

Distância Genética em Trigo Estimada por meio de Caracteres Morfológicos e Agronômicos



Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 167

Distância Genética em Trigo Estimada por meio de Caracteres Morfológicos e Agrônômicos

Eduardo Alano Vieira
Fernando Irajá Félix de Carvalho
Marília Santos Silva
Josefino de Freitas Fialho

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223

CEP 73310-970 Planaltina, DF

Fone: (61) 3388-9898

Fax: (61) 3388-9879

<http://www.cpac.embrapa.br>

sac@cpac.embrapa.br

Comitê de Publicações

Presidente: *José de Ribamar N. dos Anjos*

Secretária-Executiva: *Maria Edilva Nogueira*

Supervisão editorial: *Maria Helena Gonçalves Teixeira*

Revisão de texto: *Maria Helena Gonçalves Teixeira*

Normalização bibliográfica: *Rosângela Lacerda de Castro*

Capa: *Wellington Cavalcanti*

Foto da capa: *Julio Cesar Albrecht*

Editoração eletrônica: *Wellington Cavalcanti*

Impressão e acabamento: *Divino Batista de Souza*

Jaime Arbués Carneiro

Impresso no Serviço Gráfico da Embrapa Cerrados

1ª edição

1ª impressão (2006): tiragem 100 exemplares

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação na publicação.

Embrapa Cerrados.

-
- D614 Distância genética em trigo estimada por meio de caracteres morfológicos e agronômicos / Eduardo Alano Vieira ... [et al.]. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2006.

21 p. — (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa Cerrados, ISSN 1676-918X ; 167)

1. Melhoramento genético vegetal. 2. Trigo. 3. Genótipo.
I. Vieira, Eduardo Alano. II. Série.

631.52 - CDD 21

© Embrapa 2006

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
Introdução.....	7
Material e Métodos.....	8
Resultados e Discussão.....	10
Referências	20

Distância Genética em Trigo Estimada por meio de Caracteres Morfológicos e Agronômicos

Eduardo Alano Vieira¹

Fernando Irajá Félix de Carvalho²

Marília Santos Silva³

Josefino de Freitas Fialho⁴

Resumo - Em trigo não existem estudos comparando a distância estimada a partir de caracteres morfológicos acessados a campo, com base em caracteres fenotípicos relacionados à produtividade de grãos e na utilização conjunta desses caracteres. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar e comparar estimativas de distância genética entre 19 genótipos de trigo a partir de: (i) dez caracteres morfológicos aferidos a campo, (ii) oito caracteres componentes do rendimento de grãos e (iii) análise conjunta de ambos. Assim, foi estimada a distância de Mahalanobis entre todos os pares de genótipos, a partir dos três conjuntos de dados descritos acima. As matrizes de distância genética entre as constituições genéticas com base nos caracteres aferidos a campo e a com base nos caracteres relacionados à produtividade evidenciaram ausência de associação significativa ($r = 0,13$). Entretanto, ambas as matrizes de distância apresentaram correlações significativas com aquela baseada na análise conjunta dos caracteres. Esse resultado torna evidente a necessidade de se efetuar a estimativa da distância genética a partir da análise conjunta dos caracteres para a obtenção de uma distância mais precisa.

Termos para indexação: *Triticum aestivum*; melhoramento genético; divergência genética; distância de Mahalanobis.

¹ Eng. Agrôn., D.Sc., Embrapa Cerrados, vieiraea@cpac.embrapa.br

² Eng. Agrôn., Ph.D., Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, carvalho@ufpel.tche.br

³ Eng. Agrôn., Ph.D., Embrapa Cerrados, marilia@cpac.embrapa.br

⁴ Eng. Agrôn., M.Sc., Embrapa Cerrados, josefino@cpac.embrapa.br

Genetic Distance in Wheat Estimated by Morphological and Agronomics Traits

Abstract - *In wheat there is a lack of studies comparing the genetic distance estimated through morphological traits assessed in the field, based on phenotypical traits related to grain yield and the combined use of these traits. Therefore, the present work had as objective to evaluate and compare estimatives of genetic distance among 19 wheat genotypes based on (i) ten morphological traits measured in the field; (ii) eight grain yield component traits and (iii) a combined analysis of the first two. Thus, the Mahalanobis' distance was estimated between all pairs of genotypes from the three sets of data described above. The genetic distance matrices obtained for the field and yield components data failed to show significant association ($r = 0.13$). However, both distance matrices presented significant correlations with the matrix based on the combined analysis. This result indicates the need of obtaining genetic distance estimates based on a combined analysis in order to achieve a more precise distance measure.*

Index terms: Triticum aestivum; plant breeding; genetic divergence; Mahalanobis distance.

Introdução

A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis. Essa estimativa informa a respeito da organização do germoplasma, aumenta a eficiência da amostragem de genótipos, auxilia na definição de cruzamentos artificiais, na incorporação de genes de germoplasma exótico e até na recomendação de cultivares para determinada região, quando o objetivo é aumentar a base genética das cultivares sob cultivo. A seleção correta dos genitores empregados no desenvolvimento da população base de um programa de melhoramento pode prever o resultado final da seleção artificial e proporcionar uma melhor alocação dos recursos financeiros despendidos ao longo de todo o processo de ajuste das constituições genéticas a um determinado ambiente (NIENHUIS et al., 1993; BOHN et al., 1999).

A seleção de genitores dissimilares gera a perspectiva de se obter uma população segregante com ampla variabilidade genética e elevada frequência de indivíduos transgressivos, uma vez que a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois genitores dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de diferenças genéticas entre os genótipos (FALCONER; MACKAY, 1996). Entretanto, para que tal expectativa seja confirmada, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estão sendo melhorados. Confirmada a expectativa da presença de dissimilaridade, é esperado que indivíduos com médias superiores para o caráter de interesse apresentem genes distintos, sendo possível, pela hibridação artificial, combinar tais genes em uma nova constituição genética, superior a ambos os genitores. Nesse sentido, Bhatt (1973), estudando a cultura do trigo, observou que a variância genética entre linhas F4:5 esteve altamente relacionada com a distância multivariada estimada por meio de caracteres quantitativos.

A distância genética pode ser estimada a partir da utilização de caracteres fenotípicos, dados moleculares, coeficiente de parentesco e combinação desses (JARADAT, 1991; AUTRIQUE et al., 1996; BARBOSA-NETO et al., 1996; KIM; WARD, 1997; BOHN et al., 1999; REIS et al., 1999; MANIFESTO et al., 2001; BERED et al., 2002). Entretanto, ainda não existem estudos comparando a distância genética estimada a partir de caracteres morfológicos acessados

a campo com base em caracteres fenotípicos relacionados à produtividade de grãos por unidade de área e na utilização conjunta desses caracteres. Estudos dessa natureza possibilitam inferências sobre quais caracteres contribuem mais para a estimativa da distância genética (caracteres mais variáveis) e dão uma idéia de como está a variabilidade do germoplasma para os caracteres mais visados no melhoramento vegetal, além de que auxiliam o pesquisador na hora de definir quais caracteres devem ser aferidos para obtenção do máximo de informações a respeito do genótipo estudado.

Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar e comparar estimativas de distância genética entre 19 genótipos de trigo, com base em dez caracteres morfológicos aferidos a campo, oito caracteres componentes do rendimento de grãos e na análise conjunta de todos eles.

Material e Métodos

Os 19 genótipos de trigo avaliados neste estudo, bem como a sua genealogia, estão apresentados na Tabela 1 e seguem o seguinte critério para a simbologia da genealogia: os sinais /, //, /3/, ..., /X/ indicam a ordem em que os cruzamentos foram realizados; os retrocruzamentos estão simbolizados com um asterisco (*) e o número indica o número de retrocruzamentos com o genitor recorrente. O símbolo /: indica o primeiro cruzamento realizado; o sinal //:, o segundo e ... /X:;, o x-ésimo cruzamento efetuado. Essa metodologia é semelhante à proposta por Purdy et al. (1968).

O experimento foi conduzido na safra agrícola de 2003 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, a uma altitude de 13,24 m. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas compostas por cinco fileiras de 5 m x 0,20 m. A área útil da parcela foi constituída pelos 4 m centrais das três fileiras internas. A adubação de base foi de 300 kg ha⁻¹ de NPK (5-20-20) e mais 60 kg ha⁻¹ de nitrogênio aplicado no início do afilhamento. O controle de ervas daninhas foi realizado com capina manual e o combate de formigas cortadeiras, com a aplicação de iscas granuladas. O controle de pragas e moléstias foi realizado de acordo com as recomendações da CSBPT-2002 (Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo).

Tabela 1. Descrição dos genótipos avaliados e das suas respectivas genealogias.

Genótipos	Genealogia
BH 1146	PG 1//Frenteira/Mentana
BR 18	Desconhecida
BR 23	Corre Caminos/Alondra Sib/3/IAS 54-20/Cotiporã//CNT 8
BR 35	IAC 5*2/3/CNT 7*3/LONDRINA//IAC5/HADDEN
BRS 49	BR35/PF83619//PF858/PF8555
BRS 119	PF82252/BR35//IAPAR17/PF8550
BRS 120	PF83899/PF813//F27141
BRS 177	PF83899/PF813//F27141
BRS 194	CEP14/BR23//CEP17
BRS 208	CPAC 89118/3/BR 23//CEP 19/PF 85490
CEP 24	BR3/CEP7887//CEP7775/CEP11
FUNDACEP 29	BR23/CEP8423//BUC"S"
BRS 192	PF869114/PF8722
PF 950354	EMBRAPA16/PAT73-92
RUBI	PF869107/KLEIN H3450C3131
SONORA 64	YAKTANA54/NORIN10B//2*YAQUI54
TB 951	TB 108 // BR 23 * 2/PF 869114
ICA 1	EMBRAPA16/PF97504//CEP14/COKER762
ICA 2	PAMPAINTA/CEP24//BR43

Foram avaliados 18 caracteres, segundo os procedimentos apresentados por Scheeren (1984), dos quais dez aferidos a campo: (i) acamamento em porcentagem (ACAM); (ii) número de afilhos férteis por metro linear (AFML); (iii) estatura de planta em centímetros (EP); (iv) largura da lâmina da folha bandeira em centímetros (LFB); (v) comprimento da lâmina da folha bandeira em centímetros (CFB); (vi) comprimento da bainha em centímetros (CB); (vii) comprimento do pedúnculo em centímetros (CP); (viii) dias da emergência ao florescimento (DEF); (ix) dias da emergência à maturação (DEM); (x) dias do

florescimento à maturação (DFM) e oito componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório: (xi) comprimento da espiga em centímetros (CE); (xii) número de espiguetas (NE); (xiii) peso de espiga em gramas (PE); (xiv) número de grãos por espiga (NG); (xv) número de grãos por espiguetas (NG/NE); (xvi) peso de mil grãos em gramas (PMG); (xvii) peso do hectolitro em kg hL⁻¹ (PH); (xviii) rendimento de grãos kg ha⁻¹ (RG).

Os dados dos caracteres avaliados foram submetidos à análise de variância univariada, segundo o delineamento em blocos ao acaso com três repetições, e posteriormente as médias das variáveis foram comparadas pelo teste de Scott e Knott, a 5 % de probabilidade de erro (SCOTT; KNOTT, 1974). Depois, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D2) entre todos os pares de genótipos, a partir das médias padronizadas: (i) dos dez caracteres morfológicos aferidos a campo; (ii) dos oito componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório; (iii) da análise conjunta dos 18 caracteres. Dessa forma, foram obtidas três matrizes de distâncias de Mahalanobis (D2). Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001).

Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foram construídos três dendrogramas, utilizando o método de agrupamento das médias das distâncias (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), utilizando o programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). 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 mil permutações (MANTEL, 1967), utilizando o programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000).

Resultados e Discussão

Os resultados da análise de variância univariada evidenciaram a existência de diferenças genéticas entre os genótipos estudados, uma vez que foram detectadas variações significativas ($P < 0,01$) para todos os caracteres aferidos (Tabelas 2 e 3). Os resultados evidenciaram também a existência de uma ampla variação para a maioria dos caracteres aferidos, como pode ser observado pela comparação entre as maiores e as menores médias de cada um deles. A partir do exame dos maiores e dos menores valores de cada caráter aferido, foi constatado que alguns genótipos apresentam médias situadas nos

limites superiores e inferiores para um grande número de caracteres. Nesse sentido, merecem destaque o genótipo SONORA 64, que evidenciou valores de média no limite inferior de variação para 7 dentre os 18 caracteres avaliados, dos quais 5 caracteres relacionados à produtividade de grão (NE, PE, NG, PH e RG) (Tabela 3) e 2 relacionados ao ciclo (DEF e DEM) (Tabela 2). As constituições genéticas TB 951 e ICA 2 apresentaram seis e cinco caracteres situados nos limites de variação dos caracteres, respectivamente (Tabelas 2 e 3). Isso evidencia que esses são os mais divergentes em relação aos genótipos avaliados.

Entre os caracteres avaliados, o que apresentou o maior número de classes distintas no teste de comparação de médias (seis classes) foi o caráter rendimento de grão (RG). Suas médias variaram de 4.809 a 1.577 kg ha⁻¹, para os genótipos BRS 177 e Sonora 64, respectivamente (Tabela 3). Em relação à cultivar Sonora 64, Reis et al. (1999) haviam reportado uma produtividade de 2.834 kg ha⁻¹ (em um experimento conduzido em Lavras, MG); produtividade essa 80 % superior à encontrada neste trabalho, o que evidencia a influência do ambiente na manifestação desse caráter e a necessidade de avaliar as constituições genéticas no ambiente em que se deseja efetuar os cruzamentos. Neste estudo, a cultivar BH 1146 revelou uma produtividade de 3.106 kg ha⁻¹, ao passo que, no experimento conduzido por Reis et al. (1999), tal cultivar apresentou uma produtividade de 2.779 kg ha⁻¹. Novamente detecta-se a influência do ambiente na manifestação do caráter, uma vez que o ambiente (Capão do Leão, RS) reduziu drasticamente a produtividade da cultivar Sonora 64 em relação à produção obtida em Lavras, MG, e foi capaz de aumentar a produtividade da cultivar BH 1146. Da mesma forma, Benin et al. (2003) observaram que o aumento no rendimento de grãos em aveia está relacionado com a redução dos níveis de estresse causados por fatores ambientais. O autor classificou o município de Capão do Leão, RS, como instável e desfavorável ao desenvolvimento da aveia, concordando com os resultados deste trabalho para o trigo.

Os caracteres que apresentaram o menor número de classes distintas no teste de comparação de médias (duas classes) foram os caracteres morfológicos aferidos antes da colheita – número de filhotes férteis por metro linear (AFML), dias da emergência ao florescimento (DEF) e dias do florescimento à maturação (DFM) (Tabela 2) – e os caracteres relacionados à produtividade aferidos em laboratório após a colheita – peso de espiga (PE) e número de grãos por espiguetas (NG/NE) (Tabela 3) –, o que evidencia a elevada uniformidade entre os genótipos estudados quanto a esses caracteres.

Tabela 2. Comparação de médias e resumo das análises de variância univariada dos caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo e dias do florescimento em dezenove cultivares de trigo - FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

Genótipos	Caracteres									
	ACAM (%)	AFM (unidades)	EP (cm)	LFB (cm)	CFB (cm)	CB (cm)	CP (cm)	DEF (dias)	DEM (dias)	DFM (dias)
BH 1146	93 a*	95 b	107 b	1,21 d	19,35 d	19,86 b	21,05 c	73 b	115 d	42 b
BR 18	68 b	82 b	80 d	1,58 b	24,23 b	18,16 c	16,27 d	75 b	111 e	36 b
BR 23	2 d	84 b	100 b	1,36 c	21,25 c	18,24 c	20,59 c	81 a	129 b	48 a
BR 35	3 d	88 b	103 b	1,37 c	20,08 c	20,05 b	17,14 d	90 a	124 c	35 b
BRS 49	9 d	105 a	110 a	1,41 c	19,49 d	18,98 b	19,29 c	81 a	123 c	42 b
BRS 119	18 d	94 b	97 b	1,05 e	23,08 b	19,16 b	19,98 c	80 a	119 d	39 b
BRS 120	11 d	131 a	103 b	1,40 c	26,24 a	19,39 b	20,26 c	83 a	129 b	46 a
BRS 177	7 d	117 a	100 b	1,24 d	23,59 b	19,29 b	18,65 c	84 a	133 a	50 a
BRS 194	8 d	118 a	110 a	1,25 d	18,34 d	16,79 d	24,58 b	81 a	123 c	42 b
BRS 208	55 c	88 b	100 b	1,08 e	24,17 b	18,73 b	20,75 c	82 a	125 c	43 b
CEP 24	70 b	111 a	118 a	1,26 d	26,92 a	23,02 a	26,48 a	80 a	125 c	45 a
FUNDACEP 29	5 d	93 b	92 c	1,49 c	21,59 c	16,85 d	25,34 b	79 a	125 c	46 a
BRS 192	3 d	68 b	90 c	1,45 c	23,45 b	19,21 b	14,67 e	84 a	136 a	52 a
PF 950354	53 c	98 b	117 a	1,10 e	21,16 c	18,77 b	23,56 b	89 a	117 d	28 b

Continua...

Tabela 2. Continuação.

Genótipos	Caracteres									
	ACAM (%)	AFM (unidades)	EP (cm)	LFB (cm)	CFB (cm)	CB (cm)	CP (cm)	DEF (dias)	DEM (dias)	DFM (dias)
RUBI	2 d	120 a	97 b	1,25 d	20,53 c	18,08 c	17,72 d	84 a	130 b	46 a
SONORA 64	17 d	99 b	87 c	1,00 e	18,82 d	15,68 e	16,56 d	66 b	106 e	40 b
TB 951	1 d	87 b	72 e	1,78 a	25,85 a	17,17 d	12,62 e	84 a	121 c	38 b
ICA 1	2 d	108 a	115 a	1,32 d	24,61 b	19,31 b	27,89 a	82 a	129 b	47 a
ICA 2	90 a	80 b	83 c	1,24 d	16,79 e	16,65 d	15,88 d	82 a	138 a	56 a
FV (GL)										
QM _{Genótipos} (18)	3184,12**	785,86**	489,08**	0,10**	25,05**	7,84**	51,63**	85,40**	200,86**	128,66**
QM _{Resíduo} (36)	54,33	109,32	21,76	0,08	0,56	0,34	2,05	33,45	18,40	35,51
Média	27,28	98,28	98,95	1,31	22,08	18,60	19,96	81,09	124,19	43,11
CV (%)	27,02	10,64	4,71	1,68	3,39	3,16	7,14	7,13	3,45	13,82

Porcentagem de acamamento (ACAM), número de afilhos férteis por metro (AFM), estatura de planta (EP), largura da lâmina da folha bandeira (LFB), comprimento da lâmina da folha bandeira (CFB), comprimento da bainha (CB), comprimento do pedúnculo (CP), dias da emergência ao florescimento (DEF), dias da emergência a maturação (DEM)

*Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem estatisticamente em 5 % de significância pelo teste de separação de médias de Scott e Knott

**Significativo em 1 % de probabilidade de erro pelo teste F.

As médias apresentadas nas caixas e sublinhadas são as maiores e as menores médias para cada caráter, respectivamente.

Tabela 3. Comparação de médias e resumo das análises de variância univariada dos componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório em dezenove cultivares de trigo - FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

Genótipos	Caracteres							
	CE (cm)	NE	PE (unidades)	NG (g)	NG/NE (unidades)	PMG (unidades)	PH (g)	RG (kg hL ⁻¹)
(kg ha ⁻¹)								
BH 1146	8,74 c*	14 c	1,64 b	31 e	2,13 b	227 b	71 d	3106 d
BR 18	9,25 c	15 c	1,86 b	31 e	2,02 b	210 b	69 d	2438 e
BR 23	10,59 b	17 b	2,26 a	44 c	2,53 a	190 c	76 c	4122 b
BR 35	9,07 c	17 b	2,22 a	43 c	2,53 a	197 c	75 c	4111 b
BRS 49	8,69 c	18 a	1,84 b	38 d	2,08 b	174 c	71 d	3167 d
BRS 119	9,23 c	17 b	2,33 a	47 b	2,70 a	184 c	77 c	3928 c
BRS 120	9,27 c	17 b	2,11 a	39 d	2,26 b	204 b	78 b	3611 c
BRS 177	9,69 c	17 b	2,12 a	45 c	2,66 a	181 c	79 b	4809 a
BRS 194	7,57 c	17 b	2,19 a	40 c	2,41 a	208 b	76 c	4181 b
BRS 208	8,17 c	16 c	2,36 a	43 c	2,62 a	219 b	77 c	3856 c
CEP 24	8,81 c	15 c	2,11 a	35 d	2,28 b	256 a	78 c	3661 c
FUNDACEP 29	9,29 c	16 c	2,28 a	43 c	2,73 a	196 c	76 c	3933 c
BRS 192	8,77 c	16 c	2,66 a	46 c	2,85 a	180 c	79 b	3689 c

Continua...

PF 950354 10,87 b 17 b 2,20 a 43 c 2,50 a 191 c 77 c 2783 e

Tabela 3. Continuação.

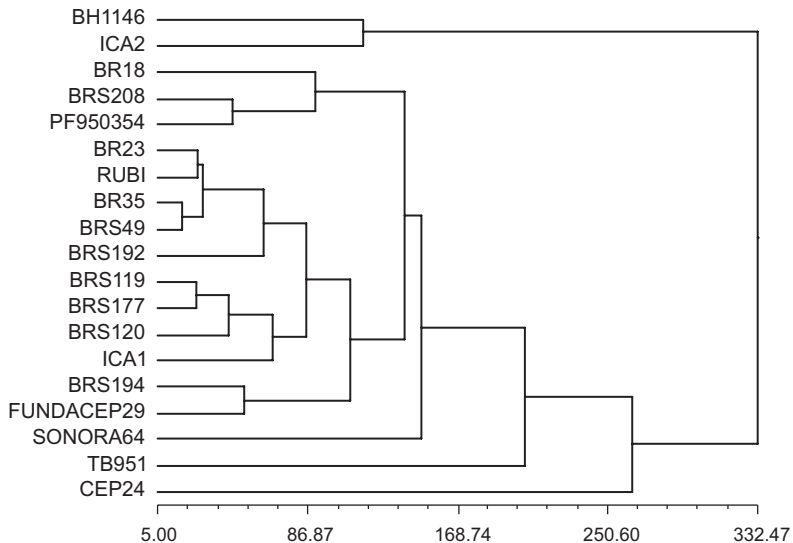
Genótipos		Caracteres						
		CE (cm)	NE	PE (unidades)	NG (g)	NG/NE (unidades)	PMG (unidades)	PH (g)
(kg ha ⁻¹)								RG (kg hL ⁻¹)
RUBI	8,39 c	16 c	2,10 a	38 d	2,45 a	200 c	81 a	4550 a
SONORA 64	8,54 c	15 c	1,37 b	27 e	1,80 b	180 c	67 e	1577 f
TB 951	11,83 a	19 a	2,65 a	55 a	2,83 a	177 c	75 c	2457 e
ICA 1	9,45 c	16 c	2,02 c	41 c	2,58 c	170 c	77 c	2620 c
ICA 2	8,69 c	16 c	2,19 a	49 b	2,98 a	162 c	75 c	2561 e
V (GL)								
DM (18)	3,06* *	4,14**	0,28**	137,56**	0,20**	61,07**	37,51**	2026,364 32**
DM _{Resíduo} (36)	0,35	0,70	0,09	16,72	0,05	8,02	1,64	95333,85
DM _{Resíduo} (18)	0,16	0,50	0,12	11,02	0,17	1,05	7,75	2167,11
CV (%)	6,50	5,05	14,13	9,97	8,81	7,25	1,70	8,90

*Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem estatisticamente em 5 % de significância pelo teste de separação de médias de Scott e Knott
**Significativo em 1 % de probabilidade de erro pelo teste F.

Comprimento da espiga (CE), número de espiguetas (NE), peso de espiga (PE), número de grãos por espiga (NG), número de grãos por espiguetas (NG/NE), peso de mil grãos (PMG), peso do hectolitro (PH) e rendimento de grãos (RG).

As médias apresentadas nas caixas e sublinhadas são as maiores e as menores médias para cada caráter, respectivamente.

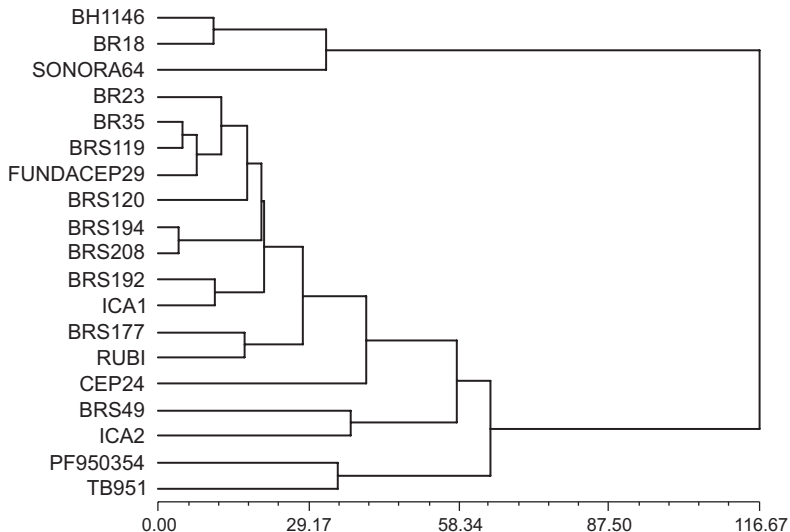
Em relação à distância de Mahalanobis (D^2) estimada com base nos caracteres morfológicos aferidos a campo, os genótipos mais distantes foram TB 951 e ICA 2, e os mais similares foram BR 35 e BRS 49. O dendrograma gerado proporcionou uma divisão dos genótipos em quatro grupos: (i) BH 1146 e ICA 2; (ii) TB 951; (iii) CEP 24 e (iv) formado pelas demais constituições genéticas, sendo alocados neste grupo todos os genótipos oriundos da Embrapa Trigo de Passo Fundo (BR, BRS e PF) (Fig. 1). Isso evidencia que, de uma maneira geral, os genótipos dessa instituição apresentam uniformidade para os caracteres, o que sugere a necessidade de novas introduções. O coeficiente de



correlação cofenética do dendrograma ($r = 0,80$) evidenciou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (SOKAL; ROHLF, 1962).

Fig. 1. Dendrograma resultante da análise de agrupamento de 19 genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base nos caracteres morfológicos aferidos a campo) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,80.

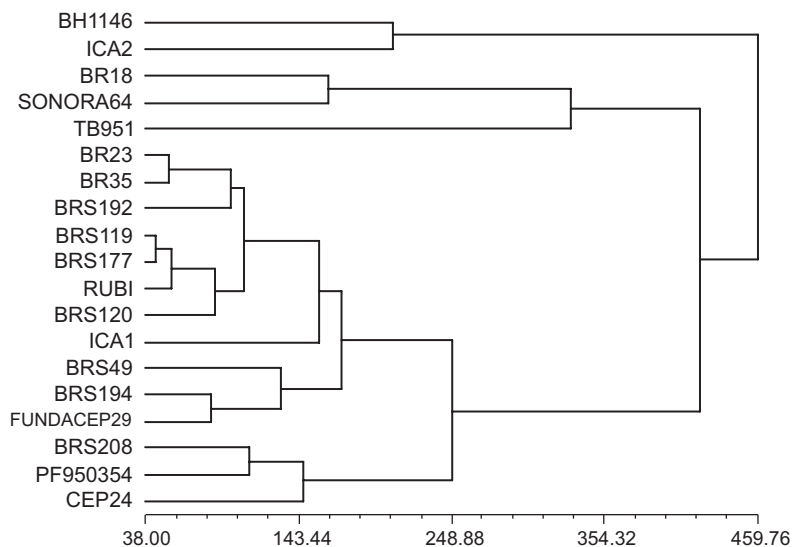
A distância de Mahalanobis (D^2) estimada com base nos caracteres relacionados à produtividade aferidos em laboratório após a colheita revelou como constituições genéticas mais similares BRS 194 e BRS 208 e como mais distantes BRS 177 e Sonora 64. O dendrograma gerado com base nas distâncias estimadas para os caracteres relacionados ao rendimento de grãos permitiu a distribuição dos genótipos em quatro grupos: (i) BH 1146, BR 18 e Sonora 64; (ii) BRS 49 e ICA 2; (iii) PF950354 e TB 951; (iv) formado pelos genótipos restantes (Fig. 2). De forma contrária ao observado na figura obtida com base nos caracteres morfológicos aferidos a campo (Fig. 1), o agrupamento dos genótipos baseado nesses caracteres não reuniu em um mesmo grupo as constituições genéticas oriundas do programa de melhoramento da



Embrapa Trigo de Passo Fundo, RS, o que é desejável quando se quer ganhos agrônômicos. O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma ($r = 0,80$) evidenciou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (SOKAL; ROHLF, 1962).

Fig. 2. Dendrograma resultante da análise de agrupamento de genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base nos componentes de rendimento de grãos aferidos em laboratório) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,80.

Quando foram considerados todos os caracteres aferidos de forma conjunta, os genótipos que apresentaram a menor distância de Mahalanobis (D^2) foram Rubi e BRS 177, enquanto as constituições genéticas mais distantes foram TB 951 e BH 1146. O dendrograma gerado com base na análise conjunta dos caracteres dividiu as constituições genéticas em cinco grupos: (i) BH 1146 e ICA 2; (ii) BR 18 e Sonora 64; (iii) TB 951; (iv) BRS 208, PF 950354 e CEP 24; (iv) formado pelas demais constituições genéticas. Assim como na Fig. 2, não foi observado



o agrupamento dos genótipos oriundos do programa de melhoramento da Embrapa Trigo de Passo Fundo, RS, em um mesmo grupo (Fig. 3). O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma ($r = 0,82$) evidenciou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (SOKAL; ROHLF, 1962).

Fig. 3. Dendrograma resultante da análise de agrupamento de genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base na análise conjunta dos caracteres aferidos a campo e em laboratório) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,82.

Os resultados apontam para a existência de uma certa uniformidade entre os genótipos da Embrapa Trigo de Passo Fundo, RS, em relação aos caracteres morfológicos aferidos a campo; o que é um indicativo da existência de um

padrão bem definido de seleção das constituições genéticas para esses caracteres no referido centro de pesquisa.

As matrizes de distância entre as constituições genéticas com base nos caracteres morfológicos aferidos a campo e a com base nos caracteres relacionados à produtividade aferidos em laboratório evidenciaram ausência de associação significativa, uma vez que a correlação entre as matrizes foi de reduzida magnitude ($r = 0,13$) (Tabela 4). A ausência de associação é um indicativo de que a divergência genética estimada com esses dois tipos de caracteres possa acessar regiões diferentes do genoma, uma vez que os genes responsáveis por tais caracteres são distintos. Entretanto, ambas as matrizes de distância apresentaram correlações significativas com aquela baseada na análise conjunta dos caracteres, com correlações de 0,84 e 0,58 para os caracteres morfológicos aferidos a campo e caracteres relacionados à produtividade, respectivamente (Tabela 4). A correlação entre os caracteres morfológicos aferidos a campo apresentou correlação com a análise conjunta dos caracteres superior àqueles relativos a produtividade, o que pode ser indicativo da existência de uma maior variação das constituições genéticas para tais caracteres, uma vez que esses apresentaram uma maior correlação com a análise conjunta. Outra explicação para tal situação vem do fato de ter sido avaliado um número maior de caracteres morfológicos (Tabelas 2 e 3).

Tabela 4. Correlações entre as matrizes de distância de Mahalanobis, entre 19 genótipos de trigo, 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+CRP}).

	MD_{CM}	MD_{CRP}	MD_{CM+CRP}
MD_{CM}	1	0,13	0,84*
MD_{CRP}		1	0,58*
MD_{CM+CRP}			1

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

Em relação à indicação de cruzamentos, se o objetivo for obter ganho genético para os caracteres morfológicos aferidos a campo, poderá ser indicado o

cruzamento entre os genótipos BH 1146, ICA 2, TB 951 e CEP 24 com qualquer outro genótipo (Tabela 1) (Fig. 1). Tal estratégia de cruzamentos artificiais também é interessante caso o objetivo seja a ampliação da base genética para esse tipo de caracteres. Entre os caracteres mais visados no melhoramento de plantas estão os relacionados à produtividade, que determinam o desempenho final das constituições genéticas. Para eles, a indicação de cruzamento com intuito de elevar o platô de produtividade deve incluir constituições genéticas com alto RG e dissimilares. Assim destacam-se as combinações entre BRS 177 e/ou Rubi com BR 23, BR 35 e BRS 194 (Tabela 2) (Fig. 2). Em relação à recomendação de cruzamentos com base na análise conjunta dos caracteres, podem ser recomendados os mesmos cruzamentos da análise com base nos caracteres relacionados ao rendimento de grãos e mais a combinação entre RUBI e/ou BRS 177 com a cultivar BRS 208.

Referências

AUTRIQUE, E.; NACHIT, M. M.; MONNEVEUX, P.; TANKSLEY, S. D.; SORREL, M. E. Genetic diversity in durum wheat based on RFLPs, morphological traits, and coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 3, p. 735-742, 1996.

BARBOSA-NETO, J. F.; SORRELLS, M. E.; CISAR, G. Prediction of heterosis in wheat using coefficient of parentage and RFLP-based estimates of genetic relationship. **Genome**, Montreal, v. 39, n. 6, p. 1142-1149, 1996.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; ASSMANN, I. C.; FLOSS, E. L.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V. S.; SILVA, J. G. Implicações do ambiente sobre o rendimento de grãos em aveia e suas influências sobre estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 9, n. 3, p. 207-214, 2003.

BERED, F.; BARBOSA-NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 2, p. 211-215, 2002.

BHATT, G. M. Comparison of various methods of selecting parents for hybridization in common bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Australian Journal of Agricultural Research**, Victoria, v. 24, n. 4, p. 457-464, 1973.

BOHN, M.; FRIEDRICH, H.; MELCHINGER, A. E. Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on basis of RFLPs, AFLPs, SSRs and their

use for predicting variance. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 1, p. 228-237, 1999.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Londres: Longman Group, 1996. 464 p.

JARADAT, A. A. Phenotypic divergence for morphological and yield-related traits among landrace genotypes of durum wheat from Jordam. **Euphytica**, Dordrecht, v. 52, n. 3, p. 155-164, 1991.

KIM, H. S.; WARD, R. W. Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) based on RFLPs and coefficient of parentage. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 94, n. 3/4, p. 472-479, 1997.

MANIFESTO M. M.; SCHLATTER, A. R.; HOPP, H. E.; SUAREZ, E. Y.; DUBCOVSKY, J. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 3, p. 682-690, 2001.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, Chestnut, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

NIENHUIS, J.; SLOCUM M. K.; DEVOS, D. A.; MUREN, R. Genetic similarity among *Brassica oleracea* genotypes as measured by restriction fragment length polymorphisms. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 118, n. 2, p. 298-303, 1993.

PURDY, L. H.; LOEGERING, W. Q.; KONZAK, C. F.; PETERSON, C. J.; ALLAN, R. E. A proposed standard method for illustrating pedigrees of small grains varieties. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 8, p. 405-406, 1968.

REIS, W. P.; VELLO, N. A.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre coeficiente de parentesco e técnicas multivariadas como medidas de dissimilaridade genética de cultivares de trigo. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 2, p. 258-269, 1999.

REUNIÃO DA COMISSÃO SUL-BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 34., 2002, Porto Alegre. **Indicações técnicas da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo - 2002**. Porto Alegre: FEPAGRO, 2002. 79 p.

ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000.



Cerrados

Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento

