

ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS: ABORDAGEM VISUAL PARA A VISUALIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM TRIGO

HENRIQUE PASQUETTI CARBONARI¹; LIAMARA BAHR THUROW²; EVANDRO EHLERT VENSKE³; AMANDA VALENTINI BASEGGIO⁴; VALERIA OLIVEIRA NIZOLLI⁵; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – he.carbonari@gmail.com

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

³Universidade Federal de Pelotas - evandrovenske@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – amanda_baseggio@hotmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – val.nizolli@gmail.com

⁶Universidade Federal de Pelotas - acostol@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O trigo é um dos cereais mais produzidos no mundo, principalmente pela grande demanda de seus derivados, que se destacam na produção de diferentes tipos de farinhas (PINNOW et al., 2013). No Brasil, os principais produtores do cereal são os estados da região sul, principalmente Paraná e Rio Grande do Sul (CONAB, 2018). Este montante representa menos de 50% do consumo interno fazendo com que o Brasil seja um dos principais países importadores.

Visando o incremento da produtividade e competitividade do trigo nacional é necessário o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e com maior tolerância a fatores bióticos e abióticos. Para o alcance deste objetivo, é de fundamental importância que o melhorista explore a variabilidade genética da espécie na escolha da população segregante que expressam constituições genéticas desejadas (BENIN, 2009). Dessa forma, o cruzamento terá maior probabilidade de fornecer progênies com desempenho superior, apresentando elevado rendimento de grãos e demais caracteres agrônômicos e adaptativos importantes para a cultura (SILVA, 2012).

Com o intuito de obter maior precisão na escolha de genitores de trigo, um método muito empregado é a análise de componentes principais (PCA). Este método é utilizado quando se visa estudar distância genética, pois o mesmo consegue agrupar um conjunto de variáveis avaliadas e correlacioná-las, reduzindo os dados a partir de combinações lineares das variáveis originais (FERREIRA et al., 1999; BEEBE et al., 1998). A partir destes dados, é construído um novo sistema de eixos para representar as amostras, no qual podem ser visualizadas em poucas dimensões devido à sua natureza multivariada (FERREIRA et al., 1999). Esse agrupamento é possível devido ao cálculo de componentes principais, efetuando-se combinações lineares de variáveis originais. O emprego deste método possibilita elaborar hipóteses gerais a partir dos dados coletados, contrastando com estudos direcionados nos quais hipóteses prévias são testadas. Esta metodologia também é capaz de separar as informações importantes obtidas, das redundantes e aleatórias (BEEBE et al., 1998).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a variabilidade genética entre onze populações de trigo a partir de onze caracteres morfológicos, fenológicos e componentes do rendimento de grãos, por meio de análise de componentes principais, a fim de obter informações genéticas úteis para a seleção de genitores em trigo.

2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no ano de 2016 no campo experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, localizado no CAP (Centro Agropecuário da Palma), pertencente à Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), no município de Capão do Leão – RS. Foram avaliadas cinco populações na geração F5, as quais, obtidas através dos cruzamentos CD 104 x Fundacep 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. 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 hectolítrico. O delineamento experimental empregado foi 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).

Os dados foram submetidos à análise de componentes principais no programa Orange (DEMŠAR, 2013). O procedimento k-means foi adotado como critério pra determinação do número dos componentes ótimo para explicar a variação genética. Já o número de grupos foi determinado por um procedimento similar aplicado pelo programa.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O método de k-means sugeriu três componentes como satisfatórios para explicar 79% da variação genética (Figura 1).

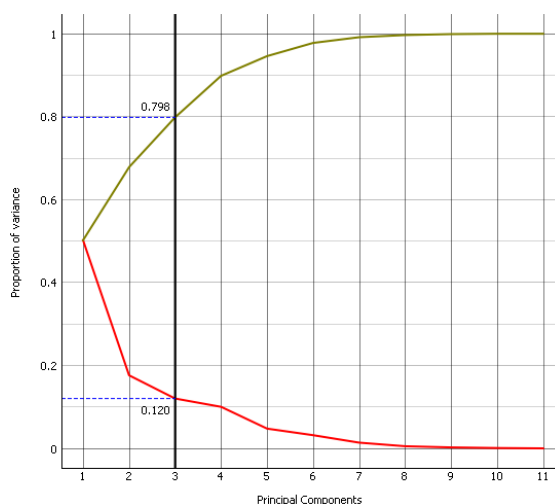


Figura 1: Plano demonstrando a porcentagem da variação genética em relação ao número de componentes principais.

Na Figura 2 observamos a formação de cinco grupos originados das distâncias genéticas obtidas através da contribuição relativa dos caracteres avaliados. O grupo um formado por três genótipos: o genótipo proveniente do cruzamento CD 104 x Fundacep Cristalino, e os genótipos CD 104 e Fundacep Raízes. O segundo grupo com apenas a cultivar Onix, no terceiro grupo o genótipo proveniente do cruzamento CD 104 X Fundacep Raízes e a cultivar Abalone, no quarto grupo os genótipos provenientes dos cruzamentos Abalone X

Fundacep Nova Era e Onix X Fundacep Raizes e a cultivar Fundacep Cristalino e o quinto grupo formado pelo genótipo proveniente do cruzamento Fundacep Cristalino X Fundacep Nova Era e a cultivar Fundacep Nova Era.

Um ponto crítico, no qual irá definir o sucesso ou fracasso de um programa de melhoramento, é a escolha de constituições genéticas superiores, onde a presença de variabilidade é fundamental. Quanto menor a similaridade entre os genitores, maior será a segregação, recombinação entre diferentes alelos e a variação fenotípica das linhagens, que oferece ao melhorista uma grande possibilidade de encontrar linhagens segregantes transgressivas. (BERED, 2002). Mas para que isso seja possível é necessária uma sábia escolha dos genitores (CARVALHO et al., 2008).

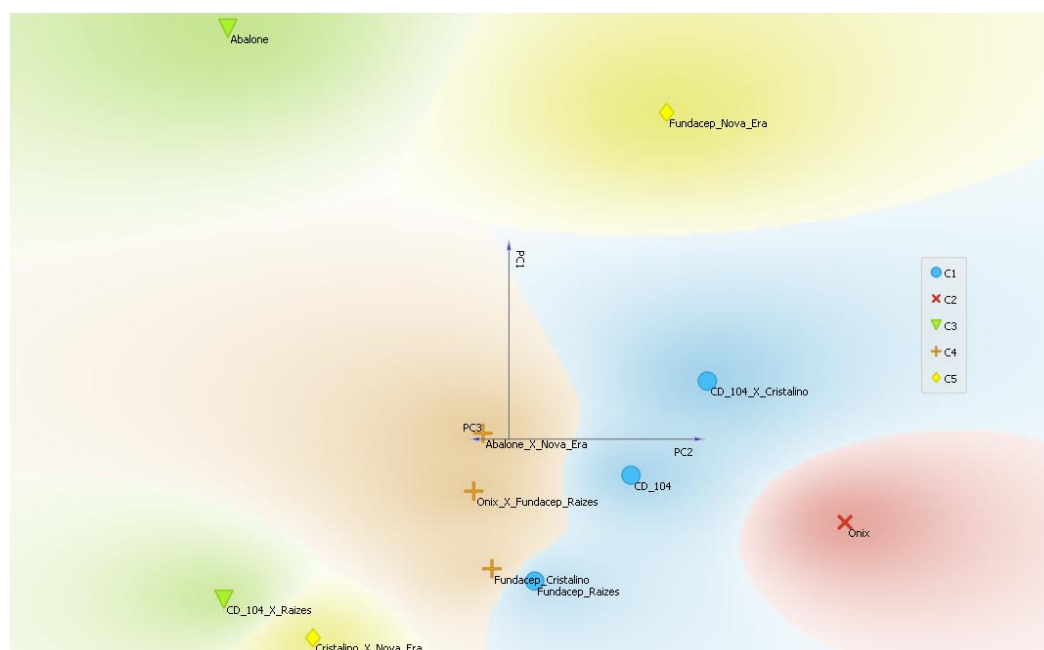


Figura 2: Observação da distância genética e do agrupamento dos genótipos obtidas através da análise de componentes principais.

Dentre os onze genótipos estudados, observando a distância genética e os agrupamentos obtidos através da análise de componentes principais, foi constatada a formação de cinco grupos distintos ocasionados através da contribuição relativa dos caracteres avaliados. Analisando a dispersão dos genótipos na matriz, podemos observar uma interessante distância genética entre os genótipos, principalmente o Ônix. Isso evidencia a variabilidade genética existente entre os genótipos analisados, onde, observando os agrupamentos em si, podemos constatar que genótipos utilizados em hibridações, de um mesmo programa de melhoramento se associaram em grupos distintos, o que significa que no planejamento, a escolha dos genitores foi bem feita ampliando a variabilidade genética de suas progênie. Resultados semelhantes a este já foram observados (POSSEBON, 2017). A própria matriz de dissimilaridade já indica que a utilização dos genótipos em hibridações artificiais resulta em elevada probabilidade de êxito quando se visa a ampliação da variabilidade genética, pois somente dois genótipos se posicionaram no mesmo grupo, os demais se alocaram em grupos distintos. Obviamente, o sucesso de um programa de melhoramento não se resume somente na similaridade entre os genitores, além disso a dependência da sua capacidade combinatória e da exploração das potencialidades de cada genótipo precisam ser consideradas (ALLARD, 1971).

4. CONCLUSÕES

A utilização da análise para grupos de caracteres é útil na escolha das melhores combinações de genitores e esta mostrou que existe variabilidade genética entre os genótipos de trigo em estudo para os caracteres avaliados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Tradução de A. BLUMENSCHNEIN, E. PATERNIANI, J.T.A. GURGEL e R. VENCOVSKY. São Paulo, SP, Editora Edgard Blücher Ltda. 381p. 1971.

BENIN, G. et al. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. **Embrapa Hortalças-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2009.

BERED, F. et al. Caracterização de germoplasma de trigo por meio dos caracteres adaptativos ciclo e estatura. **Pesquisa agropecuária brasileira**. v. 37, p. 145-150, 2002.

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.

CARVALHO, F. I. F. de; et al. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. 2.ed. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. 288p., 2008.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de Safra brasileira de Grãos. v.4 – safra 2017/18 – n.12** – Décimo segundo levantamento setembro 2018. Acessado em 12 de set. 2019. Online. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_09_12_09_01_56_boletim_graos_setembro_2017.pdf

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

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

PINNOW, C. Qualidade industrial do trigo em resposta à adubação verde e doses de nitrogênio. **Bragantia**, v.72, p.20-28, 2013.

POSSEBON, B. **Avaliação de cruzamentos visando o incremento de caracteres de trigo relacionados ao rendimento de grãos**. 2017. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Programa de Pós Graduação em Agronomia, UFPel.

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

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.