

ASSOCIAÇÃO DA DISTÂNCIA GENÉTICA EM TRIGO ESTIMADA A PARTIR DE CARACTERES MORFOLÓGICOS, CARACTERES FENOLÓGICOS E DOS COMPONENTES DO RENDIMENTO DE GRÃOS

ASSOCIATION OF GENETIC DISTANCES IN WHEAT ESTIMATED WITH MORPHOLOGICAL TRAITS, PHENOLOGICAL TRAITS AND GRAIN YIELD COMPONENTS

Eduardo Alano Vieira^{1*}; Fernando Irajá Félix de Carvalho²; Antonio Costa de Oliveira²; Luís Fernando Martins³; Giovani Benin⁴; José Antônio Gonzalez da Silva⁵; Maurício Marini Kopp³; Irineu Hartwig⁶; Marcos Fontoura de Carvalho⁷; Igor Pires Valério³

RESUMO

Em trigo a distância genética vem sendo estimada por meio de caracteres fenotípicos, dados moleculares, coeficiente de parentesco e a combinação destes. Entretanto, não existem estudos comparando a distância estimada a partir de caracteres morfológicos e fenológicos acessados a campo, a partir de caracteres fenotípicos relacionados à produtividade de grãos e a utilização conjunta destes caracteres. O presente trabalho teve como objetivo avaliar e comparar estimativas de distância genética entre 19 genótipos de trigo a partir de dez caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo, de oito caracteres componentes do rendimento de grãos e a partir da análise conjunta destes. Foi estimada a distância de Mahalanobis entre todos os pares de genótipos, a partir dos dez caracteres aferidos a campo, dos oito componentes do rendimento de grãos e da análise conjunta destes. Para a estimativa da significância da correlação entre as três matrizes de distância, foi empregado o teste de Mantel. 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 a matriz de distância baseada na análise conjunta dos caracteres, com correlações de respectivamente, 0,84 e 0,58, para os caracteres aferidos a campo e caracteres relacionados à produtividade. O que torna evidente a necessidade de se efetuar a estimativa da distância genética a partir da análise conjunta destes caracteres para a obtenção de uma distância mais precisa.

Palavras-chave: *Triticum aestivum*; melhoramento genético, divergência genética.

ABSTRACT

In wheat, genetic distances have been estimated with the use of phenotypical traits, molecular data, inbreeding coefficients and their combination. However, there is a lack of studies comparing the genetic distance estimated through morphological and phenological traits assessed in the field, based on phenotypical traits related to grain yield and the combined use of these traits. The present work had as objective to evaluate and compare estimates of genetic distance among 19 wheat genotypes based on ten morphological and phenological traits measured in the field, eight grain yield component traits and a combined analysis of the first two. The Mahalanobis' distance was estimated between all pairs of genotypes from the three sets of data described above. For estimating the correlation significance between those three distance matrices, a Mantel test was employed. The genetic distance matrices obtained for the field and

yield component data failed to show significant association ($r = 0.13$). However, both distance matrices presented significant correlations with the matrix based on the combined analysis showing values of 0.84 and 0.58, respectively, for field and yield component data. This result indicates the need of obtaining genetic distance estimates based on a combined analysis in order to achieve a more precise distance measure.

Key words: *Triticum aestivum*; plant breeding; genetic divergence.

INTRODUÇÃO

A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis. Sua estimativa pode informar a respeito da organização do germoplasma, aumentar a eficiência da amostragem de genótipos, auxiliar 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 escolha correta dos genitores empregados no desenvolvimento da população base, de um programa de melhoramento, pode determinar 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 da obtenção de 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, através da hibridação artificial, a

¹ Eng. Agr., Dr., Pesquisador da Embrapa Cerrados, BR 020 km 18, C.P. 8223, CEP 73310-970, Planaltina-DF. * autor correspondente: E-mail: vieiraea@cpac.embrapa.br

² Eng. Agr., PhD., Professor do Departamento de Fitotecnia (Fitomelhoramento) da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas.

³ Eng. Agr., Estudante do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento) da Universidade Federal de Pelotas.

⁴ Eng. Agr., Dr., Professor do Curso de Agronomia UTFPR - Campus Sudoeste, Pato Branco-PR.

⁵ Eng. Agr., Dr., Professor do Curso de Agronomia UNIJUI- Departamento de Estudos Agrários, Ijuí - RS, E-mail: jose.gonzales@unijui.edu.br

⁶ Eng. Agr., Dr. Syngenta Seeds Ltda. Unidade de Pesquisa & Desenvolvimento, Santa Tereza D'Oeste, PR, E-mail: irineu.hartwig@syngenta.com

⁷ Estudante de Graduação do Curso de Agronomia da Universidade Federal de Pelotas.

combinação desses genes em uma nova constituição genética, superior a ambos os genitores. Neste sentido, BHATT (1973), estudando a cultura do trigo, observou que a variância genética entre linhas $F_{4;5}$ 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 a combinação destes (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 e fenológicos acessados a campo, a partir de caracteres fenotípicos relacionados à produtividade de grãos por unidade de área e a utilização conjunta destes caracteres. Estudos desta natureza possibilitam inferências sobre quais caracteres contribuem mais para a estimativa da distância genética (caracteres mais variáveis), dão uma idéia de como está a variabilidade do germoplasma para os caracteres mais visados no melhoramento vegetal (caracteres relacionados à

produtividade) e auxiliam o pesquisador na hora de definir 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 de distância genética entre dezenove genótipos de trigo a partir de dez caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo, a partir de oito caracteres componentes do rendimento de grãos e a partir da análise conjunta desses dezoito caracteres.

MATERIAL E MÉTODOS

Os 19 genótipos de trigo avaliados no presente 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. /: indica o primeiro cruzamento realizado, //: o segundo e ... /X/: o x-ésimo cruzamento efetuado. Essa metodologia é semelhante à proposta por PURDY et al. (1968).

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

Genótipos	Genealogia
BH 1146	PG 1//Fronteira/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

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 oeste, 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 afileamento. 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 (COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 2002).

Foram avaliados 18 caracteres, segundo os procedimentos apresentados por SCHEEREN (1984), sendo

dez morfológicos e fenológicos aferidos a campo: i) acamamento em % (ACAM); ii) número de afileiros férteis por metro linear (AFML); iii) estatura de planta em cm (EP); iv) largura da lâmina da folha bandeira em cm (LFB); v) comprimento lâmina da folha bandeira em cm (CFB); vi) comprimento da bainha em cm (CB); vii) comprimento do pedúnculo em cm (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 cm (CE); xii) número de espiguetas (NE); xiii) peso de espiga em g (PE); xiv) número de grãos por espiga (NG); xv) número de grãos por espiguetas (NG/NE); xvi) peso de mil grãos em g (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 às

médias das variáveis foram comparadas pelo teste de Scott e Knott (SCOTT & KNOTT, 1974), a 5% de probabilidade de erro. Posteriormente, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de genótipos, a partir das médias padronizadas: i) dos dez caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo; ii) dos oito componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório e; iii) da análise conjunta dos dezoito caracteres. Desta forma foram obtidas três matrizes de distâncias de Mahalanobis (D^2). 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 1000 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. Os resultados evidenciaram também a existência de uma ampla variação para a maioria dos caracteres aferidos, como pode ser observado através da comparação entre as maiores e as menores médias de cada um dos caracteres (Tabelas 2 e 3). A partir do exame dos maiores e dos menores valores de cada um dos caracteres aferidos foi constatado que alguns genótipos apresentam médias situadas nos limites superiores e inferiores para um grande número de caracteres. Neste sentido, merecem destaque os genótipos SONORA 64 que evidenciou valores de média no limite inferior de variação para nove dentre os 18 caracteres avaliados, sendo cinco caracteres relacionados à produtividade de grãos (PE, NG, NG/NE, PH e RG; Tabela 3), dois caracteres morfológicos (LFB e CB) e dois fenológicos (DEF e DEM; Tabela 2). As constituições genéticas TB 951 e ICA 2 apresentaram sete e cinco caracteres situados nos limites de variação dos caracteres, respectivamente (Tabelas 2 e 3).

Tabela 2 - Comparação de médias e resumo das análises de variância univariada dos caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo porcentagem de acamamento (ACAM), número de afilhos férteis por metro linear (AFML), 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) e dias do florescimento a maturação (DFM) em dezenove cultivares de trigo. As médias apresentadas nas caixas e sublinhadas são as maiores e as menores médias para cada caráter, respectivamente. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

Genótipos	Caracteres																			
	ACAM (%)	AFML (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
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
CV (%)																				
FM (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	

[#]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.

Tabela 3 - Comparação de médias e resumo das análises de variância univariada dos componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório, 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) em dezenove cultivares de trigo. As médias apresentadas nas caixas e sublinhadas são as maiores e as menores médias para cada caráter, respectivamente. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

Genótipos	Caracteres															
	CE (cm)		NE (unidades)		PE (g)		NG (unidades)		NG/NE (unidades)		PMG (g)		PH (kg hL ⁻¹)		RG (kg ha ⁻¹)	
BH 1146	8,74	c	<u>14</u>	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	<u>4809</u>	a
BRS 194	<u>7,57</u>	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	<u>256</u>	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	<u>2,66</u>	a	46	c	2,85	a	180	c	79	b	3689	c
PF 950354	10,87	b	17	b	2,20	a	43	c	2,50	a	191	c	77	c	2783	e
RUBI	8,39	c	16	c	2,10	a	38	d	2,45	a	200	c	<u>81</u>	a	4550	a
SONORA 64	8,54	c	15	c	<u>1,37</u>	b	27	e	<u>1,80</u>	b	180	c	<u>67</u>	e	<u>1577</u>	f
TB 951	<u>11,83</u>	a	<u>19</u>	a	2,65	a	<u>55</u>	a	2,83	a	177	c	75	c	2457	e
ICA 1	8,45	c	16	c	2,02	a	41	c	2,50	a	170	c	77	c	3639	c
ICA 2	8,69	c	16	c	2,19	a	49	b	<u>2,98</u>	a	<u>162</u>	c	75	c	2561	e
V (GL)																
QM _{Genótipos} (18)	3,06*		4,14*		0,28*		137,56*		0,29*		61,07*		37,51*		2026364,32*	
QM _{Resíduo} (36)	0,35		0,70		0,09		16,72		0,05		8,02		1,64		95333,85	
Média	9,16		16,58		2,13		41,02		2,47		195		75,52		3467,41	
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.

Dentre 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 4809 a 1577 kg ha⁻¹, para os genótipos BRS 177 e Sonora 64, respectivamente (Tabela 3). Em relação a cultivar Sonora 64, REIS et al. (1999) haviam reportado uma produtividade de 2834 kg ha⁻¹ (em um experimento conduzido em Lavras -MG), produtividade 80% superior a encontrada no presente trabalho, o que evidencia a influência da ambiente na manifestação deste caráter e a necessidade de avaliar os possíveis genitores no ambiente em que se deseja efetuar o melhoramento genético. No presente estudo, a cultivar BH 1146 revelou uma produtividade de 3106 kg ha⁻¹ ao passo que no experimento conduzido por REIS et al. (1999) esta cultivar apresentou uma produtividade de 2779 kg ha⁻¹; novamente é detectada 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 Lavras-MG e foi capaz de aumentar a produtividade da cultivar BH 1146. BENIN et al. (2003) observou que o aumento no rendimento de grãos está intimamente relacionado com a redução dos níveis de estresse causados por fatores de ambiente e classificou o município de Capão do Leão - RS como instável e desfavorável ao desenvolvimento da aveia, concordando com os resultados deste trabalho.

Os caracteres que apresentaram o menor número de classes distintas no teste de comparação de médias (duas classes), foram o caráter morfológico aferido antes da colheita número de afilhos férteis por metro linear (AFML), os fenológicos dias da emergência ao florescimento (DEF) e dias do florescimento a 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)

Em relação à distância de Mahalanobis (D²) estimada com base nos caracteres morfológicos e fenológicos 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 que neste grupo foram alocados todos os genótipos oriundos da Embrapa Trigo de Passo Fundo (BR, BRS e PF; Figura 1), o que evidencia que de uma maneira geral os genótipos desta instituição apresentam uma uniformidade para estes caracteres. 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.

A distância de Mahalanobis (D²) estimada com base nos caracteres relacionados à produtividade, aferidos em laboratório após a colheita, revelaram 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 partição 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 (Figura 2). De forma contrária ao observado na figura obtida com base nos caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo (Figura 1), o agrupamento dos genótipos com base nestes caracteres não reuniu em um mesmo grupo as constituições genéticas oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Trigo de Passo Fundo – RS. 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.

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 que 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 Figura 2, não foi observado o agrupamento dos genótipos oriundos do programa de melhoramento da Embrapa trigo de Passo Fundo – RS em um mesmo grupo (Figura 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.

Estes resultados apontam para a existência de uma certa uniformidade entre os genótipos da Embrapa Trigo de Passo Fundo – RS, em relação os caracteres morfológicos aferidos a campo; o que é um indicativo da existência de um padrão bem definido de seleção das constituições genéticas para estes caracteres, na referida instituição.

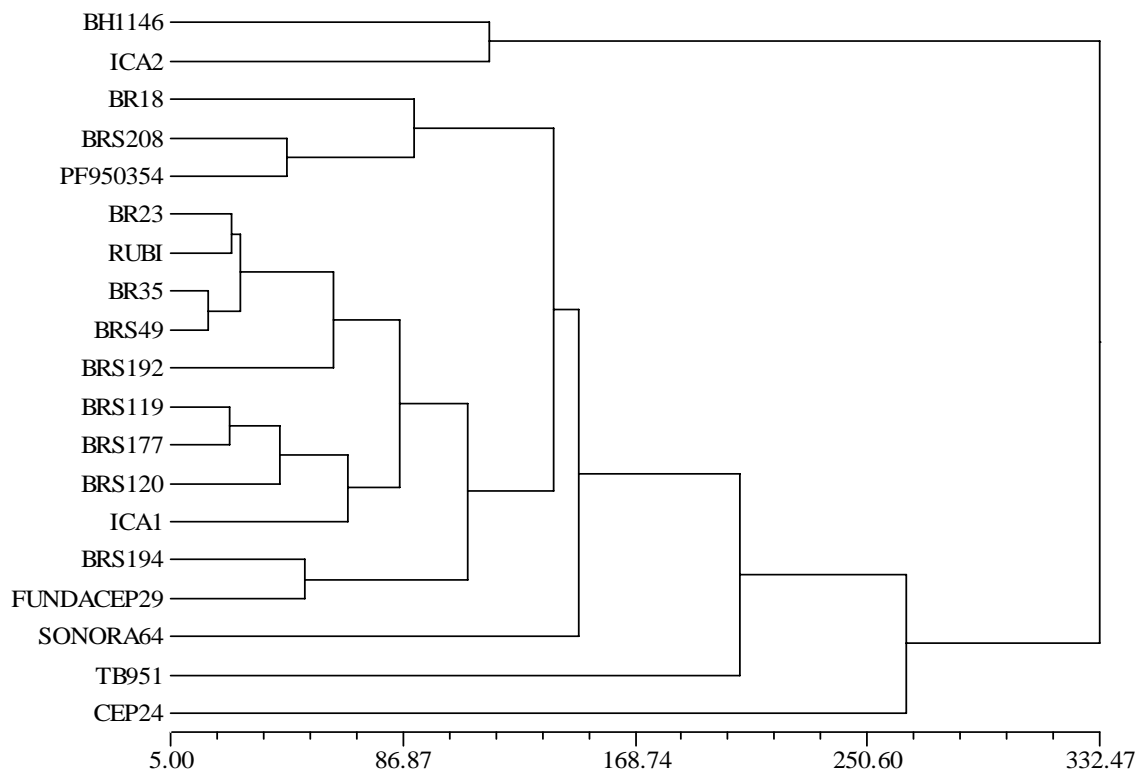


Figura 1 - Dendrograma resultante da análise de agrupamento de 19 genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base nos caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,80. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

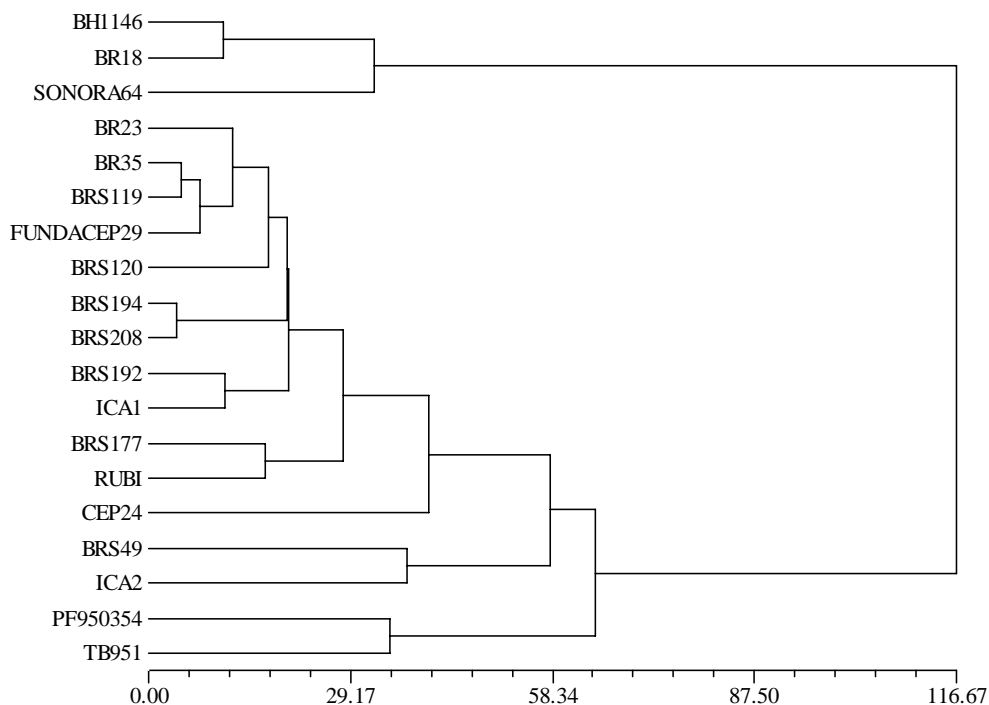


Figura 2 - Dendrograma resultante da análise de agrupamento de genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base nos componentes de rendimento de grãos aferidos em laboratório) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,80. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

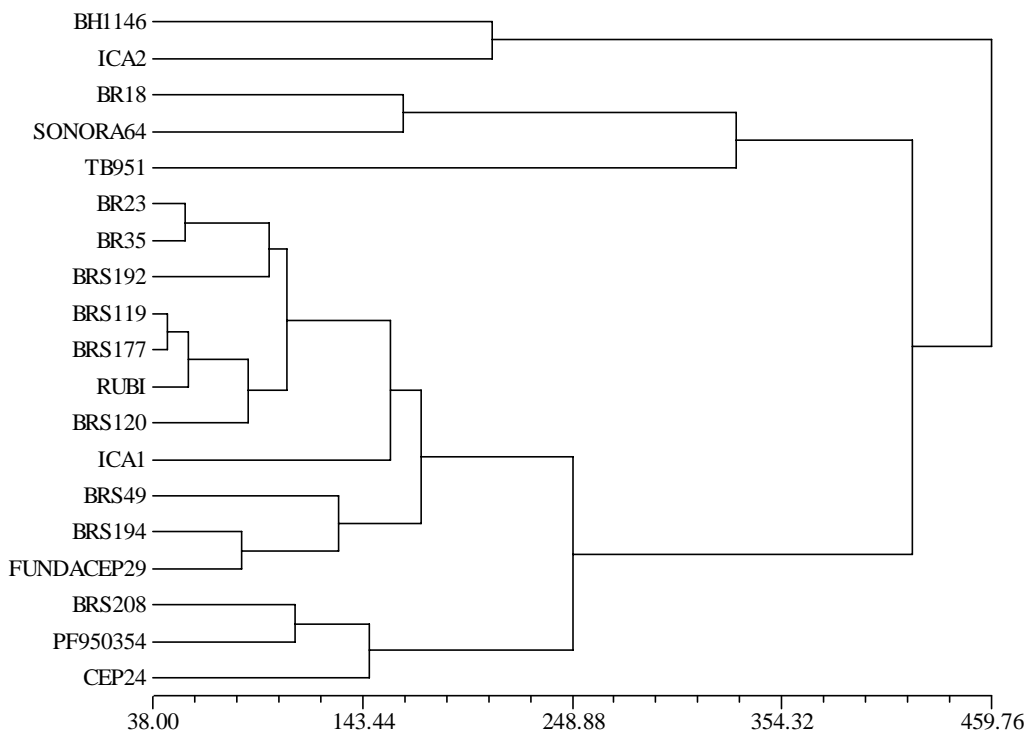


Figura 3 - Dendrograma resultante da análise de agrupamento de genótipos de trigo, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (com base na análise conjunta dos caracteres aferidos a campo e em laboratório) como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,82. FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

As matrizes de distância genética entre os genótipos com base nos caracteres morfológicos e fenológicos 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). Esta ausência de associação é um indicativo de que a divergência genética estimada com estes dois tipos de caracteres acessa 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 a matriz de distância baseada na análise conjunta dos caracteres, com correlações de 0,84 e 0,58 para os caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo e caracteres relacionados à produtividade, respectivamente (Tabela 4). A correlação entre os caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo apresentou correlação com a análise conjunta dos caracteres superior aos caracteres relativos a produtividade, o que pode ser um indicativo da existência de uma maior variação das constituições genéticas para tais caracteres, uma vez que estes 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 e fenológicos aferidos a campo (MD_{CMF}), nos componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório (MD_{CRP}) e na análise conjunta dos caracteres aferidos a campo e em laboratório ($MD_{CMF+CRP}$). FAEM/UFPEL, Pelotas, 2004.

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

*Correlação significativa a 1% de probabilidade de erro, pelo teste de Mantel com 1000 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; Figura 1). Esta estratégia de cruzamentos artificiais também é interessante caso o objetivo seja a ampliação da base genética para este tipo de caracteres. Dentre os caracteres mais visados no melhoramento de plantas estão os relacionados à produtividade, que determinam o desempenho final das constituições genéticas. Para tais caracteres, a indicação de cruzamento com intuito de elevar o platô de produtividade deve incluir constituições genéticas com alto RG e dissimilares; desta forma são destacadas as combinações entre BRS 177 e/ou Rubi com BR 23, BR 35 e BRS 194 (Tabela 2; Figura 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.

CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os genótipos de trigo

avaliados tanto para os caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo quanto para os componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório.

Para uma estimativa mais precisa da distância genética em trigo é necessário considerar conjuntamente os caracteres morfológicos e fenológicos aferidos a campo e os componentes do rendimento de grãos aferidos em laboratório.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a FAPERGS, CNPq e CAPES pelos auxílios recebidos e bolsas de pós-graduação e produtividade em pesquisa.

REFERÊNCIAS

- AUTRIQUE, E.; NACHIT, M.M.; MONNEVEUX, P. et al. 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. et al. 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**, 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.
- COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. **Recomendações da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo**. Passo Fundo: Editora EMBRAPA-CNPT, 2002. 74p.
- CRUZ, C.D. **Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora da UFV, 2001. 648p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Londres: Longman Group, 1996. 464p.
- 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. et al. 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. et al. 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. et al. 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. et al. Associação entre coeficiente de parentesco e técnicas multivariadas como medidas de dissimilaridade genética de cultivares de trigo. **Ciência e Agrotécologia**, Lavras, v.23, n.2, p.258-269, 1999.

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

SCHEEREN, P.L. **Instruções para utilização de descritores de trigo (*Triticum* sp.) e triticale (*Triticum* sp.)**. Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 1984.32p.(EMBRAPA-CNPT. Documentos, 9).

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.