

ASSOCIAÇÃO ENTRE DISTÂNCIAS GENÉTICAS EM ARROZ ESTIMADAS A PARTIR DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E DOS COMPONENTES DO RENDIMENTO DE GRÃOS

Juliana Severo Castelo Branco¹; Maurício Marini Kopp¹; Ivandro Bertan¹; José Antonio Gonzalez da Silva¹; Alexandre Terracciano Villela²; Nacieli Marini¹; Claudete Mistura¹; Fernando Irajá Félix de Carvalho¹; Antonio Costa de Oliveira¹; ¹Centro de Genômica e Fitomelhoramento FAEM/ UFPel , Caixa Postal 354, Cep: 96.001-970 ²Dept. Fitotecnia-Biologia dos Solos FAEM/ UFPel jbbrancov@hotmail.com

A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento, representando um elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis. Existem estudos de grande importância comparando a distância genética estimada a partir de caracteres morfológicos acessados a campo, a partir de caracteres fenotípicos relacionados à produtividade de grãos por unidade de área e a utilização conjunta destes caracteres em trigo (BERTAN et al., 2005). A natureza deste trabalho possibilita inferências sobre quais caracteres contribuem mais para a estimativa da distância genética e devem ser priorizados nos programas de melhoramento, fornecendo informações a respeito da variabilidade genética no germoplasma em diferentes grupos de caracteres, inclusive aqueles mais visados no melhoramento vegetal (caracteres relacionados à produtividade). Isto auxilia o pesquisador no momento da definição de quais caracteres devem ser aferidos para obtenção do máximo de informações a respeito dos genótipos alvo do estudo.

Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo avaliar e comparar estimativas da distância genética entre 16 genótipos de arroz a partir de seis caracteres morfológicos aferidos a campo e de seis caracteres componentes do rendimento de grãos e a partir da análise conjunta destes 12 caracteres. Na safra agrícola 2003/04 foram avaliados 16 genótipos de arroz provenientes de dois sistemas de cultivo: irrigado e sequeiro, obtidos da coleção do programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa Clima Temperado: BRS Pelota , BRS Atalanta; BRS Firmeza; BRS Taim; BRS Chuí; El Passo L144; Irga 417; EEA-406; CNAS 9026; CNAS 9045; BRS Talento; BRS Bonança; BRS Primavera; BRS Colosso; BRS Ligeirinho e Canastra. Os genótipos foram conduzidos em condições de campo e laboratório, pertencentes ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel/Universidade Federal de Pelotas. O delineamento utilizado foi blocos ao acaso com três repetições, sendo que cada parcela experimental foi composta por dez plantas, distribuídas espaçadamente em uma linha de semeadura. Foram avaliados i) largura da folha bandeira em cm (LFB); ii) comprimento da folha bandeira em cm (CFB); iii) estatura planta, aferido com aproximadamente 30 dias após a antese; devido alguns genótipos apresentarem folha bandeira ereta ultrapassando a inflorescência, os dados foram mensurados pelo comprimento do colmo em cm da superfície do solo até o ápice da panícula, representando a estatura final da panícula (iv) (EFP) e da superfície do solo até o final da folha bandeira (v) (EFFB), caráter mais comumente avaliado em programas de melhoramento de arroz, e vi) dias da emergência ao florescimento (DEF); vii) número de filhotes férteis (NAF); viii) tamanho da panícula (TP); ix) peso de panícula (PP); x) número de grãos da panícula (NGP); xi) peso de grãos da panícula principal (PGPP); xii) peso médio de grãos (PMG); xiii) rendimento da planta (RP). Os dados dos caracteres avaliados foram submetidos à análise de variância univariada e as médias das variáveis foram comparadas pelo teste de Scott e Knott (SCOTT & KNOTT, 1974), ao nível de 5% de probabilidade de erro. As variáveis que diferiram os genótipos no teste de comparação de médias foram utilizadas para estimativa da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de genótipos, diferenciando três grupos de caracteres: i) dos seis caracteres morfológicos aferidos a campo; ii) dos seis componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório e; iii) da análise conjunta dos 12

caracteres. Desta forma, foram obtidas três matrizes de distâncias de Mahalanobis (D^2), com auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foram construídos três dendrogramas, utilizando o método de agrupamento UPGMA. Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (r); (SOKAL & ROHLF, 1962). Para a estimativa da significância da correlação (associação) entre as três matrizes de distância genética, foi empregado o teste de comparação de matrizes de Mantel, com 1000 permutações (MANTEL, 1967). Estas análises e a construção dos dendrogramas foram realizadas com auxílio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000).

Considerado a matriz de distância genética incluindo todos os caracteres, os genótipos mais similares foram BRS Taim e El Passo L 144 e os que mais distantes foram EEA 406 e BRS Pelota. O dendrograma gerado na análise conjunta de todos os caracteres (Figura 1), é possível dividir as constituições genéticas em três grupos: O grupo I inclui apenas a cultivar EEA 406; já no grupo II é possível verificar a participação das cultivares de sistema sequeiro, com exceção da cultivar BRS Atalanta. O grupo III foi formado apenas com cultivares do sistema irrigado, onde a BRS Taim e El Passo L 144 foram os genótipos mais similares. As matrizes de distância genética entre as constituições genéticas com base nos caracteres fenotípicos aferidos a campo e a com base nos caracteres relacionados à produtividade aferida em laboratório, evidenciaram ausência de associação significativa. Uma vez que a correlação entre as matrizes foi de reduzida magnitude ($r = 0,41$). Considerando que a distância genética conjunta proporciona uma melhor representatividade da constituição genética dos genótipos, o planejamento de cruzamentos com base nesta distância poderá ser realizada com segurança pelo melhorista. Entretanto, a moderada associação entre a distância estimada da análise conjunta com as distâncias empregando a divisão de dois grupos de caracteres (0,41 e 0,52) (Tabela 1), evidencia que o melhorista deve ter cautela no emprego parcial de caracteres na tentativa de prever a variabilidade em seu germoplasma. Por outro lado, estes resultados permitem que a recomendação de cruzamentos artificiais seja direcionada a determinado conjunto de caracteres em detrimento de outros, como o caso dos componentes do rendimento de grãos e os morfológicos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BERTAN I. Distância genética como critério para escolha de genitores em programa de melhoramento de trigo (*Triticum aestivum* L.) Pelotas, 2005. 93p **Dissertação** (Mestrado em Agronomia), Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel FAEM/UFPel, 2005.
- CRUZ, C.D. **Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora da UFV, 2001. 648p.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. Exeter Software, New York, 2000.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, setembro.1974.
- SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Berlin, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a FAPERGS, CNPq e CAPES pelo apoio financeiro.

Formatado

Formatado

Formatado

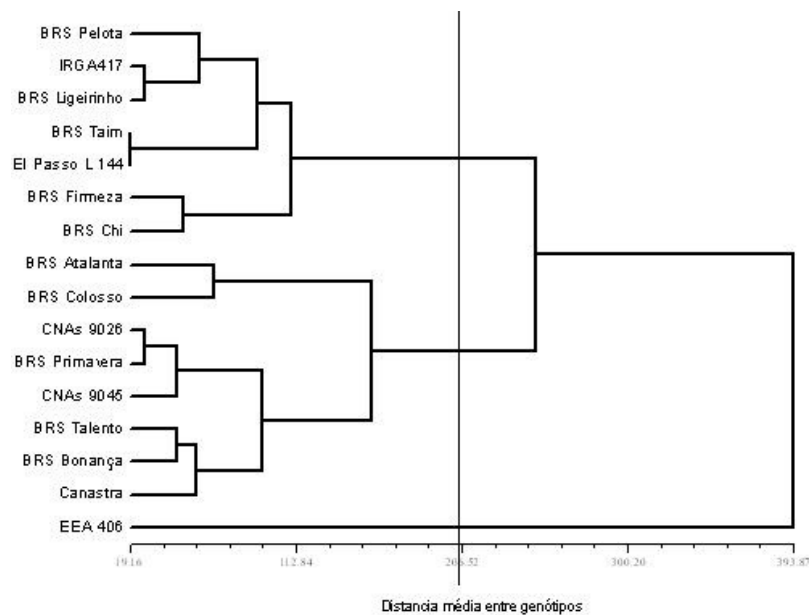


Figura 1- Dendrograma resultante da análise de agrupamento de 16 genótipos de arroz, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base nos caracteres de rendimento aferidos em laboratório e caracteres morfológicos aferido a campo) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,74. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2006.

Tabela 1. Correlações entre as matrizes de distância de Mahalanobis, entre 16 genótipos de arroz, obtidas com base nos caracteres morfológicos aferidos a campo (MD_{CM}), nos componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório (MD_{CR}) e na análise conjunta dos caracteres aferidos a campo e em laboratório (MD_{CM+CR}). FAEM/UFPEL, Pelotas, 2007

	MD_{CM}	MD_{CR}	MD_{CM+CR}
MD_{CM}	1	0,41	0,96*
MD_{CR}		1	0,52*
MD_{CM+CR}			1

*Correlação significativa a 1% de probabilidade de erro, pelo teste de Mantel com 1000 permutações.