	48,5	291,5	56,1	467,9	395,3	634,1	190,8	805,6	700,0	588,4	129,4	182,8	165,1	197,5	263,9	243,4	364,8	119,4	-		
<b>20</b>	122,1	145,9	84,8	303,2	186,9	862,0	67,2	455,2	872,5	804,4	70,0	291,9	52,5	111,2	341,7	63,3	275,6	75,4	107,1	-	
<b>21</b>	419,6	72,6	455,3	176,4	37,2	1.605,6	257,7	134,8	1.643,1	1.454,2	131,8	827,7	108,4	275,2	867,7	213,9	427,7	138,3	445,1	198,3	-

<sup>1</sup> 1. CI 13453, 2. CI 09976, 3. CN Cerrado 4, 4. PI 356474, 5. CI 12931, 6. CN Cerrado 1, 7. CI 14150, 8. CI 09459, 9. 295418 (T), 10. CN Cerrado 2, 11. CI 06440, 12. 164321 (T), 13. CI 09977, 14. CN Cerrado 5, 15. CN Cerrado 6, 16. 193011 (T), 17. PI 356466, 18. CI 07650, 19. CI 09969, 20. CI 09928 e 21. PI 370799.

**Tabela 4.** Contribuição relativa para a diversidade genética (CRDG), para as características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), classificação comercial de segunda (Class2), classificação comercial de terceira (Class3), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam), espigamento (Ciclo), peso hectolítrico (PH) e teor de proteína total (Proteína) utilizando o método de Singh. CPAC/SPM, DF, 2014.

	<b>Rend</b>	<b>Class1</b>	<b>Class2</b>	<b>Class3</b>	<b>PMS</b>	<b>Altura</b>	<b>Acam</b>	<b>Ciclo</b>	<b>PH</b>	<b>Proteína</b>
<b>CRDG (%)</b>	8,41	64,93	9,65	9,66	3,57	0,70	0,38	0,78	0,24	1,63

O acesso mais dissimilar na média, ou seja, com maior distância agronômica de um acesso em relação a todos os demais, foi o acesso de grão coberto 295418, com  $D^2$  média de 942,7. Esse fato ocorreu principalmente devido às diferenças quanto à classificação no tamanho dos grãos (Class1 = 82,7% e 84,0%; Class2 = 14,3% e 10,7%; Class3 = 3,0% e 5,3%). Em contrapartida, o genótipo com menor distância agronômica média, em relação aos demais acessos, foi o chinês CI 09928, com  $D^2 = 274,6$  (Tabela 3). A importância dessas informações para o melhoramento de cevada nua deve-se ao fato de possibilitar predições entre as melhores combinações híbridas entre os futuros genitores, escolhendo os acessos mais dissimilares agronomicamente, porém de elevada adaptação, para que características de interesse possam ser combinadas em um único acesso (YAP & HARVEY, 1972). No entanto, Rasmusson & Phillips (1997) descreveram que para cevada, não se deve ignorar os ganhos genéticos que podem ser obtidos utilizando genitores próximos geneticamente. Portanto, além das distâncias genéticas devem ser levados em consideração, na obtenção de linhagens, o desempenho agronômico de cada acesso.

Foi utilizado o método de Singh para avaliar a importância de cada característica na variabilidade genética, e ficou constatado que Class1 foi a que mais colaborou, com 64,93% da variabilidade, seguida por suas características complementares Class3 (9,66%) e Class2 (9,65%), e também Rend com 8,41%. Ciclo, Acam e PH tiveram pouca participação, ajudando com menos de 1% cada (Tabela 4). Esses resultados se mostraram divergiram dos relatados por Amabile (2013) que obteve contribuição de 11,15% para Ciclo e 1,53% para Class1.

No dendograma, os genótipos foram separados em três grupos adotando-se o ponto de corte ( $dg_E = 479,5$ ) determinado pela média das distâncias. No primeiro grupo, foram formados dois subgrupos, denominados de subgrupo A e subgrupo B. No subgrupo A, ficaram agrupados acessos dos cinco continentes avaliados, sendo cinco dícticos e três hexásticos. Nesse, estão inclusos os genótipos de destaque para rendimento de grãos CN Cerrado 5 e PI 356466 (Tabela 5). O subgrupo B englobou os genótipos preponderantemente africanos e europeus, exceto pelo CI 07650 (chinês) (Figura 5). Tais acessos apresentam valores próximos para Class1, Class2 e Class3, além de exibirem altos valores para acamamento.

O grupo II foi composto apenas pelo material genético CI 09459, de origem sul coreana e espiga com seis fileiras de grãos. Esse genótipo obteve os menores cálculos para rendimentos de grãos nos dois ambientes (Tabela 5), além de baixos teores de proteína (15,8% e 13,8%). O terceiro grupo caracterizou-se essencialmente por acessos brasileiros (CN Cerrado 1, 2, 6 e a testemunha 295418), sendo completado apenas pelo tratamento controle 164321 de origem etíope. Os cinco genótipos que compõe esse grupo distinguem-se dos demais por causa dos altos valores para Class1. Outro fator que influenciou o agrupamento foram os altos valores de proteína existentes em três dos cinco genótipos.

**Tabela 5.** Acessos de cevada caracterizados no presente trabalho e respectivos continente de origem, país de origem, tipos de espiga, tipos de casca. CPAC/SPM, DF, 2014.

	<b>Acessos</b>	<b>Continente de Origem</b>	<b>País de Origem</b>	<b>Tipos de Espiga</b>	<b>Tipos de Casca</b>	<b><sup>1</sup>Rendimento Kg ha<sup>-1</sup></b>
1	CI 13453	Europa	Romênia	Dística	Nua	4.662,5
2	CI 09976	África	Etiópia	Hexástica	Nua	4.876,2
3	CN CERRADO 4	América	Brasil	Dística	Nua	4.877,7
4	PI 356474	África	Etiópia	Hexástica	Nua	3.867,2
5	CI 12931	África	Etiópia	Hexástica	Nua	4.747,7
6	CN CERRADO 1	América	Brasil	Dística	Nua	4.338,5
7	CI 14150	Ásia	Mongólia	Hexástica	Nua	3.808,5
8	CI 09459	Ásia	Coréia do Sul	Hexástica	Nua	2.613,3
9	295418	América	Brasil	Dística	Coberta	5.842,9
10	CN CERRADO 2	América	Brasil	Dística	Nua	2.768,2
11	CI 06440	Europa	Polônia	Dística	Nua	3.301,0
12	164321	África	Etiópia	Hexástica	Coberta	4.388,3
13	CI 09977	África	Etiópia	Hexástica	Nua	3.215,0
14	CN CERRADO 5	América	Brasil	Dística	Nua	5.827,4
15	CN CERRADO 6	América	Brasil	Dística	Nua	5.140,2
16	193011	Oceania	Austrália	Dística	Coberta	5.197,9
17	PI 356466	África	Etiópia	Hexástica	Nua	7.086,0
18	CI 07650	Ásia	Índia	Hexástica	Nua	4.226,2
19	CI 09969	África	Etiópia	Dística	Nua	4.087,4
20	CI 09928	Ásia	China	Hexástica	Nua	4.202,3
21	PI 370799	Europa	Suíça	Hexástica	Nua	3.806,0

<sup>1</sup> Média do rendimento de grãos nos ambientes CPAC e SPM.

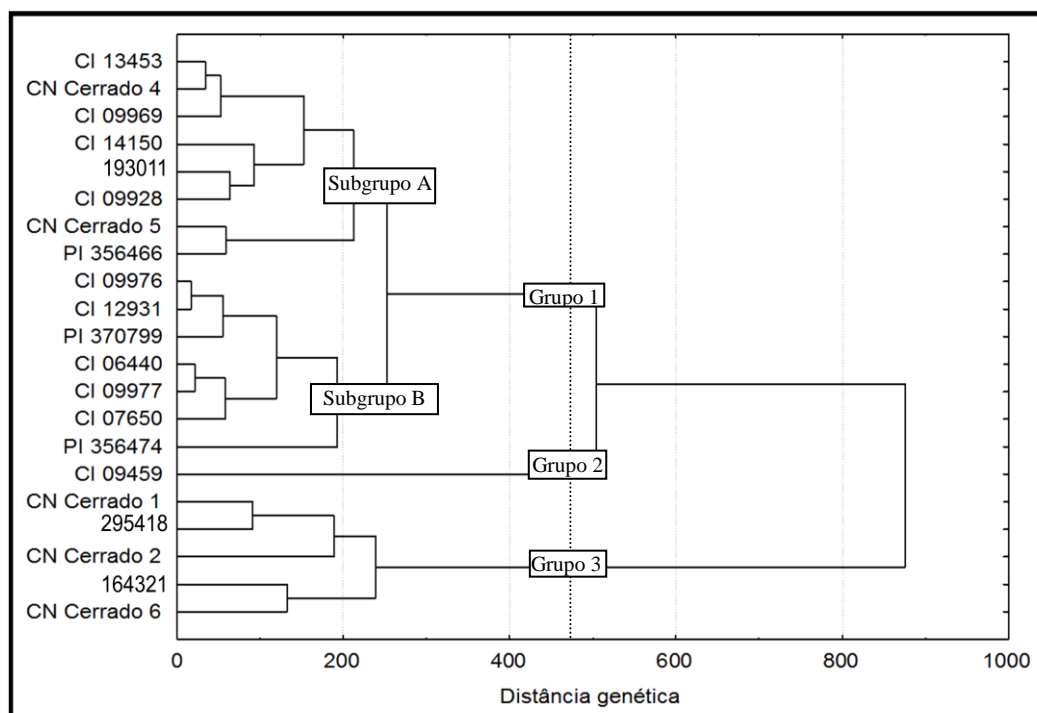
O gráfico de dispersão, elaborado de acordo com a matriz de distâncias baseadas em caracteres agronômicos, revela a existência de um conglomerado de acessos na porção central à esquerda. Os demais genótipos mostram-se mais dispersos no gráfico (CI 09459, CN Cerrado 1, 2 e 6, PI 356466 e as testemunhas 295418 e 164321) (Figura 6).

Com relação à dispersão dos acessos estratificados pelo tipo de espiga dística e hexástica (Figura 7), verifica-se a distinção dos genótipos em dois grupos, para a esquerda do gráfico estão posicionados espaçadamente os dísticos e a direita do gráfico estão dispostos mais congregados os hexásticos. A mesma propensão de agrupamento foi detectada por Amabile *et al.* (2013).

Analisando a dispersão dos acessos estratificados com relação ao continente de origem, percebeu-se o agrupamento dos genótipos asiáticos no centro do gráfico, com exceção do genótipo CI 09459, que foi caracterizado como um genótipo de baixo rendimento de grãos. Foi observado um conjunto entre os acessos africanos CI 09976, CI 12931 e PI 356474, entretanto os genótipos sul-americanos não ficaram agrupamento entre si (Figura 8). O não estabelecimento de grupos em função da origem, baseado em caracteres agronômicos para estimar as distâncias genéticas, pode ocorrer em consequência de existir grande variabilidade entre os acessos de mesma origem quanto às

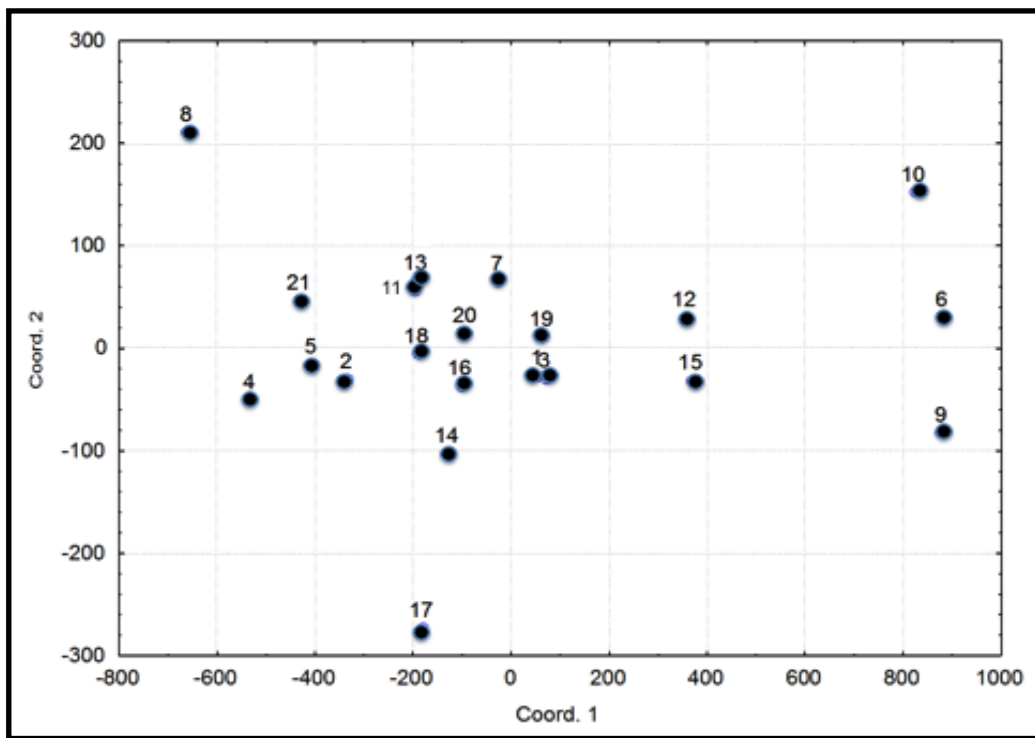
suas características agronômicas complexas, conferidas pela expressão de grande número de genes submetidos a alto efeito ambiental (CECCARELLI *et al.*, 2007). Monteiro (2012) também encontrou dissimilaridades genéticas entre acessos de mesma origem.

Os materiais genéticos mais distintos agronomicamente segundo o gráfico de dispersão (Figura 9), foram os brasileiros CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, a testemunha 295418, o sul coreano CI 09459 devido ao suas características agronômicas inaptas e o etíope PI 356466, destacando-se positivamente em relação aos demais quanto a rendimento de grãos (Tabela 5).

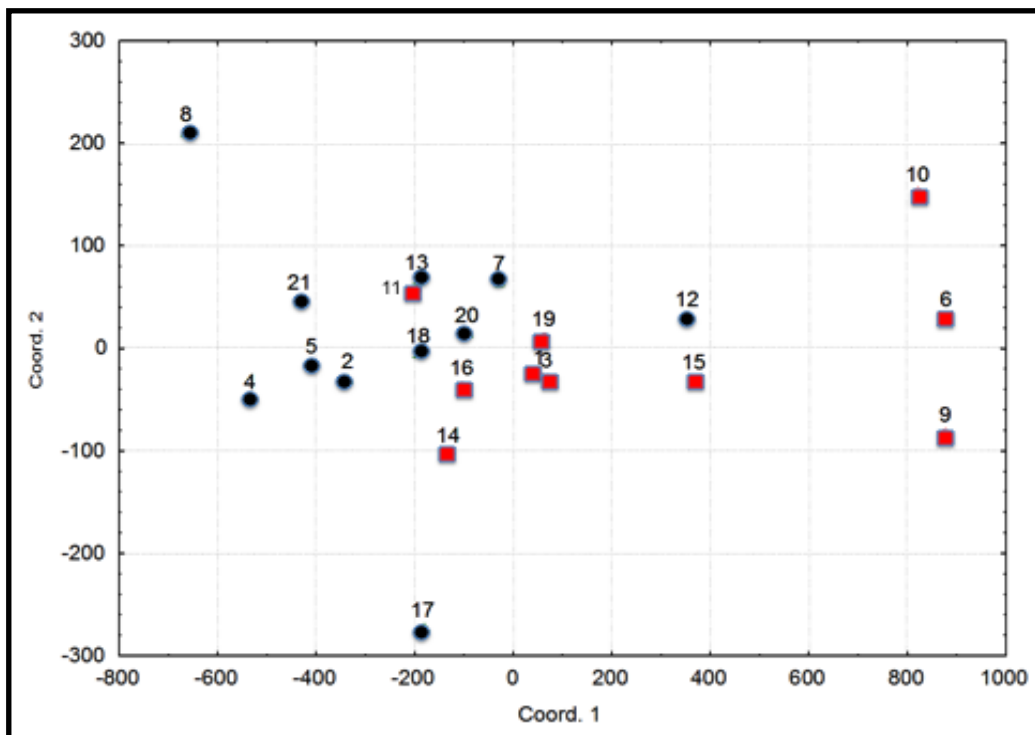


**Figura 5.** Análise de agrupamento de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base na distância generalizada de Mahalanobis de acordo com os caracteres agronômicos. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) foi de 0,80. Ponto de corte: distancia genética média de 479,5. CPAC/SPM, DF, 2014.

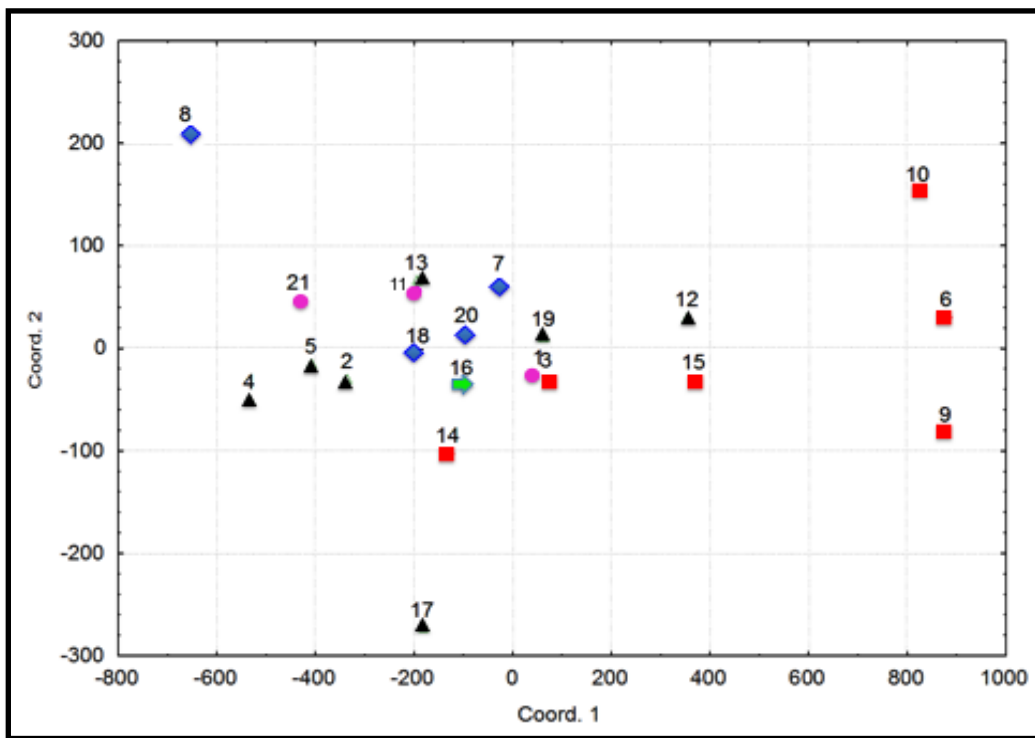




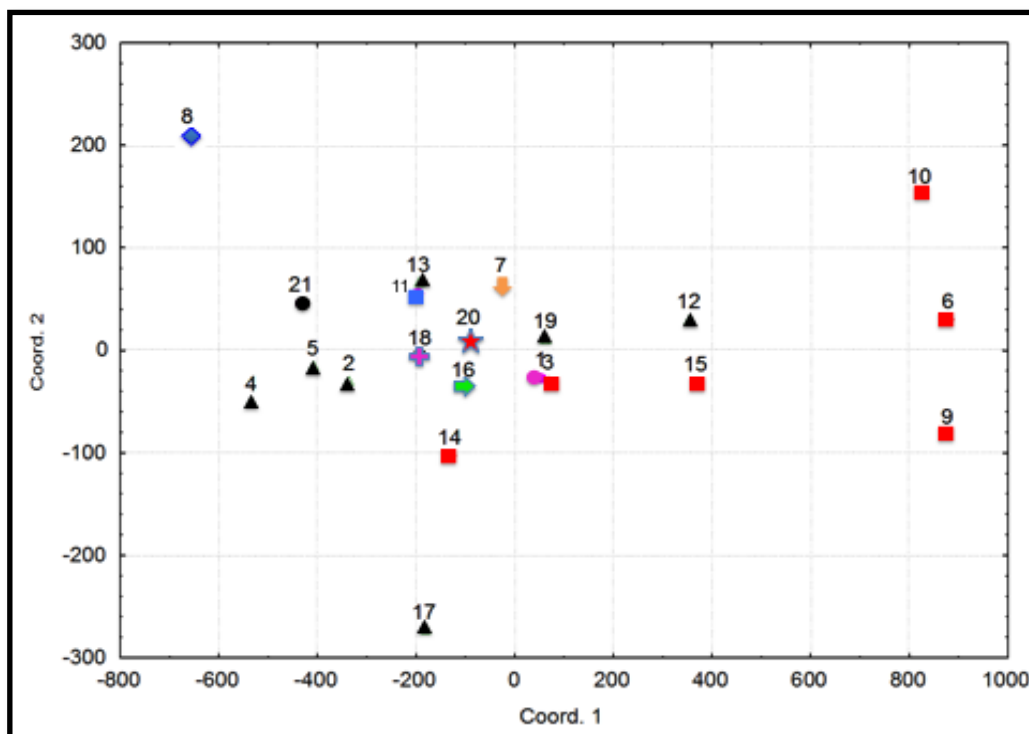
**Figura 6.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base na distância generalizada de Mahalanobis de acordo com os caracteres agronômicos. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 7.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base nos tipos de espiga: dística (■) e hexástica (●), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis de acordo com os caracteres agronômicos. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 8.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base nos continentes de origem: América (■), Ásia (◆), África (▲), Europa (●) e Oceania (➔), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis de acordo com os caracteres agrônômicos. CPAC/SPM, DF, 2014.



**Figura 9.** Gráfico de dispersão de 18 acessos de cevada nua e três acessos de cevada com casca, com base nos países de origem: (▲) Etiópia; (■) Brasil; (●) Romênia; (➔) Austrália; (◆) Coréia do Sul; (★) China; (●) Suíça; (■) Polônia; (◆) Mongólia; e (+) Índia, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis de acordo com os caracteres agrônômicos. CPAC/SPM, DF, 2014.

## 6. CONCLUSÕES

Foi observada alta variabilidade genética molecular e agronômica entre os acessos, possibilitando a utilização das mesmas pelo programa de melhoramento genético. Houve tendência de agrupamento dos genótipos etíopes e uma significativa dispersão dos genótipos brasileiros, os quais apresentaram maior variabilidade genética molecular.

Foram observados dois agrupamentos mais consistentes com base nas características agronômicas, um com os materiais dísticos e outro com os hexásticos.

Os genótipos PI 356466, CN Cerrado 1, PI 370799, CI 09928 e CI 13453 apresentaram características agronômicas de interesse e foram distintos geneticamente, sendo indicado para a base de cruzamentos visando à seleção de genótipos promissores.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDELLAOUI, R.; M'HAMED, C. H.; NACEUR, B.; BETTAIEB-KAAB, L.; BEN HAMIDA. Morpho-physiological and molecular characterization of some Tunisian barley ecotypes. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 261-268, 2007.

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

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

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

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

BRASIL. Ministério da Agricultura 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, DF, 2009. 395 p.

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, Iowa: Blackwell Publishing, 2007. p. 193-216.

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. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas**. 10. Ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.
- ESHGHI, R.; AKHUNDOVA, E. Inheritance of some important agronomic traits in hulless barley. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 1, n. 2, p. 73-76, 2010.
- FALEIRO, F. **Marcadores moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.
- FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do Cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. (Comunicado Técnico, N° 92).
- FEDAK, G.; TSUCHIYA, T.; HELGASON, S. Use of monotelotrisomics for linkage mapping in barley. **Canadian Journal Genetics and Cytology**, v. 14, p. 949-957, 1972.
- HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: **Barley: origin, botany, culture, winter hardiness, genetics, utilization and pests**. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbook n° 338.
- HOU, Y. C.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity in barley from west China based on RAPD and ISSR analysis. **Barley Genetics Newsletter**, v. 35, p. 9-22, 2005.
- KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. Genetic diversity in barley genetic diversity in local Tunisian barley based on RAPD and SSR analysis. **Biological Diversity and Conservation 2/1**. p. 27-35, 2009.
- KOCHIEVA, E. Z.; GORIUNOVA, S. V.; POMORTSEV, A. An RAPD-marking of genomes of representative *Hordeum* species. **Genetika**, v. 8, p. 1088-1094, 2001.
- 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.
- 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.
- NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 76, p. 5269-5273, 1979.
- NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. Hulless barley for food and feed. In: **specialty grains for food and feed**; ABDEL-AAL, E.; WOOD, P.; Eds.; AACC International: St. Paul, MN, 2004, p. 167-202.
- RASMUSSEN, D. C.; PHILLIPS, R. L. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 303-310, 1997.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. New York: Exeter Software, 2000. 98 p.

- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual**. 2. Ed. New York: Cold Spring Harbor, Cold Spring Harbor Laboratory. 1989. 653 p.
- SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT ® 9.2 user's guide. Cary, 2008. 7857 p. Disponível em: <<http://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/59654/PDF/default/statug.pdf>>. Acesso em: 15 jul. 2013.
- 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.
- SMITH, C. W. Crop Production: **evolution, history and tecnologia**. Department of Soil & Crop Science. Texas A&M University. 1995. p. 174-219.
- SMITH, B. D. **The emergence of agriculture**. Scientific American Library, HPHLP, New York, 1998. 231 p.
- SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573 p.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic diversity. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.
- STATSOFT INC. **Statistica for Windows** [Computer program manual] Tulsa: StatSoft Inc., 1999.
- TAKETA, S.; KIKUCHI, S.; AWAYAMA, T.; YAMAMOTO, S.; ICHII, M.; KAWASAKI, S. Monophyletic origin of naked barley inferred from molecular analyses of a marker closely linked to the naked caryopsis gene (nud). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 1236-1242, 2004.
- VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-305.
- YANG, P.; LIU, X. J.; LIU, X. C.; YANG, W. Y.; FENG, Z. Y. Diversity analysis of the developed qingke (hulless barley) cultivars representing different growing regions of the Qinghai-Tibet Plateau in China using sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 9, p. 8530-8538, 2010.
- YAP, T. C.; HARVEY, R. L. Inheritance of yield components and morpho-physiological traits in barley, *Hordeum vulgare* L. **Crop Science**, v. 12, n. 3, p. 283-286. 1972.
- YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.
- YU, Z.; LI-QIONG, L.; HUAN, L.; JIE, B.; MAN-YE, Y.; CHEN, M.; YING-FAN, C.; XIAO-LIN, Q.; FANG, C. RAPD markers in diversity detection and variety identification of Tibetan hulless barley. **Plant Molecular Biology Report**, v. 20, p. 369-377, 2002.

## CAPÍTULO II

**PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS DE  
CEVADA NUA (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO  
BRASIL CENTRAL**

**GENETIC PARAMETERS AND AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF NAKED  
BARLEY (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) ACCESSIONS UNDER IRRIGATION IN THE  
SAVANNA CENTRAL BRAZIL**

# PARÂMETROS GENÉTICOS E CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE ACESSOS DE CEVADA NUA (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO BRASIL CENTRAL

## 1. RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e caracterizar agronomicamente 18 acessos de cevada nua, e três testemunhas de cevada com grãos cobertos pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, utilizando dez caracteres agronômicos quantitativos. O experimento foi realizado em dois locais no Distrito Federal, em maio de 2012, utilizando um delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, segunda e terceira classe, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento, ciclo de espigamento, peso hectolítrico e teor de proteína no grão. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta e as médias agrupadas entre si pelo teste de Tukey. Foram detectadas diferenças significativas a 1% de probabilidade entre os acessos para todas as características avaliadas. Há possibilidade de se obter ganhos genéticos devido aos elevados valores do coeficiente de variação genotípico. Foi observada alta herdabilidade para todas as características, exceto para teor de proteína, possibilitando a transferência de características de interesse dos genitores para seus descendentes. Os acessos CI 13453, CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, CN Cerrado 5 e PI356466 destacaram-se positivamente dos demais em relação ao rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, acamamento e proteína.

**Palavras-chave:** Variabilidade genética, herdabilidade, recursos genéticos.

# GENETIC PARAMETERS AND AGRONOMIC CHARACTERIZATION OF HULLESS BARLEY ACCESSIONS (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum*) UNDER IRRIGATION IN THE CENTRAL BRAZIL CERRADO

## 2. ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the genetic parameters and to characterize agronomically 18 accessions of hulless barley, and three reference covered barley accessions belonging to the Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia germplasm bank, using ten agronomic quantitative traits. The experiment was performed in two sites in Distrito Federal, in May 2012, using the experimental design of randomized blocks with three replicates. The evaluated characteristics were: grain yield; commercial classification of first, second, and third class; thousand seeds weight, plant height, lodging, earing cycle, hectoliter weight, and protein content. The obtained data were subjected the variance analysis and the grouped means were subjected to the Tukey test. Significant differences at 1% of probability were found among the accessions to all the evaluated traits. It's possible to obtain genetic gains due to the high values of the genotypic variation coefficient. High heritability was observed to all the characteristics, except to the protein content, enabling the transfer of traits of interest from the parents to the descendants. The accessions CI 13453, CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, CN Cerrado 5, and PI356466 stood out positively among the others in relation to the grain yield, commercial classification of first class, lodging, and protein content.

**Key words:** Genetic variability, heritability, genetic resources.



### 3. INTRODUÇÃO

A cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) foi domesticada cerca de 2.000 anos após a cevada com grãos cobertos, em torno de 6.000 a.C. (ZOHARY & HOPF, 2001). Ela se diferencia principalmente por não ter a pálea e a lema aderidas ao grão e por sua composição nutricional. Dentre todas as finalidades da cevada nua, ela vem sendo aproveitada, ao longo dos séculos, principalmente para alimentação animal e humana (considerada um alimento funcional) e em menor escala para a maltagem (BHATTY, 1999).

Os cultivos de cevada nua são geralmente pequenos quando comparados aos de cevada coberta. Contudo, a demanda por alimentos de cevada nua e malte, nos países ocidentais, tem aumentado no decorrer dos últimos dez anos, favorecida pela conscientização de uma alimentação saudável e aumento dos preços de mercado (BAIK & ULLRICH, 2008).

O uso de cevada na indústria nutracêutica emergiu recentemente devido ao seu teor elevado de betaglucanas. Para fins de malte, as cultivares incluem variedades com a casca e cevada nua, mas a cevada nua, em alguns casos, é preferida por sua maior contribuição para o sabor e ajuda na filtragem durante o processo de fermentação (GUNKEL *et al.*, 2002).

No Brasil, a cevada nua está presente apenas em estações experimentais para que sejam estudadas suas potencialidades. Nesses estudos, a caracterização agrônômica tem grande importância, pela necessidade de se conhecer a identidade de cada acesso através de uma série de dados que permitam estudar sua variabilidade genética (RAMOS & QUEIROZ, 1999), contribuindo para evitar duplicação e o estreitamento da base genética da espécie. Complementando a caracterização dos acessos, a estimativa de parâmetros genéticos é uma ferramenta do melhoramento genético utilizada para quantificar a variabilidade existente nas coleções, tornando o processo de seleção e avaliação mais eficiente. Os ganhos genéticos dependem diretamente da amplitude da variabilidade disponível, assim como quanto às características de interesse são herdáveis (MOHAMMADI & PRASSANA, 2003).

A correlação entre características tem grande contribuição para o melhoramento genético, uma vez que facilita a seleção de um caráter pouco herdável ou de difícil avaliação, através da seleção de outra característica com maior herdabilidade ou de avaliação menos dispendiosa, desde que exista forte associação entre elas (CRUZ *et al.*, 2004). Com a utilização dessas ferramentas é possível, para um programa de melhoramento, recomendar cultivares mais adaptadas a regiões específicas, assim como ampliar as bases genéticas de uma coleção (CRUZ *et al.*, 1994).

Neste cenário, objetivou-se no presente trabalho caracterizar agronomicamente e estimar os parâmetros genéticos de acessos de cevada nua em dois ambientes sob irrigação no Cerrado do Brasil Central.

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 18 acessos de cevada nua, dísticas e hexásticas, além de três testemunhas de cevada com grãos cobertos, com origem em todos os cinco continentes, disponíveis no Banco de germoplasma da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Tabela 2). Os experimentos foram conduzidos de Maio a Setembro de 2012 em dois ambientes, sob sistema de irrigação via pivô central. O ambiente 1 está localizado no Campo Experimental da Embrapa Cerrados (CPAC), Planaltina-DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, num LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso. O ambiente 2 está localizado no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado (SPM), localizada em Recanto das Emas-DF a 15°54'53'' de latitude Sul e 48°02'14'' de longitude Oeste, em uma altitude de 1.254 m, num LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso. As áreas, de acordo com Köppen, estão inseridas no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989).

Os resultados médios das análises do solo no CPAC foram: perfil 1- (0-10 cm), conforme EMBRAPA (1997) indicou a existência de 0,40 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 1,97 me/100cc de H+Al; 59,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 56,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 55,83 mg dm<sup>-3</sup> de P; 180,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 7,02. Perfil 2- (10-20 cm), 0,20 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 15,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 71,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 14,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 50,95 mg dm<sup>-3</sup> de P; 140,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 6,85. Perfil 3- (20-30 cm), 0,60 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 21,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 54,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,0 me/100cc de Mg; 183,4 mg dm<sup>-3</sup> de P; 84,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 6,50. Perfil 4- (30-40 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 15,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 62,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 9,88 mg dm<sup>-3</sup> de P; 92,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 6,58.

A análise de solo no SPM no perfil 1 (0-10 cm) indicou a presença de 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 20,1 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 80,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 17,5 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 21,47 mg dm<sup>-3</sup> de P; 94,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 7,19. Perfil 2- (10-20 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 30,6 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 70,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 15,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 26,44 mg dm<sup>-3</sup> de P; 70,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 6,83. Perfil 3- (20-30 cm), 0,40 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 44,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 39,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 10,0 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 8,17 mg dm<sup>-3</sup> de P; 46,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 6,04. Perfil 4- (30-40 cm), 0,10 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Al; 47,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de H+Al; 33,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 8,3 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 5,23 mg dm<sup>-3</sup> de P; 36,0 mg dm<sup>-3</sup> de K; e pH (água) de 5,62.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. As parcelas foram de seis linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>. Foram aplicados, no

sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N por ocasião do surgimento da quinta folha plenamente expandida (AMABILE *et al.*, 2007a).

Foram avaliados dez caracteres: 1. Rend - rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); 2. Class1 - classificação comercial de primeira (%); 3. Class2 - classificação comercial de segunda (%); 4. Class3 - classificação comercial de terceira (%) - todas as classificações de acordo com Brasil (1996); 5. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 6. ALT - altura de plantas (cm); 7. ACAM - grau de acamamento (valor de acamamento igual a zero significa acamamento mínimo ou inexistente, e contrariamente, quando igual a 100, o acamamento é máximo); 8. Ciclo - espigamento (período da emergência até que 50% das espigas, da área útil da parcela, estivessem visíveis), em dias; 9. PH - peso hectolítrico de grãos (kg hL<sup>-1</sup>), segundo Brasil (1992); e 10. Proteína - teor de proteína total (%) utilizando o método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001). As análises de nitrogênio para a quantificação do teor de proteína do grão ocorreram no Laboratório de Química da Embrapa Cerrados. As avaliações de altura de plantas, grau de acamamento e ciclo de espigamento foram realizadas nos campos experimentais do CPAC e do SPM. E as avaliações de rendimento de grãos, classificação comercial, PMS e PH foram feitas no Laboratório de Sementes da Embrapa Cerrados.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Tukey a 1% de significância. Foram também estimados os coeficientes de variação experimental (C<sub>Ve</sub>), genético (C<sub>Vg</sub>) e o coeficiente de correlação relativa (C<sub>Vr</sub>), para cada uma das características, com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Para a análise de variância, foi realizada a análise individual e conjunta para cada característica, e considerado o seguinte modelo estatístico:  $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \epsilon_{ij}$ , onde:  $Y_{ijk}$  = valor observado relativo da característica do  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$  = média geral;  $G_i$  = efeito da  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );  $A_j$  = efeito do  $j$ -ésimo ambiente ( $j = 1, 2, \dots, a$ );  $GA_{ij}$  = efeito da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $j$ -ésimo ambiente;  $B/A_{jk}$  = efeito do  $k$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente ( $k = 1, 2, \dots, r$ );  $\epsilon_{ij}$  = erro aleatório (fatores não controlados),  $\epsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ . A pressuposição para realização da análise conjunta de independência dos quadrados médios residuais (QMR) foi avaliada pela relação entre os QMR dos dois locais.

**Tabela 1.** Esquema da análise de variância conjunta de um modelo em blocos casualizados com interação de primeira ordem, com as esperanças dos quadrados médios e teste F para as fontes de variação, considerando efeitos fixos dos genótipos, ambientes e interação genótipo x ambiente.

FV	GL	QM	E (Q.M.)	F
<b>Blocos/Ambiente</b>	a (r-1)	QMb	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
<b>Genótipos (G)</b>	g-1	QMg	$\sigma^2 + ar\phi_g$	QMg/QMe
<b>Ambiente (A)</b>	a-1	QMa	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a$	QMa/QMb
<b>G x A</b>	(g-1)(a-1)	QMga	$\sigma^2 + r\phi_{ga}$	QMga/QMe
<b>Erro</b>	a(r-1) (g-1)	QMe	$\sigma^2$	

As estimativas da variância fenotípica ao nível de média ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), do componente quadrático genotípico ( $\phi_g$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h^2$ ), dos coeficientes de variação experimental (CVe), genético (CVg), e relativo (CVr) para cada uma das características analisadas, foram calculadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007), sendo:

$$\text{Variância fenotípica entre as médias dos tratamentos} - \hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMg}{ra}$$

$$\text{Componente quadrático genotípico} - \hat{\theta}_g = \frac{QMg - QMe}{ra}$$

$$\text{Herdabilidade ao nível de média / Coeficiente de determinação genotípico} - h^2(\%) = \frac{\hat{\theta}_g}{\hat{\sigma}_f^2}$$

$$\text{Coeficiente de variação experimental} - CV_e(\%) = \frac{100 \sqrt{QMe}}{m_c}, \text{ onde } m_c = \text{média do caráter.}$$

$$\text{Coeficiente de variação genético} - CV_g(\%) = \frac{100 \sqrt{\hat{\theta}_g}}{m_c}, \text{ onde } m_c = \text{média do caráter.}$$

$$\text{Coeficiente de variação relativo} - CV_r = CV_g / CV_e$$

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

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância conjunta (Tabela 2) mostrou a existência de diferenças significativas a 1% ( $p \leq 0,01$ ) entre os genótipos para todas as características avaliadas. Essas diferenças evidenciam

a ocorrência de uma alta variabilidade entre os genótipos de cevada nua. A elevada variabilidade era esperada devido aos genótipos serem de origens diferentes. Efeitos significativos de ambiente a 1% também foram verificados para Rend, Class3, PMS, Atura, e Acamamento, sendo que para Ciclo, PH e Proteína foram significativos a 5% ( $p \leq 0,05$ ). Fica evidente também o efeito da interação genótipo x ambiente para todos os caracteres avaliados, com exceção de teor de proteína (Tabela 2). Esta interação tem contribuição para a maior variabilidade fenotípica dos caracteres quantitativos, assim como relataram Molina-Cano *et al.* (1997) e Kaczmarek *et al.* (1999).

Altos valores de F para os diferentes efeitos indicam boa precisão experimental (RESENDE & DUARTE, 2007). Outro fator que indica a precisão experimental é o coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), o qual apresentou baixas magnitudes para todas as características, com exceção de Acam com  $CV_e$  igual a 25,66 (Tabela 2). Kang (2002), Žáková & Benková (2006) e Amabile (2013) em seus estudos já relataram grande influência ambiental sofrida pelo caráter acamamento, além de ser uma característica cuja avaliação é feita visualmente, com certo grau de subjetividade.

A herdabilidade ou o coeficiente de determinação genotípico está diretamente relacionado à variância genotípica e a acurácia experimental, determinando a facilidade de transferência de um caráter aos seus descendentes e quanto o valor fenotípico representa o valor genotípico de cada caráter avaliado. Valores de alta magnitude de herdabilidade em sentido amplo, ou seja, baseada na média, foram observados para todos os caracteres, exceto para Proteína. Rend teve  $h^2$  igual a 99,45% (Tabela 2), superior aos valores encontrados por Amabile (2013) (96,72%), Marquez-Cedillo *et al.* (2001) (83%) em genótipos de cevada com grãos cobertos e também por Nadziak *et al.* (1994) e Ajith (2009), que detiveram valores próximos a 60% trabalhando com genótipos de cevada nua. Segundo Al-Yassin *et al.* (2005), a herdabilidade para rendimento de grãos sofre grande variação dentro da mesma espécie em razão da diferença genética entre os acessos e o ambiente de estudo. Bouzerzour & Dekhili (1995) relataram grande influência do ambiente em Rend, com  $h^2$  variando de 0% a 93%.

A característica grãos maiores que 2,5 mm de largura (Class1) foi a que obteve a maior herdabilidade de 99,88% (Tabela 2). Valores de tal magnitude foram relatados também por Fox (2008) com  $h^2$  variando de 89% a 99% e Amabile (2013) com 96,67%. Ajith (2009) e Monteiro (2012) descreveram valores de  $h^2$  inferiores a 80%. A característica Class2 também se comportou da mesma maneira, com  $h^2$  igual a 99,21%, sendo muito superior a  $h^2$  encontrada por Monteiro (2012) de 76,46%. Por ser característica complementar a Class1 e Class2, a característica Class3 também revelou herdabilidade de altíssima magnitude, 99,46% (Tabela 2). De acordo com os altos valores de herdabilidade, as características se mostram favoráveis à seleção.

Foram relatados por Chand *et al.* (2008) e Amabile (2013), para PMS, elevados valores de  $h^2$  (99,9% e 97,32%, respectivamente) em coleções elite, corroborando com o valor obtido neste

trabalho de 98,75% (Tabela 3). Diferentes valores variando de 63,7% a 85,6% foram descritos por Delogu *et al.* (1988), Therrien (2006) e Jalata *et al.* (2011). Therrien (2006) citou que valores menores foram revelados quando se conduziram ensaios em ambientes com variações climáticas e hídricas. A estabilidade climática do Cerrado, durante a estação seca onde ocorrem os cultivos sob irrigação e a uniformidade dos solos e dos tratos culturais utilizados nos experimentos podem ter sido os motivos dos altos valores de  $h^2$  obtidos.

A herdabilidade verificada para Altura foi de 91,29% (Tabela 2). Valores semelhantes foram descritos por Hayes *et al.* (1993) e Amabile (2013) alcançando 96% e 92,43%, respectivamente. Cômputos intermediários, em torno de 70%, também foram constatadas por Delogu *et al.* (1988). Contrário a esses valores, Monteiro (2012) constatou 44,42%. Os valores de  $h^2$  para Altura em sua maioria são elevados, sendo, portanto favoráveis à seleção direta.

Com  $h^2$  de 95,6% para Acam (Tabela 2), a seleção de genótipos com menores valores deve contribuir para linhagens mais adaptadas, uma vez que plantas acamadas não são colhidas no campo, levando a considerável perda de produtividade. Valor semelhante foi apontado por Monteiro (2012), porém, vários outros trabalhos mostram herdabilidades em sentido amplo inferiores a 53% (GUT *et al.*, 2004; CRUZ, 2005; AMABILE, 2013).

A herdabilidade reportada para Ciclo foi de 89,17%, relativamente alta (Tabela 2). Frey (1954), Marquez-Cedillo *et al.* (2001) e Monteiro (2012) aludiram valores superiores a 90% para essa característica, devido ao apropriado controle ambiental. Contudo, outros autores relataram  $h^2$  de magnitudes inferiores (DELOGU *et al.*, 1988; GUT *et al.*, 2004) indicando que a condição de acurácia e precisão experimental é preponderante na expressão fenotípica, e que a seleção pode não ser tão eficiente em certas condições experimentais.

Em relação a PH, a  $h^2$  foi de 95,86% (Tabela 2), valor esse que se aproxima do obtido por Marquez-Cedillo *et al.* (2001) (97%) e do limite superior relatado por Fox (2008) (74% a 94%) sendo superior aos valores descritos por Tinker *et al.* (1996) variando entre 37% e 77%.

Os valores de herdabilidade com altíssima magnitude observados no presente trabalho podem ser explicados pelo controle de irrigação e demais tratos culturais e ausência de outros tipos de estresse no ensaio, ocorrendo maior oportunidade de expressão dos genes no fenótipo quando comparado à expressão dos genes em locais com variações nos índices de estresse e menor controle ambiental (CECCARELLI, 1996; ANNICCHIARICO *et al.*, 2005).

De todas as características, apenas o teor de proteína não obteve valores tão elevados de herdabilidade ( $h^2 = 76%$ ) (Tabela 2), em virtude da grande influência ambiental sofrida por esta característica. Amabile *et al.* (2009) explicou que a cevada no Cerrado possui altos índices de proteína devido provavelmente as altas temperaturas do ar e as baixas umidades relativas do ar que ocorrem normalmente no período de enchimento de grãos. Fox (2008) verificou que a herdabilidade

para proteína varia de 60% a 80%, contrariamente a Ajith (2009) que detectou herdabilidades abaixo de 40%.

**Tabela 2.** Análise de variância e parâmetros genéticos das características rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), classificação comercial de segunda (Class2), classificação comercial de terceira (Class3), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam), espigamento (Ciclo), peso hectolítrico (PH) e teor de proteína total (Proteína) avaliadas em 21 acessos de cevada em dois ambientes. CPAC/SPM, DF, 2014.

FV	G.L.	Valores de F										
		Rend	Class1	Class2	Class3	PMS	Altura	Acam	Ciclo	PH	Proteína	
<b>Blocos/Ambiente</b>	4											
<b>Blocos</b>	2											
<b>Bloco X Ambiente</b>	2											
<b>Genótipo (G)</b>	20	180,1**	833,1**	125,9**	185,4**	79,8**	11,4**	22,7**	9,2**	24,1**	4,2**	
<b>Ambiente (A)</b>	1	475,6**	133,2**	0,4	63,9**	48,0**	21,8**	520,4**	10,5*	13,1*	15,5*	
<b>G X A</b>	20	130,6**	54,8**	18,9**	12,1**	24,8**	13,2**	8,6**	2,4**	3,5**	0,6	
<b>Resíduo</b>	80											
<sup>1</sup> $\sigma_f^2$		1.138.820,4	665,6	157,7	353,4	54,0	39,8	1.112,3	13,5	19,4	2,3	
$\sigma_g^2$		1.132.499,8	664,8	156,7	351,4	53,3	36,3	1.066,3	12,0	18,6	1,8	
$\sigma_e^2$		6.320,5	0,7	1,2	1,9	0,6	3,4	45,9	1,4	0,8	0,5	
$h^2$ (%)		99,45	99,88	99,21	99,46	98,75	91,29	95,60	89,17	95,86	76,5	
$CV_g$ (%)		24,06	68,38	34,73	71,82	18,43	6,62	48,81	5,44	6,09	8,03	
$CV_e$ (%)		4,40	5,80	7,60	12,95	5,08	5,01	25,66	4,64	3,10	10,89	
$Cv_r$		5,46	11,77	4,56	5,54	3,62	1,32	1,90	1,17	1,96	0,73	

<sup>1</sup> Estimativas das variâncias fenotípica ao nível de média ( $\sigma_f^2$ ), genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h^2$ ), dos coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ), experimental ( $CV_e$ ) e da relação  $CV_r$  de cada caráter.



Além da herdabilidade, outro parâmetro importante para a análise da acurácia experimental é o coeficiente de variância genotípico ( $CV_g$ ), que quantifica a magnitude da variabilidade genética presente no conjunto de genótipos avaliados para os diferentes caracteres (RESENDE, 2002). É importante considerar a proporcionalidade da razão entre o  $CV_g$  e o  $CV_e$ , ou seja o  $CV_r$ . Quando o valor de  $CV_g$  for superior ao valor de  $CV_e$ , significa que a contribuição do genótipo é maior que a contribuição do efeito ambiental na expressão fenotípica, sendo assim, uma característica cuja avaliação nesta específica condição experimental é favorável a processos de seleção. Na tabela 2, pode-se destacar que  $CV_g$  foi superior ao  $CV_e$  para todas as características, exceto para teor de proteína (0,73%). Pode-se, portanto, inferir maior contribuição genética frente ao efeito ambiental para a seleção dos acessos com base no fenótipo (SEARLE *et al.*, 1992). Os maiores valores para este parâmetro foram encontrados para Class1 (11,77%) e Rend (5,46%).

As correlações genotípicas em sua grande maioria foram superiores em valores absolutos as correlações fenotípicas, evidenciando maior participação dos elementos genéticos em relação à interferência ambiental na expressão fenotípica (Tabela 3). Os sinais das correlações genotípicas e fenotípicas obtiveram mesmo sinal em 44 das 45 correlações, exceto para Class2 X Ciclo, o que indica boa precisão tanto na amostragem quanto na avaliação (CRUZ *et al.*, 2004).

As maiores correlações tanto genotípicas quanto fenotípicas foram visualizadas entre as características Class1 X Class3 [genotípica (-0,8867) e fenotípica (-0,8854)] e Class1 X Class2 [genotípica (-0,7182) e fenotípica (-0,7150)]. O sinal negativo indica que o aumento de Class1 significa a redução de Class3 e vice-versa. Este fato é esperado e explicável, uma vez que as características são inversamente proporcionais e complementares, ou seja, o incremento de uma está relacionado ao detrimento da outra.

Outras correlações de forte magnitude foram obtidas entre Class3 e PMS com -0,7116 (genotípica) e -0,7044 (fenotípica), o sinal negativo significa que quanto mais grãos forem classificados na Class3 a planta tiver, menor será o PMS. Entre PMS e Class1 verificou-se valores de associação de 0,6478 (genotípica) e 0,6435 (fenotípica), resultados muito semelhantes aos relatados por Amabile (2013) e Monteiro (2012), os quais explicam a importância dessa correlação, devido ao fato do PMS ser mensurado anteriormente à Class1. Sendo assim, a seleção indireta para Class1 baseando-se em PMS pode ser mais eficiente, pois a classificação comercial de grãos é um processo oneroso e sobrestado. Além de tornar o processo de seleção mais rápido e menos trabalhoso, de acordo com Cruz *et al.* (2004), pode-se aumentar a eficiência dos ganhos em um programa de melhoramento, através da seleção indireta, principalmente quando existe alta correlação entre as características e a característica auxiliar possui herdabilidade muito superior à característica principal.

A característica PMS se correlacionou moderadamente e positivamente com o teor de proteína,  $r_g = 0,6103$  e  $r_f = 0,6103$ , porém o sinal negativo da respectiva correlação ambiental ( $-0,0715$ ), expõe que houve interferência do ambiente nas associação entre os caracteres, favorecendo um em detrimento do outro, podendo a seleção indireta não ser tão eficiente.

**Tabela 3.** Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre os caracteres de rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), classificação comercial de segunda (Class2), classificação comercial de terceira (Class3), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam), espigamento (Ciclo), peso hectolítrico (PH) e teor de proteína total (Prot) em 18 acessos de cevada nua e três testemunhas de cevada com grãos cobertos. CPAC/SPM, DF, 2014.

		<b>Rend</b>	<b>Class1</b>	<b>Class2</b>	<b>Class3</b>	<b>PMS</b>	<b>Altura</b>	<b>Acam</b>	<b>Ciclo</b>	<b>PH</b>	<b>Prot</b>
<b>Rend</b>											
<b>Class1</b>	$r_f$	0,0595									
	$r_g$	0,0602									
	$r_a$	-0,1822									
<b>Class2</b>	$r_f$	0,2179	-0,7150								
	$r_g$	0,2194	-0,7182								
	$r_a$	-0,0074	-0,0423								
<b>Class3</b>	$r_f$	-0,2232	-0,8854	0,3089							
	$r_g$	-0,2251	-0,8867	0,3160							
	$r_a$	0,1257	-0,6100	-0,7622							
<b>PMS</b>	$r_f$	0,0116	0,6435	-0,2659	-0,7044						
	$r_g$	0,0119	0,6478	-0,2671	-0,7116						
	$r_a$	-0,0202	0,0375	-0,1541	0,1009						
<b>Altura</b>	$r_f$	0,2633	-0,2184	0,4106	0,0239	0,0629					
	$r_g$	0,2783	-0,2285	0,4345	0,0228	0,0755					
	$r_a$	-0,0829	-0,0281	-0,1098	0,102	-0,2640					
<b>Acam</b>	$r_f$	0,0218	-0,6759	0,4963	0,5925	-0,2868	0,2086				
	$r_g$	0,0233	-0,6914	0,5115	0,6061	-0,2945	0,2165				
	$r_a$	-0,0628	0,1236	-0,1566	0,0463	-0,0027	0,0468				
<b>Ciclo</b>	$r_f$	0,0291	-0,1708	-0,1821	0,3547	-0,4407	0,1498	-0,1663			
	$r_g$	0,0315	-0,1808	0,1905	0,3742	-0,4722	0,1676	-0,1789			
	$r_a$	-0,0228	-0,0130	-0,1004	0,0926	0,0650	-0,0148	-0,0163			
<b>PH</b>	$r_f$	-0,1039	-0,4365	0,3494	0,3592	-0,1395	0,1565	0,2069	-0,0238		
	$r_g$	-0,1055	-0,4454	0,3555	0,3686	-0,1491	0,1826	0,2414	-0,0262		
	$r_a$	-0,0578	-0,0882	0,1503	-0,0538	0,2463	-0,2385	-0,0031	0,0059		
<b>Prot</b>	$r_f$	-0,2973	0,1909	-0,1235	-0,1792	0,5266	-0,1722	-0,0362	-0,1667	0,3498	-
	$r_g$	-0,3409	0,2199	-0,1419	-0,2069	0,6103	-0,2167	-0,0069	-0,2127	0,4032	-
	$r_a$	0,0020	-0,0757	0,0033	0,0377	-0,0715	0,0627	-0,0515	0,0562	0,0457	-

Na análise de desempenho agrônômico, a significância da interação genótipos x ambientes para todas as características avaliadas, indica que os efeitos dos tratamentos e locais não explicam toda a variação encontrada nos caracteres, em consequência de comportamentos diferenciais dos tratamentos nos locais estudados, sugerindo a necessidade de analisar os diferentes genótipos em cada ambiente separadamente, o que implica na seleção de genótipos específicos para cada local e ou identificação daqueles que não apresentam grandes variações nos dois locais avaliados (Tabela 4).

Para a característica rendimento de grãos no CPAC, os genótipos de cevada nua obtiveram uma média de 3.576,9 kg ha<sup>-1</sup>, superando a média dos genótipos com casca utilizados no trabalho (3.358 kg ha<sup>-1</sup>). Diversos trabalhos, citam grande superioridade de rendimento de cevadas com cascas sobre o das nuas (THOMASON *et al.*, 2009; KANDIĆ *et al.*, 2011), entretanto, certamente existe grande variabilidade genética dentro dos acessos de cevada nua, sendo possível a seleção e desenvolvimento de cultivares com produtividades próximas dos acessos de cevada com grão coberto. O genótipo de cevada nua de maior rendimento de grãos no CPAC foi o PI 356466 (6.639,3 kg ha<sup>-1</sup>) de origem etíope, diferenciando-se estatisticamente de todos os demais genótipos, seguido pelo genótipo brasileiro CN Cerrado 4 (5.551,0 kg ha<sup>-1</sup>). Esses valores foram superiores aos encontrados por Bregitzer *et al.* (2008), Eshghi e Akhundova (2010) e Brooks *et al.* (2012) e semelhante ao deparado por Milotova *et al.* (2008), indicando a potencialidade e alternativa do cultivo da cevada nua no sistema irrigado no Cerrado. O acesso de grão coberto com maior Rend foi o 164321 (3.649,3 kg ha<sup>-1</sup>), material etíope e hexástico, e o de menor rendimento de grãos foi o 295418 com 3.185,7kg ha<sup>-1</sup>. Estes rendimentos dos acessos de cevada com grão coberto foram inferiores aos obtidos por genótipos elite desenvolvidos e selecionados para cultivo sob irrigação no Cerrado (Amabile *et al.*, 2013). Isso evidencia a importância dos trabalhos de seleção e melhoramento genético para a obtenção de novos genótipos superiores adaptados as condições de cultivo no Cerrado brasileiro. Os genótipos que expressaram os menores cálculos para Rend foram CI 09977 (2.239,3 kg ha<sup>-1</sup>), CI 09459 (2.349,3 kg ha<sup>-1</sup>) e PI 356474 (2.381,7 kg ha<sup>-1</sup>), não se diferenciando estatisticamente entre si (Tabela 4).

No ambiente SPM os genótipos de cevada nua detiveram uma média 5.028,8 kg ha<sup>-1</sup>, valores considerados de alta magnitude para cevadas nuas. Os acessos com grãos cobertos obtiveram média de 6.928 kg ha<sup>-1</sup> superior aos acessos de cevada nua. Dos 18 genótipos de cevada nua, 14 superaram 4.000 kg ha<sup>-1</sup>, mostrando assim grande potencial de produção sob irrigação no Cerrado. O genótipo de maior rendimento foi o controle 295418 (8.500,0 kg ha<sup>-1</sup>). O acesso com grão coberto 164321, que se destacou no CPAC, quanto ao rendimento, obteve o menor valor no SPM evidenciando, que dois genótipos podem apresentar desempenhos distintos, em função de fatores ambientais previsíveis e imprevisíveis (BORÉM & MIRANDA, 2005). No Cerrado irrigado Amabile *et al.* (2008) observaram essa interação, constatando a influência do efeito ambiental sobre a produtividade da

cevada. Os genótipos CN Cerrado 5 (7.748,7 kg ha<sup>-1</sup>), CN Cerrado 6 (7.621,3 kg ha<sup>-1</sup>) e PI 356466 (7.532,7 kg ha<sup>-1</sup>) demonstraram altos rendimentos de grãos e se assemelharam estatisticamente entre si, diferenciando-se estatisticamente e com valores superiores acessos de cevada com grãos cobertos 164321 (5.127,3 kg ha<sup>-1</sup>) e 193011 (7.156,7 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 4). Esses valores obtidos pelos acessos de cevada nua e também pelos acessos de cevada coberta superam a média mundial de cevada que é de 3.000 kg ha<sup>-1</sup> (FAOSTAT 2013) e também rendimentos de cevada nua encontrados na literatura (LIU *et al.*, 1996; e DICKIN *et al.*, 2010).

Na avaliação de classificação comercial de primeira, os acessos de cevada nua no CPAC tiveram em média 30,7% dos seus grãos classificados como de primeira, 37,9% classificados como de segunda e 29,2% classificados como de terceira categoria. As testemunhas obtiveram uma média de 57,6% para Class1, 26,1% Class2 e 16,3% para Class3.

Esta característica é utilizada para classificação de cevada em relação ao tamanho dos grãos, e segundo as normativas do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 1996), é exigido um mínimo de 70% de grãos de primeira classe para o fabrico de malte e 40% para alimentação animal. Em geral, os grãos de cevada nua aferiram tamanho menor ao de cevada com casca, no entanto, alguns genótipos mostraram tamanho desejável para este propósito.

Diversos trabalhos no Cerrado irrigado mostraram que a cevada apresenta uma classificação de primeira acima de 80%, principalmente em função do índice de seleção empregado no programa de melhoramento da Embrapa Cerrados (AMABILE *et al.*, 2011a,b,c,d,e; SAYD *et al.*, 2013). Entretanto, para cevada nua no Cerrado irrigado, esse índice é bem inferior, como citam os índices de Monteiro (2012) que foi da ordem de até 2%. Contudo, nesse estudo, no CPAC, elevados valores de Class1 foram obtidos pelos genótipos CN Cerrado 1 (85,0%) e CN Cerrado 2 (83,3%), assemelhando-se estatisticamente ao acesso com grão coberto 295418 (82,7%). No SPM, os genótipos de cevada nua CN Cerrado 1 e CN Cerrado 2 além do controle 295418 tiveram mais de 84% dos grãos em Class1, outros seis acessos detiveram Class1 entre 47% e 67% (Tabela 4). Esses resultados animadores devem-se presumivelmente pela seleção inicial realizada por Monteiro (2012) no programa de melhoramento da Embrapa Cerrados.

Os genótipos com maior porcentagem de grãos em Class2 foram CI 09969 (53,7%) e CI 09928 (55,3%) assemelhando-se estatisticamente entre si e diferentes de todos os demais acessos. CN Cerrado 1 (12,7%) deteve o menor valor para esta característica, não diferindo estatisticamente do CN Cerrado 2 (13,3%), do CI 09459 (16,3%) e da testemunha 295418 (14,3%) (Tabela 4). Monteiro (2012) relatou valores semelhantes de Class2 para acessos de cevada nua.

Para Class3, CI 09459 atingiu a maior porcentagem de grãos com 76,7%, seguido do genótipo PI 370799 (61,3%). Os genótipos de menor valor foram CN Cerrado 6, CN Cerrado 2, a testemunha 295418 e o genótipo CN Cerrado 1 com 5,0%, 3,3%, 3,0% e 2,3% respectivamente.

No SPM, a média dos acessos de cevada nua foi de 37,4% para Class1, 38,2% para Class2 e 24,4% para Class3, mostrando que houve grande interação entre genótipos e ambiente para Class1 e Class3. As testemunhas controle obtiveram médias de 61,4% para Class1, 23,9% para Class2 e 14,7% para Class3 (Tabela 4).

Para Class1, os genótipos variaram de 2,0% (PI 370799) a 90,0% (CN Cerrado 1). Além dessa grande amplitude das médias desses genótipos, houve grande diferença estatística as médias dos demais genótipos, o que indica grande variabilidade genética para esta característica. Esses resultados são divergentes com relação aos obtidos por Amabile (2013) em cultivares elite de cevada cervejeira, os quais evidenciaram baixa variabilidade genética para esta característica.

Para Class2, também foi verificada uma grande amplitude de 50,7% para o acesso CN Cerrado 5 a 5,0% para o CN Cerrado 1. No entanto, houve maior concentração de genótipos dentro faixa que vai de 28% a 50%, com exceção de três acessos (CN Cerrado 1, CN Cerrado 2 e 295418) que tiveram baixos valores para Class2 (Tabela 4). Monteiro (2012) também detectou valores intermediários para a maior parte dos acessos de cevada.

A característica Class3 obteve uma alta variação entre os genótipos. No CPAC a variação foi de 63,0% no acesso CI 09459 a 4,0% do acesso com grão coberto 164321 (Tabela 4). Tal magnitude também ocorreu no SPM, porém com respostas diferentes dos genótipos ao ambiente. Antoniazzi (2005), em cevada cervejeira, encontrou valores de Class3 variando de 1,2% a 4,5%. No Cerrado, Silva *et al.* (2000) reportou números que oscilaram entre 2% e 5% e Amabile *et al.* (2001) constatarem resultados de 1% a 3%.

A característica peso de mil sementes (PMS) apresentou diferentes amplitudes nos diferentes locais. No CPAC, a diferença entre o genótipo de maior e o de menor peso foi de 20,2 g, enquanto a diferença no SPM foi de 38,1 g, evidenciando grande interação entre os genótipos e o ambiente (Tabela 4).

No CPAC, o genótipo de maior PMS foi o CI 07650 (52,0 g) igualando estatisticamente ao CN Cerrado 2 (50,8 g), a testemunha 164321 (50,7 g) e ao CN Cerrado 1 (50,3 g). Os acessos de menor peso também se assemelharam a um acesso com casca, porém com valores inferiores ao relatado por Amabile *et al.* (2007a) e similar ao trabalho de Amabile (2013) com materiais elite no Cerrado.

No SPM, o genótipo de maior valor de PMS foi o CI 09969 (53,7 g), valor próximo ao relatado por Monteiro (2012) com cevadas nuas. Todavia, os menores valores de 14,2 g (CI 09459) e 22,4 g (CI 14150) mostraram-se aquém quando comparado com o CPAC e inferior às médias relatadas por Antoniazzi (2005), Kuczyńska *et al.* (2007) e Amabile *et al.* (2007a, 2008, 2009 e 2013). Apesar da grande variação dos genótipos de cevada nua, na média eles atingiram pesos

adequados ao padrão esperado, que é ser de 7% a 13% mais leve do que a cevada com casca (Tabela 4).

Quanto à altura da planta, os genótipos responderam diferentemente em relação aos ambientes. No CPAC foi verificada uma maior variação entre eles, de 72,7 cm a 112,3 cm. Alguns genótipos registraram altura acima do desejado, que é entre 80 cm e 90 cm, como o CI 13453 (112,3 cm) e CI 07650 (111,0 cm). No SPM a variação foi de 82,7 cm (CN Cerrado 1) a 104,0 cm (CI 09459) (Tabela 4). Essa variabilidade para altura de plantas também foi verificada por Amabile *et al.* (2005, 2007b, 2009) e Amabile (2013).

No CPAC, 15 genótipos obtiveram alturas entre 72,7 e 90 cm, inclusive o de maior rendimento de grãos PI 356466 com 83,7 cm. No SPM apenas sete genótipos detiveram altura abaixo dos 90, cm. O acesso CN Cerrado 4 apesar de atingir mais de 100,0 cm nos dois ambientes, apresentou baixos índices de acamamento. Valores ideais de altura em cevada nua também foram relatados por Brooks *et al.* (2012).

Relacionado à altura, está o acamamento de plantas. Foi verificado para os dois ambientes um alto índice de acamamento, assim como descrito por Dickin *et al.* (2010), revelando maior propensão de acamamento nas cevadas nuas comparando com as cevadas cobertas. Pode se presumir, então, que os quatro acessos que não sofreram um acamamento significativo nos dois locais (CN Cerrado 2, CN Cerrado 6, CN Cerrado 4 e o acesso de grão coberto 295418), possuem certa resistência. Os genótipos CI 09969, CI 09928, CN Cerrado 5, CI 06440 e a testemunha 193011 não acamaram no CPAC, mas prostraram-se totalmente no SPM (Tabela 4). Os demais acessos sofreram altos níveis de acamamento, sendo muito maior que os níveis desejados e relatados por Rosnagel *et al.* (2005), Brooks *et al.* (2012) e Monteiro (2012). Mesmo com o acamamento verificado, não ocorreu diminuição do rendimento de grãos e no PMS nos dois ambientes avaliados.

Em relação ao Ciclo, os acessos de cevada nua, comportaram-se homoganeamente entre si e entre os ambientes, ou seja, houve pequena interação entre os genótipos e o ambiente. É importante que o ciclo seja o menor possível, sem perder em produtividade, em razão de ser uma cultura irrigada. A média do ciclo para as testemunhas foi de 61,7 dias (CPAC) e 65,3 dias (SPM), enquanto as médias dos acessos de cevada nua foram de 63,1 dias (CPAC) e 64,6 dias (SPM) (Tabela 4). No CPAC e no SPM, 15 dos 21 genótipos estiveram com o ciclo entre 63,0 e 67,0 dias corroborando com os dados apresentados por Amabile *et al.* (2007a), Monteiro (2012) e Amabile (2013).

O peso hectolítrico variou pouco de um ambiente para o outro, embora seja uma característica influenciada pelo ambiente (MOLINA-CANO *et al.*, 1997). Houve variação significativa entre os genótipos dentro de cada ambiente, CPAC (63,8 a 75,8 kg hl<sup>-1</sup>) e SPM (59,3 a 76,3 kg hl<sup>-1</sup>), variação inferior a referida por Verma & Sarkar (2010) que foi de 44,9 a 70,8 kg hl<sup>-1</sup> e superior as citadas por Molina-Cano *et al.* (1997) e Marquez-Cedillo *et al.* (2001).

Os valores do peso hectolítrico encontrados neste trabalho para os dois ambientes foram inferiores aos relatados por Choo *et al.* (2001), em cevada nua, e superiores aos assinalados por Molina-Cano *et al.* (1997), Marquez-Cedillo *et al.* (2001), Verma & Sarkar (2010) para a cevada coberta. As médias obtidas de 71,8 kg hl<sup>-1</sup> para o CPAC e 72,9 kg hl<sup>-1</sup> no SPM para os acessos de cevada nua, foram próximos ao da cultivar lançada 'EVE' com PH = 73,8 kg hl<sup>-1</sup> (BROOKS *et al.*, 2012) e superiores as médias dos acessos com grãos cobertos de 63,4 kg hl<sup>-1</sup> (CPAC) e 62,4 kg hl<sup>-1</sup> (SPM) (Tabela 4). Choo *et al.* (2001) descreveram que a cevada nua tem 20% a mais de peso hectolítrico que a cevada com casca.

Níveis de proteína para produção de cerveja tem um limite máximo de 12%. Como a cevada nua, em geral, apresenta níveis mais elevados de proteína, ela é normalmente utilizada para alimentação humana e animal. No CPAC, os genótipos apresentaram uma média de 17,9% bem superior à média verificada no SPM de 15,4%, refletindo forte influência ambiental, assim como descritos por Mayer *et al.* (2007) e Yalçın *et al.* (2007), que descreveram variações nos teores de proteína para acessos idênticos, possivelmente devido as interações genótipo x ambiente.

Os acessos CN Cerrado 1 e CN Cerrado 2 alcançaram os maiores teores de Proteína em ambos os ambientes, com 21,4% e 20,4% no CPAC e 18,3% e 19,5% no SPM, respectivamente. Outro acesso com alto teor de proteína desempenho foi o CN Cerrado 5 com 17,8% no CPAC e 17,4% no SPM. Todos esses acessos são de origem brasileira, comprovando ter alta potencialidade para tal característica. Helm & Francisco (2004) observaram valores semelhantes à média encontrada no SPM enquanto que Brooks *et al.* (2012) relataram cálculos em torno de 10% para uma cultivar nua já lançada.

Segundo Munck *et al.* (1970) e Newman & Newman (1991) a proteína em cevada nua pode chegar até 20%, porém, os valores dessa característica nesse trabalho variaram de 15,8% a 21,4% (CPAC) e 13,7% a 19,5% (SPM) (Tabela 4). Os controles obtiveram médias inferiores às médias dos acessos nus em ambos os ambientes. O teores de proteína observado por Baik *et al.* (2011) variaram de 12,1% a 16,6%.

**Tabela 4.** Médias de rendimento estimado de grãos (Rend), classificação comercial de primeira (Class1), classificação comercial de segunda (Class2), classificação comercial de terceira (Class3), peso de mil sementes (PMS), altura de plantas (Altura), grau de acamamento de plantas (Acam), espigamento (Ciclo), peso hectolítrico (PH) e teor de proteína total (Proteína) em 18 acessos de cevada nua e três testemunhas de cevada com grãos cobertos avaliados nos campos experimentais da Embrapa Cerrados (CPAC) e da Embrapa Produtos e Mercado (SPM). CPAC/SPM, DF, 2014.

Genótipo	Rendimento (kg ha <sup>-1</sup> )		Class1 (%)		Class2 (%)	
	CPAC	SPM	CPAC	SPM	CPAC	SPM
CI 13453	3.805,3 B defg	5.519,7 A ef	31,0 B ef	55,7 A e	41,0 A cde	36,0 A de
CI 09976	3.526,7 B fghi	6.225,7 A d	5,0 B k	17,7 A j	40,7 B cde	50,0 A a
CN CERRADO 4	5.551,0 A b	4.204,3 B i	42,7 A c	47,0 A f	46,7 A b	44,0 A bc
PI 356474	2.381,7 B jk	5.352,7 A fg	8,3 A k	9,0 A k	40,0 A cde	50,0 A bc
CI 12931	4.154,3 B cd	5.341,0 A fg	5,0 A k	8,3 A k	39,0 B de	47,7 A ab
CN CERRADO 1	3.492,3 B ghi	5.184,7 A fg	85,0 B a	90,0 A a	12,7 A h	5,0 B h
CI 14150	3.847,7 A def	3.769,3 A j	29,3 B fg	53,7 A e	43,7 A bcd	31,0 B f
CI 09459	2.349,3 B jk	2.877,3 A k	7,0 A k	9,0 A k	16,3 B h	28,0 A f
295418	3.185,7 B i	8.500,0 A a	82,7 A a	84,0 A b	14,3 A h	10,7 A g
CN CERRADO 2	3.332,0 A hi	2.204,3 B l	83,3 A a	84,0 A b	13,3 A h	9,0 A gh
CI 06440	2.642,7 B j	3.959,3 A ij	20,0 B i	32,0 A gh	43,7 A bcd	44,0 A bc
164321	3.649,3 B efgh	5.127,3 A g	64,3 A b	67,0 A c	26,7 A g	29,0 A f
CI 09977	2.239,3 B k	4.190,7 A i	24,0 B h	33,0 A g	46,3 A b	40,7 A cd
CN CERRADO 5	3.906,0 B de	7.748,7 A b	24,7 A h	28,3 A h	46,7 A b	50,7 A a
CN CERRADO 6	2.659,0 B j	7.621,3 A b	63,3 A b	62,7 A d	31,7 A f	29,7 A f
193011	3.239,0 B i	7.156,7 A c	25,7 B gh	33,3 A g	37,3 A e	32,0 A ef
PI 356466	6.639,3 B a	7.532,7 A b	35,0 A d	10,0 B k	43,3 B bcd	50,3 A a
CI 07650	4.316,0 A c	4.136,3 A i	25,3 A h	24,0 A i	44,7 A bc	44,3 A bc
CI 09969	3.535,0 B fghi	4.639,7 A h	34,7 B de	54,0 A e	53,7 A a	40,3 B cd
CI 09928	2.564,3 B jk	5.840,3 A e	15,0 B j	53,0 A e	55,3 A a	37,0 B d
PI 370799	3.442,0 B hi	4.170,0 A i	14,7 A j	2,0 B l	24,0 B g	49,7 A a
<b>Média CN<sup>1</sup></b>	3.576,9	5.028,8	30,7	37,4	37,9	38,2
<b>Média (T)<sup>2</sup></b>	3.358,0	6.928,0	57,6	61,4	26,1	23,9
<b>Média Geral</b>	3.545,6	5.300,1	34,6	40,8	36,2	35,9

<sup>1</sup> Média dos 18 acessos de cevada nua; <sup>2</sup> Média dos três acessos de cevada com grãos cobertos.

As médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e pela letra minúscula na coluna, dentro de cada característica avaliada, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 1% de significância.



**Tabela 4:** Continuação...

Genótipo	Class3 (%)		PMS (g)		Altura (cm)	
	CPAC	SPM	CPAC	SPM	CPAC	SPM
CI 13453	28,0 A e	8,3 B j	42,0 B c	52,3 A a	112,3 A a	99,0 B ab
CI 09976	54,3 A c	32,3 B ef	42,2 A c	36,5 B ef	85,3 B cdefg	100,7 A ab
CN CERRADO 4	10,7 A gh	9,0 A j	41,8 A c	41,7 A cd	100,3 A b	101,3 A ab
PI 356474	51,7 A c	41,0 B c	34,8 B efg	42,5 A c	85,7 B cdef	98,3 A abc
CI 12931	56,0 A bc	44,0 B bc	39,2 A cd	34,5 B fgh	82,3 A efg	85,0 A f
CN CERRADO 1	2,3 A j	5,0 A j	50,3 A a	51,5 A a	89,7 A cde	82,7 A f
CI 14150	27,0 A ef	15,3 B hi	35,2 A efg	22,0 B j	85,0 A cdefg	90,0 A def
CI 09459	76,7 A a	63,0 B a	32,6 A fg	14,2 B k	72,7 B i	104,0 A a
295418	3,0 A ij	5,3 A j	41,2 B c	46,3 A b	79,7 B fghi	97,7 A abcd
CN CERRADO 2	3,3 A ij	7,0 A j	50,8 A a	51,8 A a	82,3 A efg	85,3 A f
CI 06440	36,3 A d	24,0 B g	46,3 A b	42,0 A cd	84,0 B cdefgh	98,0 A abcd
164321	9,0 A ghi	4,0 A j	50,7 A a	41,8 B cd	76,7 B hi	89,0 A ef
CI 09977	29,7 A e	26,3 A fg	35,7 B def	41,2 A cd	76,7 B hi	90,3 A cdef
CN CERRADO 5	28,7 A e	21,0 B gh	34,2 A efg	35,3 A efg	90,7 A cd	97,7 A abcd
CN CERRADO 6	5,0 A hij	7,7 A j	36,5 A de	40,5 A cd	92,0 A c	85,3 A f
193011	37,0 A d	34,7 A de	31,8 A g	30,8 A i	107,3 A ab	83,3 B f
PI 356466	21,7 B f	39,7 A cd	36,5 A de	38,5 A de	83,7 B defgh	98,3 A abc
CI 07650	30,0 A e	31,7 A ef	52,0 A a	31,7 B hi	111,0 A a	96,0 B abcde
CI 09969	11,7 A g	5,7 A j	46,0 B b	53,7 A a	83,3 B defgh	102,7 A ab
CI 09928	29,7 A e	10,0 B ij	34,3 A efg	35,8 A efg	77,3 B ghi	99,0 A ab
PI 370799	61,3 A b	48,3 B b	32,8 A fg	32,3 A ghi	84,3 B cdefgh	95,7 A bcde
<b>Média CN<sup>1</sup></b>	31,3	24,4	40,2	38,8	87,7	95,0
<b>Média (T)<sup>2</sup></b>	16,3	14,7	41,2	39,7	87,9	90,0
<b>Média Geral</b>	29,2	23,0	40,3	38,9	87,7	94,3

<sup>1</sup> Média dos 18 acessos de cevada nua; <sup>2</sup>Média dos três acessos de cevada com grãos cobertos. As médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e pela letra minúscula na coluna, dentro de cada característica avaliada, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 1% de significância.

**Tabela 4:** Continuação...

Genótipos	Acam (%)		Ciclo (Dias)		PH (kg ha <sup>-1</sup> )		Proteína (%)	
	CPAC	SPM	CPAC	SPM	CPAC	SPM	CPAC	SPM
CI 13453	100,0 Aa	100,0 A a	63,0 Aabc	67,7 Abcd	71,6 Abc	73,7 Aabcd	17,7 Abcd	15,1 A bcdef
CI 09976	100,0 Aa	100,0 A a	64,3 Aabc	63,3 Acd	73,1 Aabc	74,1 Aabcd	18,5 Aabcd	16,4 A abcd
CN CERRADO 4	0,0 Bf	45,0 A b	67,7 Aa	64,7 Acd	62,3 Bde	75,0 Aabc	16,7 Acd	13,7 A def
PI 356474	50,3 Bcd	100,0 A a	64,3 Aabc	64,7 Acd	74,2 Aabc	74,7 Aabc	17,7 Abcd	15,3 A bcde
CI 12931	84,0 Aab	100,0 A a	64,3 Aabc	64,0 Acd	74,3 Aabc	73,4 Aabcd	18,4 Aabcd	15,7 A bcde
CN CERRADO 1	27,7 Bdef	73,3 A ab	65,0 Aab	65,3 Abcd	65,3 Ad	67,0 Aef	21,4 Aa	18,3 A ab
CI 14150	67,0 Abc	100,0 A a	64,0 Aabc	63,7 Acd	71,6 Abc	72,5 Aabcd	16,8 Acd	15,1 A bcdef
CI 09459	33,3 Bde	100,0 A a	66,0 Aab	68,7 Abc	75,4 Aabc	73,6 Aabcd	15,8 Ad	13,8 A def
295418	0,0 Af	6,7 A c	64,7 Aab	66,0 Abcd	65,8 Ad	66,7 Aef	16,4 Acd	13,3 A ef
CN CERRADO 2	0,0 Af	0,0 A c	64,0 Aabc	65,0 Abcd	72,5 Aabc	70,6 Ade	20,4 Aab	19,5 A a
CI 06440	0,0 Bf	100,0 A a	64,7 Aab	65,0 Abcd	72,6 Aabc	73,4 Aabcd	17,7 Abcd	16,9 A ab
164321	50,0 Bcd	100,0 A a	53,7 Ae	54,3 Ae	64,6 Ad	59,3 Bg	17,1 Acd	13,2 A ef
CI 09977	50,0 Bcd	100,0 A a	64,3 Aabc	64,0 Acd	72,4 Aabc	71,5 Acd	18,0 Abcd	15,3 A abcde
CN CERRADO 5	0,0 Bf	100,0 A a	61,3 Abcd	65,0 Abcd	74,9 Aabc	75,9 Aab	17,8 Abcd	17,4 A abc
CN CERRADO 6	3,3 Aef	3,3 A c	59,0 Bcde	70,3 Aab	75,5 Aab	76,3 Aa	17,4 Abcd	14,4 A bcdef
193011	0,0 Bf	100,0 A a	66,7 Bab	75,7 Aa	59,9 Ae	61,2 Ag	15,4 Ad	12,1 A f
PI 356466	100,0 Aa	100,0 A a	64,3 Aabc	63,0 Ad	72,6 Aabc	74,7 Aabc	18,2 Aabcd	13,8 A cdef
CI 07650	100,0 Aa	100,0 A a	56,3 Bde	65,3 Abcd	75,8 Aa	72,1 Abcd	18,7 Aabcd	16,7 A abcd
CI 09969	0,0 Bf	100,0 A a	54,0 Ae	55,7 Ae	72,3 Aabc	73,9 Aabcd	18,9 Aabc	15,7 B cdef
CI 09928	0,0 Bf	100,0 A a	63,0 Aabc	63,3 Acd	63,8 Ade	66,3 Af	18,5 Aabcd	15,0 A cdef
PI 370799	100,0 Aa	100,0 A a	66,0 Aab	64,7 Acd	71,4 Ac	72,8 Aabcd	18,6 Aabcd	15,8 A bcde
<b>Média CN<sup>1</sup></b>	45,3	84,5	63,1	64,6	71,8	72,9	18,2	15,8
<b>Média (T)<sup>2</sup></b>	16,7	68,9	61,7	65,3	63,4	62,4	16,3	12,9
<b>Média Geral</b>	41,2	82,3	62,9	64,7	70,6	71,4	17,9	15,4

<sup>1</sup> Média dos 18 acessos de cevada nua; <sup>2</sup> Média dos três acessos de cevada com grãos cobertos.

As médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e pela letra minúscula na coluna, dentro de cada característica avaliada, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 1% de significância.

## 6. CONCLUSÕES

Foram verificados efeitos significativos de genótipos para todas as características agrônomicas avaliadas, evidenciando a alta variabilidade genética entre os genótipos de cevada nua avaliados nesse trabalho. Também foram verificados no presente trabalho efeitos de ambiente e da interação genótipo x ambiente.

Altos valores de F, da herdabilidade ou coeficiente de determinação genotípico, da relação  $CV_g/CV_e$  para várias características indicam a possibilidade de se obter ganhos genéticos e avanços importantes com os trabalhos de seleção.

Os acessos CI 13453, CN Cerrado 1, CN Cerrado 2, CN Cerrado 5 e PI356466 destacaram-se dos demais em relação as características agrônomicas, rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, acamamento e teor de proteína, sendo importantes para os trabalhos de seleção e melhoramento genético da cevada nua para cultivo sob irrigação no Cerrado do Brasil Central.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AJITH, A. **Genotype effect of south african barley cultivars on malting quality under different nitrogen levels**. 2009. Tese de Doutorado. University of the Free State.

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

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

AMABILE, R. F.; AQUINO, F. G.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; FERRARI, R.; CIULLA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FERNANDES, F. D. Qualidade industrial do malte proveniente de genótipos de cevada cervejeira cultivados sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007. p. 430-442. (Embrapa Trigo. Documentos, 76).

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

AMABILE, R. F.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; MINELLA, E.; SERRA, D. D.; ALBUQUERQUE, P. I. de. Introdução e avaliação preliminar de genótipos de cevada no Distrito Federal. In: XXI REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 2001, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária/Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2001. v.1. p. 375-386.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009. 1 CD-ROM.

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

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; LOPES, F. G.; FIDELIS, L. R. G.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; GOMES, A. C. Análise de linhagens de cevada dística sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25., 2005, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava, PR: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2005. p. 141-154.

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. Ensaios 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.
- 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.
- 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.
- BAIK, B.; NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. Food uses of barley. **Barley: Production, Improvement, and Uses**, p. 532-562, 2011.
- BAIK, B. K.; ULLRICH, S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.
- BHATTY, R. S. The potential of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 589-599, 1999.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525 p.
- 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, DF, 2009. 395 p.
- BREGITZER, P.; DAHLEEN, L. S.; NEATE, S.; SCHWARZ, P.; MANOHARAN, M. A single backcross effectively eliminates agronomic and quality alterations caused by somaclonal variation in transgenic barley. **Crop science**, v. 48, p. 471-479, 2008.
- BROOKS, W. S.; VAUGHN, M. E.; BERGER, G. L.; GRIFFEY, C. A.; THOMASON, W. E.; PALING, J. J.; HOKANSON, E. G. Registration of 'Eve' winter hulless barley. **Journal of Plant Registrations**, v. 7, p. 5-11, 2012.
- CECCARELLI, S. Adaptation to low/high input cultivation. **Euphytica**, v. 92, p. 203-214. 1996.
- 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.
- CHOO, T.; HO, K. M.; MARTIN, R. A. Genetic analysis of a hulless × covered cross of barley using doubled-haploid lines. **Cropscience**, v. 41, n. 4, p. 1021-1026, 2001.
- CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394 p.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: Aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows 2007, Viçosa, UFV.
- CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOVSK, Y. 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: UFV, 2004. v. 1, 480 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.
- DICKIN, E.; STEELE, K.; WRIGHT, D. Hulless barley for functional food. Harper Adams University College. 2010. 48 p. Disponível em: <[http://www.hgca.com/document.aspx?fn=load&media\\_id=6239&publicationId=8075](http://www.hgca.com/document.aspx?fn=load&media_id=6239&publicationId=8075)> Acesso em: 25 dez. 2013.
- EMBRAPA. Serviço Nacional de Levantamento e Conservação de Solos. **Manual de métodos de análise de solo**. Rio de Janeiro: EMBRAPA-CNPS, 1997. 212 p.
- ESHGHI, R.; AKHUNDOVA, E. Inheritance of some important agronomic traits in hulless barley. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 1, n. 2, p. 73-76, 2010.
- FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. 2008. 179 f. PhD thesis. Southern Cross University. Lismore, Australia, 2008.
- FREY, K. J. Inheritance and heritability of heading date in barley. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 226-228, 1954.

- GUNKEL, J.; VOETZ, M.; RATH, F. Effect of the malting barley variety (*Hordeum vulgare* L.) on fermentability. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 108, n. 3, p. 355-361, 2002.
- 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, 2004. Disponível em: <<http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue1/agronomy/art-02.html>>, 2004. Acesso em: 02 jan. 2014.
- 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 germoplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 1, p. 392-401, 1993.
- HELM, C. V.; FRANCISCO, A. de. Chemical characterization of Brazilian hulless barley varieties, flour fractionation, and protein concentration. **Scientia Agricola**, v. 61, n. 6, p. 593-597, 2004.
- 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.
- KACZMAREK, J.; ADAMSKI, T.; SURMA, M.; JEŻOWSKI, S.; LEŚNIEWSKA, F. M. Genotype-environment interaction of barley double haploids with regard to malting quality. **Plant Breeding**, v. 118, p. 243-247, 1999.
- KANDIĆ, V.; DODIG, D.; KNEŽEVIĆ, D. Small grains varieties developed at the Maize Research Institute, Zemun Polje. In: **Proceedings. 46th Croatian and 6th International Symposium on Agriculture**. Opatija, Croatia, p. 435. 2011.
- KANG, M. S. **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. Cabi Publishing. 2002. 400 p.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley & Sons, 1966. 545 p.
- KUCZYŃSKA, A.; SURMA, M.; KACZMAREK, Z.; ADAMSKI, T. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the frequency of transgression effects in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Plant Breeding**, v. 126, p. 361-368, 2007.
- LIU, Z. W.; BIYASHEV, R. M.; SAGHAI-MAROOF, M. A. Development of simple sequence repeat DNA markers and their integration into a barley linkage map. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p. 869-876, 1996.
- 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.
- MAYER, E. T.; FUKU, G.; NÖRNBERG, J. L.; MINELLA, E. Caracterização nutricional de grãos integrais e descascados de cultivares de cevada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 11, p. 1635-1640, 2007.
- MILOTOVA, J.; VACULOVA, K.; BALOUNOVA, M.; PROHENS, J.; BADENES, M. L. Evaluation of a subcollection of spring barley genetic resources with hulless grain. Modern variety

- breeding for present and future needs. **Proceedings of the 18th EUCARPIA general congress**, 2008. Valencia, Spain, 2008, p. 614-618.
- 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.
- 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, 2012, 136 p. Dissertação de Mestrado.
- MUNCK, L.; KARLSSON, K. E.; HAGBERG, A.; EGGUM, B. Gene for improved nutritional value in barley seed protein. **Benthan Science**, v. 168, p. 985-987, 1970.
- NADZIAK, J.; KUDŁA, M.; MAŁYSA, M. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Polskim Banku Genów. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 39-57, 1994. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Evaluation of winter barley cultivars collected in the polish gene bank.
- NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. Nutritional aspects of barley seed structure and composition. In: **Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Bio-technology**, CAB International, Wallingford, UK. 1991. p. 351-368.
- NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro, RJ: IBGE, 1989. 422 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.
- 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.
- ROSSNAGEL, B. G.; ZATORSKI, T.; ARGANOSA, G. Food barley development at the Crop Development Centre, University of Saskatchewan. Tuesday, July 19, 2005-pm Session 4: **Breeding, Agronomy, and Germplasm...** 73, p. 15.
- SAYD, R. M.; AMABILE, R. F.; FALEIRO, F. G. Desempenho de genótipos de cevada irrigada em ensaios de competição no ano de 2012 no Cerrado. In: **7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. 2013.
- SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York, John Wiley & Sons, 1992. 501 p.
- SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F.; MINELLA, E.; ARIAS, G. BRS 180: cevada cervejeira para cultivo irrigado no Cerrado, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1689-1694, 2000.

- THERRIEN, M. C. Estimates of heritability of major malting quality traits in Canadian barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 10-11, 2006.
- THOMASON, W. E.; BROOKS, W. S.; GRIFFEY, C. A.; VAUGHN, M. E. Hullless barley seeding rate effects on grain yield and yield components. **Crop Science**, v. 49, n. 1, p. 342-346, 2009.
- 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.
- 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.
- YALÇIN, E.; ÇELİK, S.; AKAR, T.; SAYIM, I.; KÖKSEL, H. Effects of genotype and environment on b-glucan and dietary fiber contents of hull-less barley grown in Turkey. **Food Chemistry**, v. 101, p. 171-176, 2007.
- YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.
- 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.
- 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.