

VARIABILIDADE GÉNETICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO ESTIMADA ATRAVÉS DE ANÁLISE MULTIVARIADA

BARBARA GIACOMIN¹; BRUNA POSSEBON²; DAIANE PROCHNOW²;
RODRIGO DANIELOWSKI²; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA³

¹*Universidade Federal de Pelotas – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel – Centro de Genômica e Fitomelhoramento – giacomin.barbara@gmail.com*

²*Universidade Federal de Pelotas – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel – Centro de Genômica e Fitomelhoramento – possebonbruna@gmail.com; daia.prochnow@hotmail.com; rodrigodanielrs@gmail.com*

³*Universidade Federal de Pelotas – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel – Centro de Genômica e Fitomelhoramento – acostol@terra.com.br*

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma gramínea anual amplamente cultivada em todo mundo, com significativo valor econômico. Segundo dados do Departamento da Agricultura dos Estados Unidos (USDA, 2016), o trigo é a cultura mais plantada no mundo. Em termos de produção, estima-se que a produção mundial seja de 2,7 bilhões de toneladas. No Brasil, a produção de trigo no ano de 2015 foi de 1,4 milhões de toneladas em um total de 861,3 mil hectares (CONAB, 2016).

Tornar o Brasil autossuficiente na produção de trigo tem sido um desafio, os programas de melhoramento têm visado desenvolver cultivares que apresentem alto rendimento de grãos, boa qualidade industrial, resistência a germinação na espiga, adaptação as instáveis condições climáticas (RCBPTT, 2015). A grande dificuldade encontrada pelo melhorista é a seleção de genótipos superiores agronomicamente, pois a maioria dos caracteres de interesse são de herança quantitativa, de baixa herdabilidade e muito influenciado pelo ambiente (BIZARI, 2014).

Na busca por cultivares superiores, a utilização da variabilidade genética nos cruzamentos de grupos geneticamente divergentes representa uma importante estratégia para obter ganhos de seleção. A escolha dos genitores está fundamentada na diferença entre os mesmos, pois, quanto maior for à distância genética maior será a variabilidade, e, portanto, maiores as possibilidades da ocorrência de genótipos superiores com constituições ajustadas ao ambiente (CALDERINI, 2003).

Para estimar a diversidade genética vários métodos multivariados podem ser usados, entre essas técnicas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, a análise por variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (OLIVEIRA et al., 2003).

Diante da importância econômica que a cultura do trigo assume em âmbito regional e nacional, a avaliação da diversidade genética de genótipos, para os caracteres de componente de rendimento, permitirá o conhecimento dos melhores genitores, viabilizando a obtenção de linhagens superiores nas gerações segregantes. O objetivo do trabalho foi avaliar a variabilidade genética, para os componentes de rendimento, através de técnicas multivariadas.

2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no ano de 2015, no campo experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizado no Centro Agropecuário da Palma, no município de Capão do Leão – RS. Foram utilizados 30 genótipos de trigo escolhidas com base no desempenho agronômico. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com três repetições. A unidade experimental foi composta por três linhas de 2 m, espaçada 0,2 m entre linhas. A semeadura foi realizada de forma manual. Os tratos culturais, assim como, o controle de plantas daninhas, doenças e pragas foram realizados de acordo com a RCBPTT (2015). Após o ciclo reprodutivo, foram colhidas 10 espigas de cada linha, onde cada uma foi avaliada individualmente em relação aos seguintes componentes de rendimento: comprimento da espiga (CE, em cm), número de espiguetas (NE), massa da espiga (ME, em gramas), número de grãos da espiga (NGE, em unidades), massa de grãos da espiga (MGE, em gramas). Posteriormente os dados após serem computados foram submetidos à análise de variáveis canônicas e contribuição relativa dos caracteres para diversidade de SINGH. As análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através da quantificação da distância de Mahalanobis (D^2) é possível analisar a importância relativa de caracteres para a diversidade genética por meio da avaliação da contribuição destes para os valores de D^2 (BENITEZ et al., 2011). Neste experimento, a partir da matriz de dissimilaridade, foi possível verificar a contribuição destes caracteres para divergência genética utilizando o critério proposto por SINGH (1981). De acordo com a tabela 1, foi possível verificar que o caractere NE foi o que mais contribuiu para a distinção dos grupos com um valor de 47,57%. Os caracteres NGE e ME contribuíram com 29,30% e 17,23%, respectivamente. Os demais caracteres ficaram com contribuições inferiores à 7%, sendo sugerido pelo software o descarte da variável MGE.

A importância relativa das variáveis canônicas foi medida pela percentagem das variâncias em relação ao total dos autovalores, ou seja, é a porcentagem da variância total que elas explicam. Os valores da análise de variáveis canônicas, obtidos através dos caracteres avaliados, revelaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicam 73,45% da variação observada (Tabela 2). A primeira variável canônica absorveu 53,44% da variação obtida. A segunda variável canônica absorveu 20,00% da variação.

A Figura 1 representa a dispersão gráfica dos 30 genótipos em estudo, utilizando-se a primeira e a segunda variáveis canônicas é possível observar os agrupamentos dos genótipos em dois grupos distintos. No grupo 1 estão presentes 24 genótipos, enquanto que o grupo 2 é composto de apenas 6 genótipos, o que permite estimar que cruzamentos promissores entre esses grupos possam ser realizados, bem como aqueles cruzamentos realizados entre os genitores do mesmo grupo, resultando em variabilidade entre as gerações segregantes.

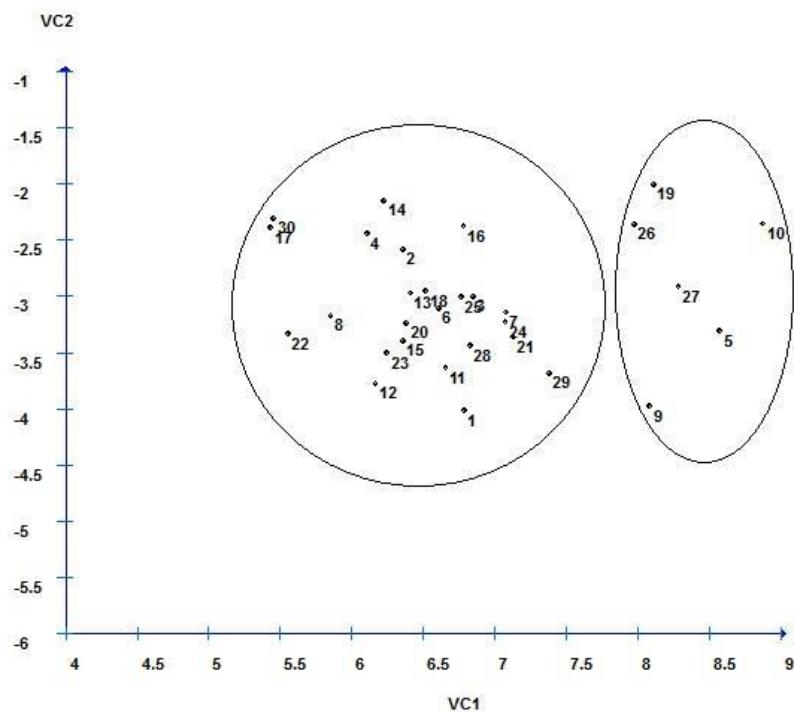


Figura 1 - Gráfico de dispersão de 30 genótipos de trigo, agrupados conforme o escore as duas primeiras variáveis canônicas.

Tabela 1: Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética de 30 genótipos de trigo, pelo método proposto por SINGH (1981).

VARIÁVEL	S _j	VALOR EM %
CE	68,597149	5,1969
NE	627,89247	47,5691
ME	227,417277	17,2291
NGE	386,758643	29,3008
MGE	9,292283	0,704

S_j: contribuição da variável x para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos i e j .

Tabela 2: Variâncias percentuais e acumulada das variáveis canônicas obtidas de 30 genótipos de trigo.

Variável Canônica (VC)	Autovalores	Percentual (%)	% ACUMULADO
VC 1	0,8108717	53,4455218	53,4455218
VC 2	0,3035829	20,0095101	73,4550318
VC 3	0,2230342	14,7004513	88,1554832
VC 4	0,1233757	8,1318389	96,2873221
VC 5	0,0563285	3,7126779	100,0

4. CONCLUSÕES

Pode-se concluir que o caractere número de espiguetas é o que apresenta maior contribuição relativa para diversidade a partir da análise multivariada. A análise de variáveis canônicas 1 e 2 separou os genótipos em dois grupos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENITEZ, L. C. et al. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 409-416, abr-jun, 2011.

BIZARI, E. H. **Índices de seleção para caracteres agronômicos em populações segregantes de soja**. 2014. 44 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia com ênfase em Genética e Melhoramento de Plantas). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Universidade Estadual Paulista – UNESP, Campus de Jaboticabal. Jaboticabal, 2014.

CALDERINI, D. F.; ORTIZ-MONASTERIO, I. Crop physiology e metabolism - grain position affects grain macronutrient and micronutrient concentration in wheat. **Crop Science** v. 43 p. 141-151, 2003.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Safra 2015/2016: Nono Levantamento –Jun/2016. Acessado em 26 jun. 2016. Online. Disponível em:
http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_06_09_09_00_00_boletim_graos_junho__2016__-_final.pdf

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D., REGAZZI. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

OLIVEIRA, F. J et al. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 05, p. 605-611, 2003.

Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale. **Informações técnicas para trigo e triticale – safra 2015** / VIII Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale. Brasília, DF: Embrapa, 2014. 229 p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 36, p. 237-245, 1981.

USDA - United States Department of Agriculture. Acessado em 25 jun. 2016. Online. Disponível em: <http://www.usda.gov>