

### 3. DIVERGÊNCIA ENTRE ACESSOS DE ARROZ IRRIGADO BRASILEIRO UTILIZANDO O MÉTODO DE WARD

Luíce Gomes Bueno<sup>1</sup>, Jaison Pereira de Oliveira<sup>2</sup>, Claudio Brondani<sup>2</sup>

Palavras-chave: arroz, divergência genética, método Ward

#### INTRODUÇÃO

Grande parte de variabilidade genética da cultura do arroz pode ser encontrada nos bancos de germoplasma e a caracterização genética de plantas é uma prática comum de interesse na conservação desses recursos genéticos vegetais. Há com isso, favorecimento da manipulação e utilização dos acessos disponíveis desse cereal em programas de melhoramento genético que busquem, entre outros objetivos, a ampliação da base genética da cultura.

Descritores morfológicos, caracteres ecogeográficos, agronômicos e moleculares podem ser utilizados para caracterização e estudos de diversidade genética em coleções de germoplasma, sendo ferramentas complementares de extrema importância e aplicabilidade para a maioria das espécies vegetais. Neste contexto, as técnicas de análise multivariada podem ser utilizadas para avaliar a divergência entre indivíduos e detectar possíveis semelhanças, e os métodos de agrupamento podem ser destacados dentre essas técnicas.

Oliveira et al. (2008) salientam que a análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por meio de critério de classificação, os acessos em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre elas, dividindo assim, um grupo original de observações em vários grupos, segundo o critério de parença. Adotou-se o método de Ward, que é um método de variância, derivado de um processo hierárquico e aglomerativo, para fazer o agrupamento dos acessos. Este método forma agrupamentos de maneira a atingir sempre o menor erro interno entre os vetores que compõem cada grupo e o vetor médio, buscando o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo (Vieira, 2007). Oliveira et al. (2008) acrescentam ainda sobre o potencial desse método para minimizar as diferenças internas de grupos e para evitar problemas com “encadeamento” das observações, encontrados no método de ligação individual. Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi caracterizar a parença entre 37 acessos de linhagens e cultivares brasileiras (LCB) de sistema de cultivo irrigado da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE), reunindo-os em grupos por meio da técnica de agrupamento de Ward aplicada a caracteres agronômicos.

#### MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados acessos pertencentes ao estrato LCB (linhagens ou cultivares brasileiros) de sistema de cultivo irrigado da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE), estruturada a partir do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) dessa instituição (Tabela 1). O conjunto de dados foi obtido a partir de ensaios para caracterização agronômica da CNAE, instalados em onze locais distribuídos em sete unidades federativas (Goiás, Roraima, Tocantins, Rio Grande do Sul, Mato Grosso, Piauí e Rondônia) por três anos (2004/05 a 2006/07) e dois sistemas de cultivo, irrigado e sequeiro. Os experimentos foram instalados seguindo o delineamento de blocos aumentados de Federer (Federer, 1956). As parcelas experimentais foram constituídas de quatro metros quadrados, com densidade de plantio de 100 sementes/m. Foram utilizadas as variáveis morfo-agronômicas e de qualidade de grãos, como florescimento (Flo), altura de plantas (Alt), acamamento (Aca), brusone nas folhas (BF), escaldadura (Esc), mancha parda (MP), brusone na panícula (BP), mancha de grãos (MG), número de perfilhos (Perf), número de panículas/m (Panic), produção de grãos (Prod), porcentagem de grãos inteiros (Int), teor de amilose (TA), comprimento e largura de grãos (Com e Larg) e centro branco (CB).

<sup>1</sup> Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – Escola de Agronomia / Universidade Federal de Goiás, Campus Samambaia – Rod. Goiânia / Nova Veneza, Km 0 - Caixa Postal 131, CEP 74001-970, Goiânia-GO. E-mail: [lugobueno@bol.com.br](mailto:lugobueno@bol.com.br)

<sup>2</sup> Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Para a análise dos dados adotou-se o método de Ward (Ward, 1963) em que os indivíduos são classificados em grupos. Este método consiste em um procedimento de agrupamento hierárquico no qual a medida de similaridade usada para juntar grupos é calculada como a soma de quadrados entre os dois agrupamentos feita sobre todas as variáveis (Hair et al., 2005). Em cada estágio, combinam-se os dois agrupamentos que apresentarem menor aumento na soma global de quadrados, atingindo sempre o menor erro interno entre os vetores que compõe cada grupo e o vetor médio do grupo. Isto equivale a buscar o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo. A análise foi processada através do programa computacional SAS (SAS Institute, 2002).

Tabela 1. Lista de genótipos da CNAE, acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado).

Acesso	Nome	Cod. CNAE	Origem	Acesso	Nome	Cod. CNAE	Origem
G01	BR - IRGA 409	LCB1	IRGA	G20	CNA0006129	LCB49	EMPASC
G02	BR - IRGA 413	LCB2	IRGA	G21	CNA0006130	LCB50	EMPASC
G03	BRS_AGRISUL	LCB3	EMBRAPA-CPACT	G22	DIAMANTE	LCB77	EMBRAPA-CNPAF
G04	BRS_BIGUA	LCB4	EMBRAPA-CNPAF	G23	EPAGRI_107	LCB78	EPAGRI
G05	BRS_BOJURU	LCB5	EMBRAPA-CPACT	G24	EPAGRI_108	LCB79	EPAGRI
G06	BRS_FORMOSO	LCB6	EMBRAPA-CNPAF	G25	IRGA 416	LCB86	IRGA
G07	BRS_JABURU	LCB7	EMBRAPA-CNPAF	G26	IRGA 417	LCB87	IRGA
G08	CNA0001106	LCB12	IRGA	G27	IRGA 418	LCB88	IRGA
G09	CNA0001107	LCB13	IRGA	G28	IRGA 419	LCB89	IRGA
G10	CNA0001108	LCB14	IRGA	G29	IRGA 420	LCB90	IRGA
G11	CNA0001109	LCB15	IRGA	G30	MARAJÓ	LCB91	EMBRAPA-CNPAF
G12	CNA0001117	LCB16	EEPG	G31	RIO_GRANDE	LCB92	EMBRAPA-CNPAF
G13	CNA0001337	LCB18	IPEACO	G32	RS16PL12-10-1-B	LCB76	EMBRAPA-CNPAF
G14	CNA0001339	LCB19	IPEACO	G33	RS16PL12-35-1-B	LCB73	EMBRAPA-CNPAF
G15	CNA0001344	LCB20	IPEACO	G34	RS16PL1-34-4-B	LCB74	EMBRAPA-CNPAF
G16	CNA0001407	LCB23	IPEACO	G35	RS16PL5-12-6-B	LCB75	EMBRAPA-CNPAF
G17	CNA0001413	LCB24	IPEACO	G36	SCS_BRS_111	LCB93	EPAGRI
G18	CNA0001414	LCB25	IPEACO	G37	SCS_BRS_112	LCB94	EPAGRI
G19	CNA0001416	LCB26	IPEACO	-	-	-	-

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir do acompanhamento da evolução do método de Ward e da exploração das combinações dos dados de forma hierárquica aglomerativa, foi possível verificar que os agrupamentos ocorrem da maneira esperada durante o desenvolvimento das interações.

O dendrograma com a representação das distâncias dos agrupamentos formados entre indivíduos e grupos é apresentado na Figura 1. Foram obtidas 36 etapas de agrupamento, e em todas elas com diferentes valores do coeficiente de aglomeração (Tabela 2). Essa diferença pode evidenciar a não redundância ou a existência de variabilidade entre os acessos, mesmo que pequena.

Pode ser considerada a formação de três grupos para os acessos de arroz irrigado do estrato LCB (linhagens e cultivares brasileiras). O grupo A é formado por 19 acessos, dentre os quais, 10 são provenientes do programa de melhoramento genético da Embrapa Arroz e Feijão (CNPAF). Neste grupo, estão inclusos ainda, quatro genótipos da EPAGRI (G23, G24, G36 e G37). Um pequeno sub-grupo é observado em A, o qual é constituído em sua maioria, por linhagens retiradas de um mesmo conjunto de cruzamento. A presença de muitos genitores em comum na constituição genética dos acessos avaliados está diretamente relacionada a este agrupamento formado.

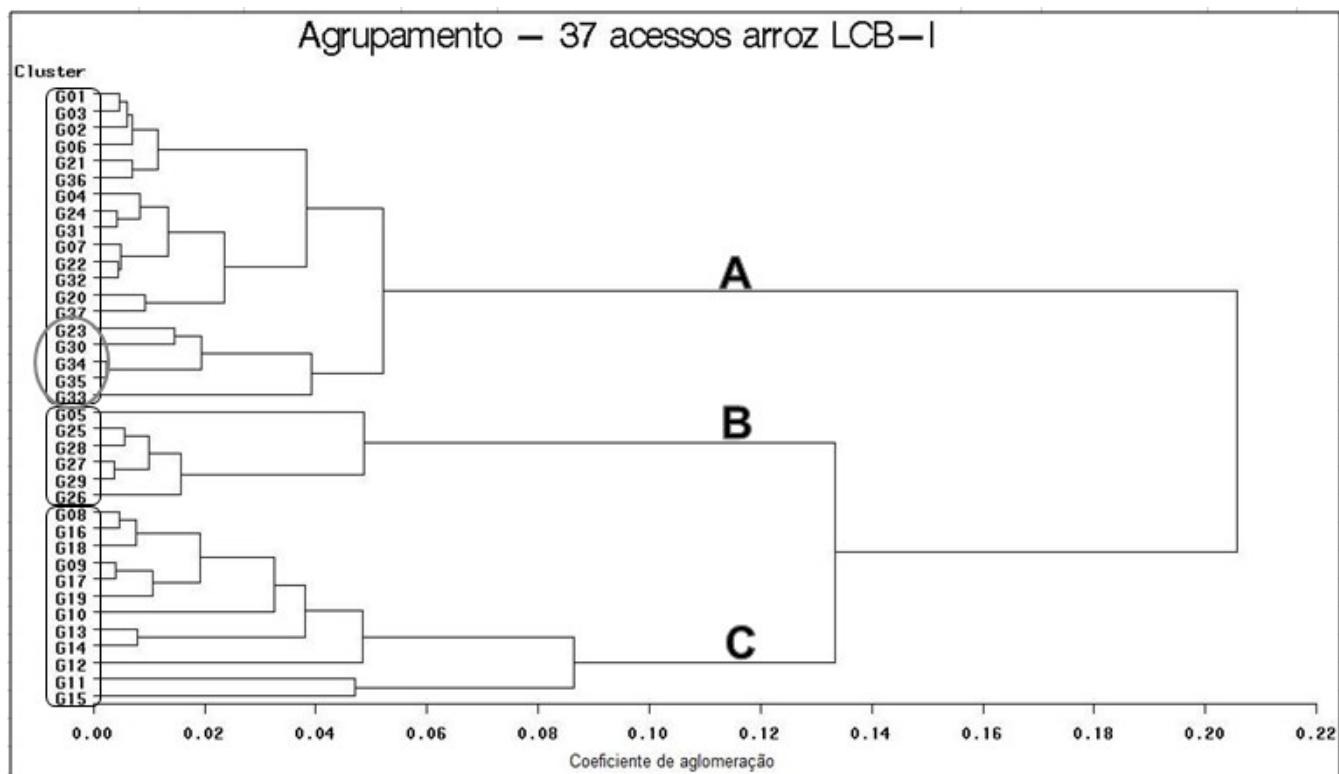


Figura 1 - Agrupamento de 37 acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado), pelo método de Ward.

Tabela 2. Esquema de aglomeração de análise hierárquica do agrupamento de 37 acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado), pelo método de Ward.

Estágio	Agrupamento combinado		Coeficiente de aglomeração	Estágio	Agrupamento combinado		Coeficiente de aglomeração
	Acesso / Agrupamento	Acesso / Agrupamento			Acesso / Agrupamento	Acesso / Agrupamento	
1	G34	G35	0,0023	19	CL26	CL25	0,0116
2	G27	G29	0,0038	20	CL22	CL29	0,0135
3	G09	G17	0,0039	21	G23	G30	0,0147
4	G24	G31	0,0043	22	CL20	G26	0,0158
5	G22	G32	0,0044	23	CL24	CL19	0,0193
6	G01	G03	0,0046	24	CL16	CL36	0,0194
7	G08	G16	0,0047	25	CL17	CL21	0,0236
8	G07	CL32	0,0050	26	CL14	G10	0,0324
9	G25	G28	0,0055	27	CL11	CL23	0,0381
10	CL31	G02	0,0060	28	CL18	CL12	0,0382
11	CL27	G06	0,0069	29	CL13	G33	0,0393
12	G21	G36	0,0070	30	G11	G15	0,0471
13	CL30	G18	0,0077	31	CL10	G12	0,0485
14	G13	G14	0,0080	32	G05	CL15	0,0486
15	G04	CL33	0,0083	33	CL9	CL8	0,0521
16	G20	G37	0,0094	34	CL6	CL7	0,0864
17	CL28	CL35	0,0101	35	CL5	CL3	0,1334
18	CL34	G19	0,0107	36	CL4	CL2	0,2057

O grupo B é formado por apenas seis acessos, sendo cinco deles desenvolvidos pelo IRGA e resultantes de cruzamentos que tem como um dos parentais o BR-IRGA 409. Esse genótipo (correspondente ao indivíduo G01) apresentou-se em outra formação de agrupamento (grupo A), e esta

ocorrência pode ser explicada pelo efeito heterótico dos acessos provenientes dos cruzamentos. A proximidade da composição genética entre genótipos de arroz irrigado cultivado no Brasil, com presença de ancestrais comuns, foi relatada por Rangel et al. (1996).

O terceiro grupo formado (C) é composto por 12 acessos com maioria desenvolvida pelos programas de melhoramento do IRGA (Instituto Rio Grandense do Arroz) e IPEACO (Instituto de Pesquisa Agropecuária do Centro-oeste). Esse grupo apresentou maior divergência entre os genótipos, com maiores coeficientes de aglomeração a cada etapa de agrupamento (Tabela 2).

A distribuição dos acessos em diferentes grupos pode orientar a utilização de genótipos mais divergentes entre si, em programas de melhoramento que busquem a ampliação da base genética do arroz irrigado, além de favorecer o aproveitamento do poder heterótico.

## CONCLUSÕES

A aplicação da análise de agrupamento e produção de dendrogramas demonstrou a existência de um padrão de distribuição da proximidade entre acessos da CNAE conforme programa de melhoramento dos quais foram originados.

Pelos passos do algoritmo de agrupamento do método de Ward verifica-se a divergência entre acessos, não se identificando duplicatas.

A divergência entre genótipos de diferentes programas de melhoramento do Brasil para o arroz irrigado pode favorecer a formação de novas populações e cultivares com base genética mais ampla.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v.55, p. 191-208, 1956.
- HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. & BLACK, W.C. **Análise multivariada de dados**. Trad. Adonai S. Sant'Anna e Anselmo C. Neto. 5 ed. Porto Alegre: Bookman, 2005, 600 p.
- OLIVEIRA, J. P.; DEL PELOSO, M.J. ; MORAIS, O.P. ; MELO, L. C. ; SILVA, H.T. ; FONSECA, J.R. ; SILVA, S.C. Parecença entre acessos tradicionais de feijão carioca utilizando o método de Ward. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2008, Campinas - SP. CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. Ciência e tecnologia na cadeia produtiva do feijão: **Anais...** Campinas - SP : Instituto Agrônômico, 2008. v. 9. p. 402-405.
- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P. & NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n.5, p. 349-347. 1996.
- SAS INSTITUTE. **SAS language and procedures: usage**. Cary, SAS institute Inc., 2002.
- VIEIRA, J. **Caracterização morfológica e molecular do banco de germoplasma de arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) da EPAGRI**. 2007. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2007
- WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, n.58, p. 236, 1963.