

ANÁLISE DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM TRIGO: NORTE PARA A DECISÃO DO MELHORISTA SOBRE QUEM CRUZAR

VALERIA OLIVEIRA NIZOLLI¹; LIAMARA BAHR THUROW²; HENRIQUE
PASQUETTI CARBONARI³; LATÓIA EDUARDA MALTZHAN⁴; EDUARDO
VENSKE⁵; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – val.nizolli@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – t.liamara@yahoo.com.br

³Universidade Federal de Pelotas – he.carbonari@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – latoiaeduarda@gmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – eduardo.venske@yahoo.com.br

⁶Universidade Federal de Pelotas – acostol@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é o segundo cereal mais produzido no mundo e apresenta fundamental relevância na dieta alimentar da população devido a suas propriedades energéticas e por sua qualidade e quantidade de proteínas, estando presente em uma grande variedade de produtos (FAOSTAT, 2017; SAVADI, 2018). A busca pelo desenvolvimento de genótipos com desempenho superior mostra-se como uma das principais estratégias visando o aumento da produtividade da cultura (VALÉRIO, 2008).

Devido ao fato de ser uma espécie jovem e pelo fenômeno de poliploidização que o gerou (*polyploidization bottleneck*), o trigo é naturalmente de restrita variabilidade genética (ALI et al., 2008). Sua domesticação, séculos de cultivo e a intensa pressão de seleção exercida dentro dos programas de melhoramento da cultura também tem favorecido a crescente redução na variabilidade genética (BRAMMER, 2002). Com isso, o grande desafio do melhoramento é explorar a variabilidade genética existente dentro do *pool* gênico da espécie (BERTAN et al., 2006).

A escolha de genitores superiores nos programas de melhoramento, dando ênfase à presença de características que sejam contrastantes entre os mesmos, é fundamental para que ocorra a manifestação da variabilidade nas progêies (BERTAN et al., 2007). Estimar a distância genética entre os genótipos utilizando caracteres de interesse agrônomo é uma forma de prever esta variabilidade genética e contribui de forma significativa no conhecimento dos recursos genéticos disponíveis e para sua conservação em programas de melhoramento (BERTAN et al., 2006; VIEIRA et al., 2007).

A exploração de dados distribuídos em categorias por métodos de análise multivariada é amplamente utilizada em estudos de distância genética e permite verificar semelhanças na constituição genética do germoplasma disponível, apresentando os resultados através de dendrogramas, de forma que possibilita observar quais caracteres tiveram uma contribuição mais significativa, e qual cruzamento realizar com intuito de elevar o platô de produtividade (VIEIRA et al., 2007; BERTAN et al., 2007; STRECK, 2017). Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo avaliar estimativas de distância genética entre cultivares e populações de trigo a partir de caracteres agrônômicos, por análise conjunta.

2. METODOLOGIA

Foram avaliadas cinco populações na geração F₅, as quais obtidas através dos cruzamentos CD 104 x Cristalino; Abalone x Fundacep Nova Era; CD 104 x Fundacep Raízes; Fundacep Cristalino x Fundacep Nova Era; Onix x Fundacep Raízes. Os genitores também foram avaliados.

O experimento foi conduzido à campo no ano agrícola de 2016 na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, no Centro Agropecuário da Palma, em Capão do Leão – RS. O município está situado a 31° 52' 00" de latitude sul e 52° 21' 24" de longitude oeste, a uma altitude de 13,24 m. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados com três repetições. Os tratamentos culturais foram efetuados de acordo com as Recomendações da Comissão Brasileira de Pesquisa de Trigo e Triticale (RCBPTT, 2010). Foram avaliados os caracteres: comprimento de espiga, massa de espiga, número de grãos da espiga, massa de grãos da espiga, massa de mil grãos, dias da emergência ao florescimento, dias do florescimento à maturação, número de afilhos férteis, estatura, rendimento e peso do hectolitro.

Os dados foram, inicialmente, submetidos à análise de variância. A partir desta, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). A figura foi gerada no programa Orange (DEMŠAR, 2013). Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foi gerado um dendograma e um *heatmap*, utilizando o método de agrupamento das médias das distâncias (UPGMA).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O dendrograma e o *heatmap* de distâncias genéticas gerados (Figura 1) permitem estimar o modo como os genótipos estudados estão distanciados geneticamente (fenotipicamente) entre si. É possível se verificar que dois grupos foram formados, através tanto da linha de dissimilaridade média calculada e projetada sobre o dendrograma, como também visualmente, pelo padrão de intensidade de cores no *heatmap*. No grupo menor encontram-se as cultivares Abalone e Fundacep Nova Era, por conseguinte, no outro grupo encontram-se os demais genótipos. Abalone é uma cultivar lançada em 2006 pelas empresas OR/Biotrigo, e a cultivar Fundacep Nova Era foi lançada em 2004 pela empresa CCGL, e estas possuem genealogia distinta. Assim sendo, o fato das duas cultivares terem se agrupado indica que uma escolha de genitores baseada somente na genealogia ou mesmo programa de melhoramento de origem, não garante divergência fenotípica.

Pode-se observar também que a maioria das populações provenientes de cruzamento apresentaram agrupamento com seus genitores, o que é uma tendência já esperada (VIEIRA et al., 2007). Entretanto, os genótipos Abalone e Fundacep Nova Era mostraram ser uma exceção, pois não se agruparam com suas próprias progênies.

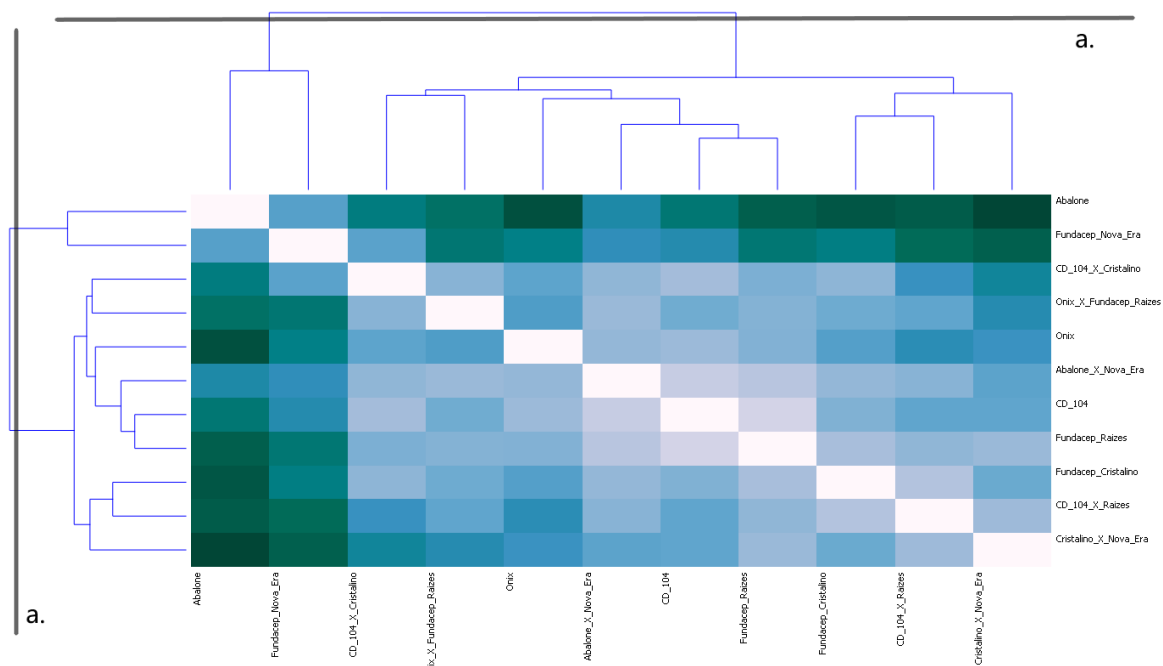


Figura 1 - Dendrograma e *heatmap* de distâncias genéticas resultante da análise de agrupamento de onze genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis como medida de distância genética. a.) Medida de dissimilaridade média entre grupos. O gradiente de cores no *heatmap* é correspondente aos valores de distância genética. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2019.

Os genótipos mais similares foram CD 104, da empresa Coodetec, e Fundacep Raízes, da empresa CCGL, contudo, estas novamente apresentam genealogia distinta. Esses resultados estão de acordo com os reportados por VIEIRA et al. (2007) e apontam para a existência de uma certa uniformidade entre os genótipos destes programas de melhoramento, em relação os caracteres aferidos. Considerando não ser recomendado o cruzamento entre genótipos com pequena distância genética, visando maior variabilidade na população segregante, sugere-se o cruzamento entre genótipos dos dois diferentes grupos gerados pois a população segregante obtida poderá expressar pequena variabilidade genética, em função das constituições genéticas semelhantes dos genitores para o caráter em estudo (SILVA, 2012).

4. CONCLUSÕES

Com esse estudo foi possível concluir que existe um certo nível, ainda que não elevado, de variabilidade fenotípica entre os acessos de trigo analisados. Os genótipos Abalone e Fundacep Nova Era apresentam ser divergentes geneticamente em relação a maioria dos demais avaliados no estudo, devendo ser priorizados em cruzamentos artificiais com os demais com a finalidade de incremento na variabilidade das progênes.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALI, Y. et al. Genetic variability, association and diversity studies in wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm. **Pakistan Journal of Botany**, v. 40, n. 5, p. 2087-2097, 2008.

BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Current Agricultural Science and Technology**, v. 12, n. 3, 2006.

BERTAN, I. et al. Variabilidade genética em trigo aferida por meio da distância genealógica e morfológica. **Scientia agraria**, v. 8, n. 1, p. 67-74, 2007.

BRAMMER, S. P. Variabilidade e diversidade genética vegetal: requisito fundamental em um programa de melhoramento. **Embrapa Trigo - Documentos INFOTECA-E**, 2002.

CRUZ, C.D. Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: **Editora da UFV**, 2001. 648p.

DEMŠAR, J. et al. Orange: data mining toolbox in Python. **The Journal of Machine Learning Research**, v. 14, n. 1, p. 2349-2353, 2013.

REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE – RCBPTT. Informações técnicas para a safra 2010: trigo e triticales. Veranópolis: **Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária**, 2010. 169p.

SAVADI, S. et al. Molecular breeding technologies and strategies for rust resistance in wheat (*Triticum aestivum*) for sustained food security. **Plant pathology**, v. 67, n. 4, p. 771-791, 2018.

SILVA, F. de C. **Potencial genético de populações segregantes de feijoeiro-comum para escurecimento e cocção dos grãos**. 2012. 104p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás.

STRECK, E. A. et al. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.

VALÉRIO, I. P. **Progresso genético na seleção de genótipos de trigo com base na expressão do caráter número de afixos**. 2008. 18p. Tese (Doutorado em Fitomelhoramento) – Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas.

VIEIRA, E. A. et al. Associação da distância genética em trigo estimada a partir de caracteres morfológicos, caracteres. **Revista brasileira de agrociencia**, v. 13, n. 2, p. 161-168, 2007.