

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE AGRUPAMENTO NA REPRESENTAÇÃO DA DISTÂNCIA MORFOLÓGICA ENTRE GENÓTIPOS DE TRIGO

COMPARISON OF CLUSTERING METHODS REPRESENTING MORPHOLOGICAL DISTANCES BETWEEN WHEAT GENOTYPES

Ivandro Bertan¹; Fernando Irajá Félix de Carvalho²; Antonio Costa de Oliveira²; Eduardo Alano Vieira³; Irineu Hartwig¹; José Antonio Gonzalez da Silva¹; Douglas André Mallmann Shimidt⁴; Igor Pires Valério⁴; Cyrano Cardoso Busato⁵; Guilherme Ribeiro⁵

RESUMO

O objetivo do estudo foi avaliar a eficiência de três diferentes métodos de agrupamento na representação da distância genética estimada por meio de caracteres morfológicos entre 19 genótipos de trigo e avaliar um índice de seleção de genitores com base na distância em relação ao ideótipo. O experimento foi conduzido nas safras agrícolas dos anos de 2003 e 2004, na área experimental da UFPEL, em Capão do Leão - RS. O delineamento experimental empregado foi o de blocos completos ao acaso com três repetições. Os dados aferidos foram submetidos à análise de variância, tendo sido estimada a matriz de distâncias de Mahalanobis entre todos os genótipos e com base na matriz de distâncias foram avaliados os métodos de agrupamento propostos por Tocher, hierárquico da distância média e projeção bidimensional da escala multidimensional. Os resultados evidenciaram elevada concordância entre os métodos de agrupamento da distância média e escala multidimensional. O agrupamento de Tocher foi similar à distância média e escala multidimensional na representação dos grupos de genótipos mais divergentes. Os genótipos de distância genética intermediária com base nos métodos de agrupamentos estudados, foram os de menor distância em relação ao ideótipo. Desta forma, a utilização conjunta dos três métodos de agrupamento e o índice de seleção com base no ideótipo, possibilita a realização de inferências mais seguras daqueles genótipos que devem ser empregados genitores em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: distância genética, estatísticas multivariadas, *Triticum aestivum* L.

ABSTRACT

The aim of the study was to evaluate the efficiency of three methods of cluster analysis in representing the estimated genetic distance through morphological traits among 19 genotypes of wheat and to evaluate a selection index of parents based on the distance in relation to the ideotype. The experiment was carried out in 2003 and 2004, at the UFPEL experimental area, in Capão do Leão, Rio Grande do Sul state. A randomized block design with three replications was used. The measured data were subjected to variance analysis. The distance matrix of Mahalanobis among all genotypes was estimated. The cluster methods proposed by Tocher, hierarchical of the average distance and bidimensional projection of multidimensional scale, were evaluated based on the distance matrix. The results showed high agreement between the average distance cluster methods and the dimensional scale. The cluster of Tocher was similar to the average distance and multidimensional scale in displaying the most divergent

genotype groups. The intermediate genetic distance genotypes based on the studied cluster methods, were the ones closer to the ideotype. In this way, the combined use of the three cluster methods and the selection index based on the ideotype enables more reliable statements about the genotypes that should be used as parents in genetic breeding programs.

Key words: genetic distance, multivariate statistics, *Triticum aestivum* L.

INTRODUÇÃO

A utilização da distância genética por meio de caracteres fenotípicos representa uma técnica auxiliar de grande importância nos programas de melhoramento genético de plantas, fornecendo informações úteis na caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos disponíveis. O emprego de caracteres morfológicos em associação a técnicas multivariadas, tem sido amplamente utilizada na quantificação da distância genética, sendo encontrado exemplos em culturas anuais como trigo (BARBOSA NETO et al., 1996; REIS et al., 1999; MÁRIC et al., 2004; ROY et al., 2004), algodão (MARANI, 1963; MARANI & AVIELI, 1973), aveia (KUREK et al., 2002; BENIN et al., 2003; MARCHIORO et al., 2003; LORENCETTI, 2004), milho (GODSHALK et al., 1990; MELCHINGER et al., 1990; BOPPENMAIER et al., 1993), e também nas áreas de plantas daninhas (VIDAL et al., 2005), frutíferas (MATTOS JUNIOR et al., 1999), florestais (LOPES et al., 2004), humano-florestal (SANT'ANNA & MALINOVSKI, 2002), zoneamento agrícola (MELO et al., 2004), análises químicas (MOITA NETO & MOITA, 1998), e animal (ABREU et al., 2002).

A análise de divergência genética em qualquer espécie vegetal pode ser dividida de forma simplificada em seis fases: i) escolha dos genótipos a serem analisados; ii) obtenção e sistematização dos dados; iii) definição da medida de similaridade ou dissimilaridade a ser estimada; iv) escolha do método de agrupamento e/ou de dispersão gráfica a ser aplicado; v) verificação do grau de distorção provocado pelo método de agrupamento ou dispersão gráfica empregado e vi) interpretação dos resultados (HAIR et al., 1992; MANLY, 1994; CRUZ & CARNEIRO, 2003). Para que o resultado da análise

¹ Eng. Agrº (MSc); estudante do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento) em nível de doutorado, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas (FAEM/UFPEL).

² Eng. Agrº; (Ph.D), prof. do Depto de Fitotecnia (Fitomelhoramento) da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas (FAEM/UFPEL).

³ Eng. Agrº (Dr.); pesquisador da Embrapa Cerrados, BR 020 km 18, CP: 8223, CEP: 73310-970, Planaltina DF.

⁴ Eng. Agrº; estudante do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitomelhoramento) em nível de mestrado, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas (FAEM/UFPEL).

⁵ Estudante do Curso de Agronomia, estagiário no departamento de Fitomelhoramento da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas (FAEM/UFPEL).

se torne eficiente é necessário que sejam cumpridas rigorosamente cada uma destas fases.

Entre os procedimentos estatísticos mais utilizados para estimar a distância genética com base em caracteres morfológicos, é possível destacar a distância generalizada de Mahalanobis D^2 e a distância Euclidiana (CRUZ & REGAZZI, 2001), sendo que a primeira oferece a vantagem em relação a segunda por levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados, porém, necessita de ensaios experimentais com repetições. De posse das estimativas de distância entre cada par de genótipo estudado, os dados são apresentados em uma matriz simétrica, e a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica.

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Para este caso, CRUZ & REGAZZI (2001) apresentam três formas distintas de representar a estrutura de agrupamento com base na distância entre os pares de genótipos: i) utilizando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, denominado método da distância média (UPGMA); ii) utilizando a menor distância existente entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais próximo ou da ligação simples e iii) utilizando a maior distância encontrada entre um par de genótipos, denominado de método do vizinho mais distante ou ligação completa. Cabe ao pesquisador adotar aquela que melhor represente a estrutura de agrupamento esperada com base no seu conjunto de dados. Os métodos de otimização, por sua vez, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, diferindo dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (CRUZ & REGAZZI, 2001). No método de otimização proposto por Tocher, é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO, 1952).

Desta forma, os objetivos do presente trabalho foram: i) estimar a distância genética entre 19 genótipos de trigo por meio de caracteres morfológicos; ii) estimar a distância entre os 19 genótipos de trigo e o ideótipo criado a partir das melhores médias obtidas neste conjunto de genótipos; iii) comparar os métodos de agrupamento propostos por Tocher, hierárquico da distância média (UPGMA) e através da projeção bidimensional da escala multidimensional (MDS); iv) apontar combinações híbridas promissoras para a obtenção de populações segregantes com elevado potencial de produtividade de grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

No presente estudo foram avaliados 19 genótipos de trigo, sendo 17 cultivares (BH1146, BR18, BR23, BR35, BRS49, BRS119, BRS120, BRS177, BRS194, BRS208, CEP24, CEP29, BRS192, RUBI, SONORA64, ICA1 e ICA2) e duas linhagens (PF950354 e TB951).

Para a mensuração dos caracteres morfológicos foram conduzidos experimentos nas safras agrícolas de 2003 e

2004, na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas (CGF/UFPel), no município de Capão do Leão-RS. O município está situado a $31^{\circ} 52' 00''$ de latitude sul e $52^{\circ} 21' 24''$ de longitude oeste, a uma altitude de 13,24 m. O delineamento experimental empregado foi o de blocos completos casualizados com três repetições, sendo as parcelas compostas por cinco fileiras de 5 m com espaçamento de 0,20 m entre filas. 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 17 caracteres morfológicos, segundo os procedimentos apresentados por SCHEEREN (1984): i) dias da emergência ao florescimento (DEF); ii) dias da emergência a maturação (DEM); iii) dias do florescimento a maturação (DFM), iv) estatura de planta em cm (EP); v) número de afilhos férteis por metro linear (AFML); vi) peso de mil grãos em g (PMG); vii) peso do hectolitro em kg hL^{-1} (PH); viii) rendimento de grãos em kg ha^{-1} (RG); por meio da avaliação de 25 plantas por parcela, foram estimados: ix) largura da lâmina da folha bandeira em cm (LFB); x) comprimento da lâmina da folha bandeira em cm (CFB); xi) comprimento da bainha da folha bandeira em cm (CB); xii) comprimento do pedúnculo em cm (CP) e por meio da avaliação de 25 espigas colhidas aleatoriamente em cada parcela, foram estimados: xiii) comprimento da espiga em cm (CE); xiv) número de espiguetas por espiga (NE); xv) peso de espiga em g (PE); xvi) número de grãos por espiga (NG) e xvii) número de grãos por espiguetas (NG/NE).

Os dados dos caracteres morfológicos foram submetidos à análise de variância conjunta e testada a significância pelo teste F a 1% de probabilidade ($P < 0,01$), considerando os efeitos de genótipos e dos anos como fixos. Posteriormente, com base nas médias dos caracteres avaliados nos dois anos, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de genótipos, por meio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Com base na matriz de distância genética, foi empregado: i) o método de agrupamento de Tocher utilizando o programa computacional Genes (CRUZ, 2001); ii) construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento da distância média (UPGMA) sendo que o ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética (r) (SOKAL & ROHLF, 1962), por meio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000); e iii) submetida à análise de escala multidimensional (MDS), para projeção das distâncias em um plano bidimensional. A eficiência desta projeção das distâncias em um plano bidimensional foi estimada a partir da correlação entre as distâncias originais (D_{oij}) e as representadas nos gráficos (D_{gij}) e estimado também o nível de estresse (S), que mede o ajuste entre as distâncias na configuração bidimensional (D_{gij}) e a distância original (D_{oij}), da seguinte maneira:

$$S = 100 \sqrt{\frac{\sum_{i < j} \sum_j (D_{oij} - D_{gij})^2}{\sum_{i < j} \sum_j D_{oij}^2}}$$

Estas análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000).

No intuito de auxiliar a recomendação de combinações híbridas baseadas na magnitude da distância genética, foi empregado um índice em relação ao ideótipo (genótipo ideal proposto pelo melhorista) com base nos melhores comportamentos verificados em cada caráter avaliado no presente estudo. Este ideótipo foi definido por meio das maiores médias para os caracteres DFM, AFML, PMG, PH, RG, LFB, CFB, CB, CE, NE, PE, NG e NG/NE; menores médias para os caracteres DEF e DEM e mais próximo da média para EP e CP. Em seguida, foram estimadas as distâncias de Mahalanobis (D^2), a partir de dados padronizados, entre os 19 genótipos trabalhados e o ideótipo, com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2001). Desta forma, os genótipos foram classificados de acordo com a distância que apresentaram em relação ao ideótipo, sendo considerados os melhores genótipos aqueles que apresentaram as menores distâncias em relação ao ideótipo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 consta o resumo da análise de variância dos 19 genótipos considerados no estudo. Mediante análise dos quadrados médios para as fontes de variação genótipo, ano e interação genótipo x ano, é possível constatar diferenças significativas ($P < 0,01$) para a maioria das variáveis avaliadas, exceto para largura da lâmina da folha bandeira e número de espiguetas por espiga na fonte de variação de genótipo; dias da floração a maturação, largura da lâmina da folha bandeira, número de espiguetas por espiga, comprimento de espigas e peso de mil grãos para a fonte de variação de ano; largura da lâmina da folha bandeira, número de espiguetas por espiga e comprimento de espiga para a interação de genótipo x ano. A significância do efeito de genótipos é um indicativo de que as constituições genéticas são divergentes para os caracteres morfológicos avaliados, fator essencial para a realização de estudos de distância genética. Já a significância da interação genótipo x ano revela a necessidade da avaliação dos genótipos por mais que um ano, sendo tão mais segura quanto maior o número de anos avaliados. Também é possível verificar uma elevada precisão experimental do trabalho, uma vez que os coeficientes de variação foram de baixa magnitude, variando de 2,01% no caráter de menor valor a 13,03% no de maior valor, sendo estes o peso do hectolitro e peso de espiga, respectivamente.

Ainda na Tabela 1, a média de cada variável mensurada é um indicativo do comportamento médio do conjunto de genótipos estudados, fornecendo um parâmetro comparativo para o desempenho dos trigos brasileiros. Caracteres como o rendimento de grãos, cuja média dos genótipos nos dois anos avaliados foi de 3068,94 Kg ha⁻¹, se mostrou superior a média nacional de produtividade constatada para os mesmos anos (2397,00 Kg ha⁻¹ e 2121,00 Kg ha⁻¹ respectivamente para os anos de 2003 e 2004) reportada pela CSBPT (COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO, 2002 e 2004). Para outros caracteres de elevada importância para o trigo, como ciclo, estatura de planta, peso de mil grãos e peso do hectolitro, o desempenho dos genótipos avaliados foi similar às médias nacionais, evidenciando que a amostragem de genótipos representa o biótipo dos trigos modernos cultivados no país. Os valores da amplitude de variação, que representam a diferença entre o menor e o maior valor observado em cada variável, e os respectivos valores da

diferença mínima significativa (DMS), também são indicativos da presença de variabilidade genética quando analisados em relação ao desempenho médio dos genótipos testados.

Na Tabela 2 pode ser visualizado que o método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 19 genótipos em cinco grupos distintos. Este método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Além disso, é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as intergrupos (CRUZ & REGAZZI, 2001). Desta forma, a formação destes grupos representa valiosa informação na escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento, pois as novas populações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas distâncias e no potencial por si só dos genitores.

Pode ser verificado que o grupo I de Tocher reuniu o maior número de genótipos (BRS 119, BRS 120, BRS 177, BRS 192, BRS 194, BRS 208, BR 23, BR 35, BRS 49, CEP 24, ICA 1, PF 950354 e RUBI), sugerindo que estes fazem parte de um mesmo grupo heterótico. Caracteres agrônômicos distintos deste primeiro grupo são esperados nos genótipos CEP29 e ICA2 (grupo II), BR18 e TB951 (grupo III), SONORA64 (grupo IV) e BH1146 (grupo V), pelo fato de terem formado grupos isolados e incluindo apenas dois genótipos (Tabela 2). Contudo, além de serem reunidos em grupos distintos, é necessário que os genótipos destinados a hibridações associem elevado potencial de produtividade. Atendido este requisito, existe grande possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, devido à ocorrência de heterose e a ação de genes complementares (FALCONER & MACKAY, 1996; CARVALHO et al., 2001); devido à expectativa de que genótipos com elevado rendimento de grãos, porém distantes geneticamente, apresentem locos distintos controlando o caráter e por isso tenham boa capacidade de combinação. A utilização do método de agrupamento de Tocher foi empregada com êxito na pesquisa animal, onde se comprovou, por meio do desempenho dos híbridos de distintas linhagens de frangos de corte, que diferentes grupos de Tocher foram os mais heteróticos no desempenho das progênes (ABREU et al., 2002).

Quando a distância genética foi apresentada pelo método de agrupamento UPGMA, os genótipos menos distantes foram BRS119 e BRS208 e aqueles que mais distanciaram em relação aos demais foram Sonora64, TB951 e BR18 (Figura 1). O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma ($r=0,80$), revelou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (ROHLF, 2000), possibilitando a realização de inferências por meio da avaliação visual da Figura 1. Neste tipo de representação gráfica, a eficiência com que a matriz original dos dados de distância é representada na figura implica diretamente na possibilidade de sua utilização. Existem casos em que a estrutura de agrupamento dos genótipos avaliados não atende a pressuposição hierárquica, por consequência, outra forma de representação deverá ser adotada (BUSSAB et al., 1990), mesmo que sejam os mais recomendados para aplicação em dados biológicos (EVERITT, 1993). Em termos de melhoramento genético, estudos indicam que o método hierárquico da distância média (UPGMA) é superior ao vizinho mais próximo e mais distante quando comparados com informações conhecidas da genealogia (SNEATH & SOKAL, 1973; ROMESBURG, 1984; DUDLEY, 1994).

Tabela 1 - Resumo das análises de variância conjunta para os caracteres utilizados para estimar a distância genética entre 19 cultivares de trigo avaliados neste estudo, CGF/UFPEL, Pelotas, 2005.

FV (GL)	Quadrado Médio (QM)																
	DEF	DEM	DFM	EP	AFML	LFB	CFB	CB	CP	RG	PH	NE	CE	PE	NG	NG NE ⁻¹	PMG
QM Genótipos (18)	447,01*	556,28*	163,32*	658,46*	1114,14*	0,13	48,89*	15,55*	74,33*	2195747,47*	36,34*	7,53	5,42*	0,32*	141,17*	0,22*	70,15*
QM Anos (1)	261,63*	270,97*	122,69	342,73*	1087,45*	0,09	50,69*	86,74*	272,67*	1801066,67*	24,65*	13,54	3,84	1,39*	597,34*	0,88*	4,13
QM G X A (18)	407,35*	699,57*	159,79*	56,52*	252,35*	0,03	7,62*	2,82*	10,42*	604834,83*	15,59*	1,15	0,28	0,16*	52,83*	0,17*	27,33*
QM resíduo (72)	19,51	11,94	22,64	17,39	142,92	0,01	2,74	0,50	2,89	84168,23	2,28	0,70	0,33	0,07	17,94	0,05	8,94
CV (%)	6,70	3,14	10,78	4,46	13,50	7,46	7,73	3,99	9,23	9,45	2,01	5,15	6,39	13,03	10,94	9,39	7,70
Média	65,94	110,10	44,14	93,46	88,53	1,34	21,42	17,73	18,41	3068,94	75,10	16,24	8,99	2,03	38,73	2,38	38,84
Amplitude	34,84	42,17	19,83	40,04	48,16	0,72	8,94	5,78	13,53	2461,97	9,63	3,97	3,87	1,03	20,16	0,69	10,37
DMS	7,00	5,30	7,55	6,73	19,33	0,15	2,04	1,12	2,39	471,40	2,37	1,36	0,93	0,43	6,67	0,36	4,49

FV - fontes de variação, GL - graus de liberdade, CV - coeficiente de variação, DMS - diferença mínima significativa, DEF - dias da emergência ao florescimento, DEM - dias da emergência a maturação, DFM - dias do florescimento a maturação, EP - estatura de planta, AFML - número de afixos férteis por metro linear, LFB - largura da lâmina da folha bandeira, CFB - comprimento da lâmina da folha bandeira, CB - comprimento da bainha, CP - comprimento do pedúnculo, RG - rendimento de grão, PH - peso do hectolitro, NE - número de espiguetas por espiga, CE - comprimento da espiga, PE - peso da espiga, NG - número de grãos por espiga, NG NE⁻¹ - número de grãos por espiguetas, PMG - peso de mil grãos; * significativo pelo teste F a 1% de probabilidade (P<0,01).

O agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA se apresentou similar ao método de Tocher quando da formação de grupos entre genótipos mais divergentes. A concordância entre estas duas técnicas pode ser constatada pelo fato dos genótipos pertencentes aos grupos II, III, IV e V de Tocher (CEP29, ICA2, BR18, TB951 e SONORA64) terem sido os mesmos dos agrupamentos de maior distância pelo UPGMA, com exceção do genótipo BH1146 (Tabela 2 e Figura 1). Porém, no que se refere as menores distâncias entre genótipos, o agrupamento do Tocher proporcionou a formação de somente um grupo constituído por vários genótipos, enquanto que no método UPGMA a apresentação das distâncias no dendrograma possibilita a visualização de agrupamentos de genótipos mais similares. Este fato também pode ser explicado em função do agrupamento de Tocher preconizar sempre as maiores distâncias entre grupos em relação à distância dentro dos grupos, sendo considerado um método exclusivo na formação dos grupos de genótipos. O emprego da UPGMA (árvores) na representação das distâncias em estudos multivariados é adotado em grande escala pelos pesquisadores das diferentes áreas de atuação.

Este método, juntamente com as projeções bidimensionais, podem ser considerados como de maior verificação em publicações de resultados de pesquisa em periódicos. As árvores genealógicas também são adotadas com êxito nos estudos filogenéticos, nas áreas humana, vegetal e animal.

Tabela 2 - Agrupamento dos 19 genótipos de trigo pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética. CGF/UFPEL, Pelotas, 2005.

Grupos	Genótipos
I	BRS 119, BRS 120, BRS 177, BRS 192, BRS 194, BRS 208, BR 23, BR 35, BRS 49, CEP 24, ICA 1, PF 950354 e RUBI.
II	CEP 29 e ICA 2
III	BR 18 e TB 951
IV	Sonora 64
V	BH 1146

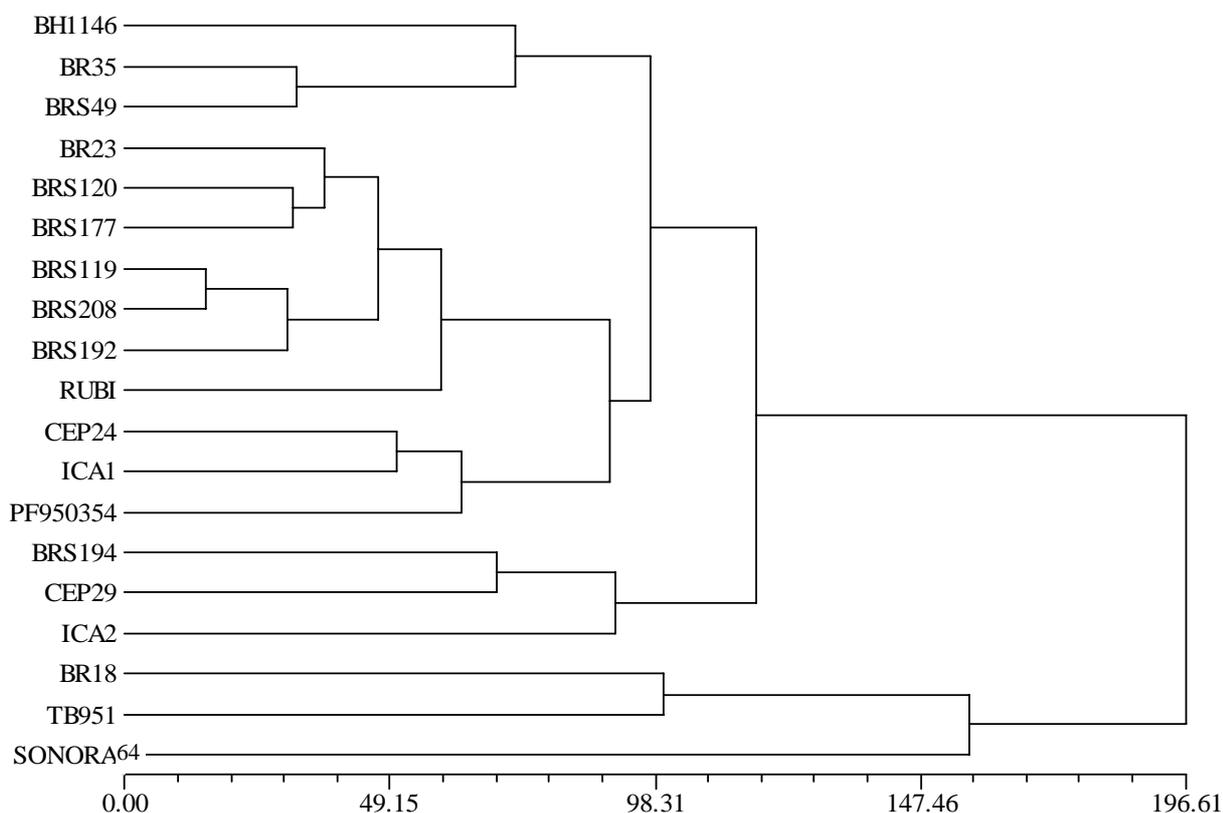


Figura 1 - Dendrograma resultante da análise de 19 genótipos de trigo (com base em 17 caracteres fenotípicos), obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,80. CGF/UFPEL, Pelotas, 2005.

Na representação das distâncias em gráfico bidimensional da escala multidimensional (MDS) os genótipos que mais distanciaram dos demais foram Sonora64, TB951, seguido por ICA2 e BR18 (Figura 2). A maior distância verificada entre dois genótipos foi determinada pelo Sonora64 e BH1146. Este resultado demonstra concordância entre esta técnica de agrupamento e a UPGMA (Figuras 1 e 2), sendo

que o mesmo pode ser constatado na comparação com o agrupamento de Tocher. O coeficiente de correlação cofenética do gráfico (r=0,94) mostrou um ótimo ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (ROHLF, 2000), o que de imediato evidencia elevada confiabilidade na realização de inferências por meio da avaliação visual da Figura 2. Entretanto, é necessário ressaltar

que o nível de estresse (S) provocado pelo agrupamento foi de 14% (Figura 2), valor este que está acima do grau máximo de aceitabilidade da técnica que é de 10% (KRUSKAL, 1964). Em geral, os procedimentos de agrupamento comparam todos os pares de indivíduos através de medidas de similaridade ou de dissimilaridade, porém, a análise de MDS se diferencia das demais por procurar o maior ajuste entre a matriz original de distâncias por meio de uma análise de regressão. O melhor

ajuste é então comparado com a distância original pela função estresse. Desta forma, apesar da técnica MDS apresentar coeficiente cofenético superior (0,94) em relação ao UPGMA (0,80), o valor de estresse pouco acima do aceitável sugere a hipótese de que ambas as técnicas possuem eficiência similar em preservar as reais distâncias entre os pares de genótipos avaliados.

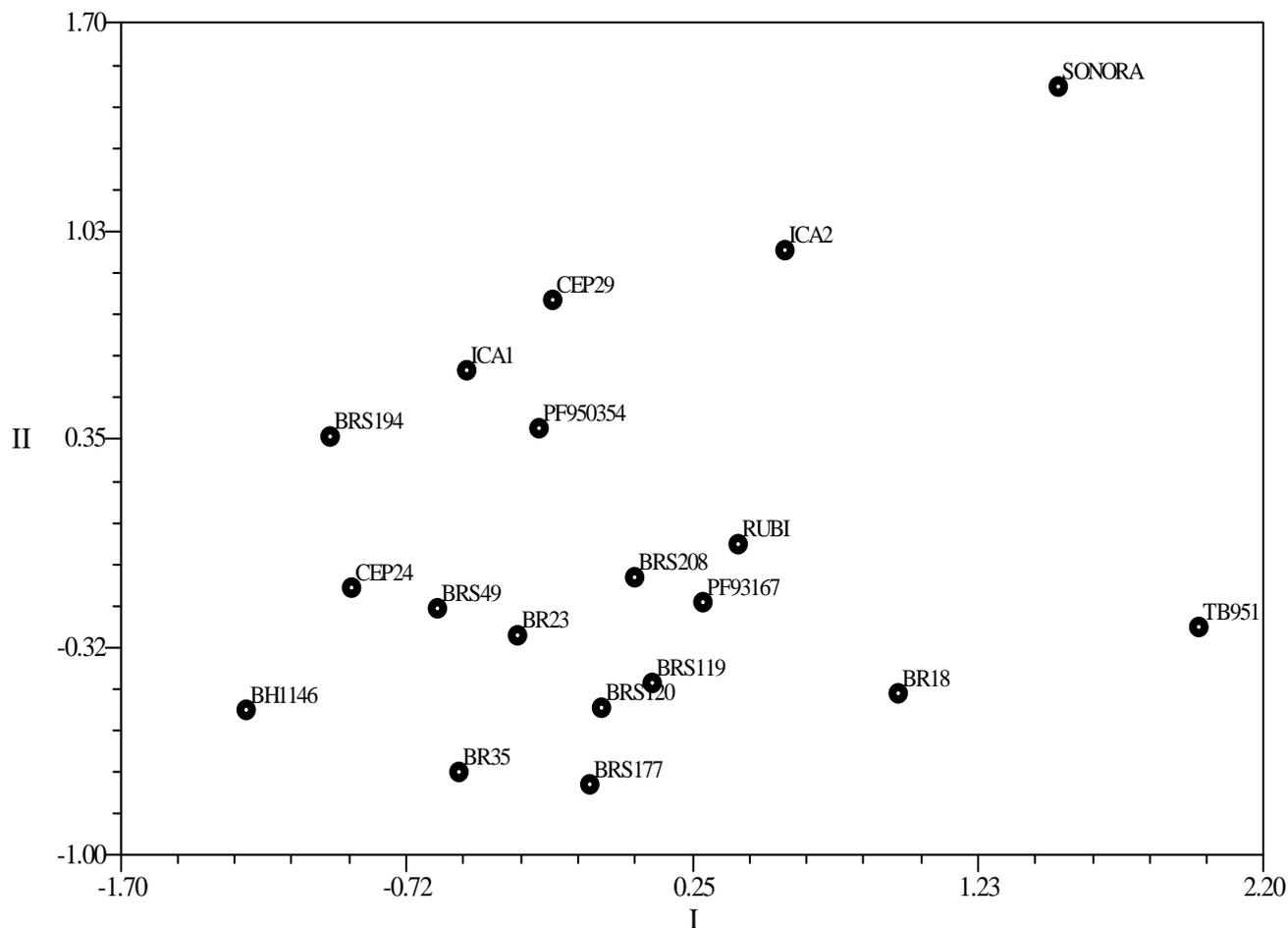


Figura 2 - Projeção em espaço bidimensional da escala multidimensional (MDS) dos 19 genótipos de trigo avaliados no estudo, utilizando a distância de Mahalanobis como medida de distância genética (com base em 17 caracteres fenotípicos). O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,94 e o coeficiente de estresse (S) = 0,14. CGF/UFPEL, Pelotas, 2005.

Considerando que a eficiência de um método de agrupamento (capacidade de apresentar graficamente os contrastes entre genótipos) depende da distribuição da variabilidade genética entre os genótipos testados, as técnicas de Tocher, MDS e UPGMA foram eficientes. Em casos como estes, a decisão de qual método de agrupamento ser empregado deve partir da sensibilidade do pesquisador. É interessante enfatizar que em situações opostas às obtidas neste trabalho, seria possível realizar inferências diretamente na matriz dos dados de distâncias, desde que o número de genótipos estudados não inviabilize a interpretação. Porém, isto não é possível quando o objetivo do trabalho é determinar a forma de distribuição da diversidade genética entre um grupo de genótipos ou populações, tornando necessária a utilização de algum método de agrupamento.

A elevada concordância entre as técnicas MDS e UPGMA (Figuras 1 e 2) e o auxílio do agrupamento de Tocher na discriminação dos genótipos mais divergentes, fornecem subsídios para a realização de inferências mais seguras a respeito da distância entre os genótipos avaliados. Desta forma, é possível inferir que os genótipos Sonora64, BR18, ICA2 e TB951 são morfológicamente divergentes aos demais, com grande possibilidade de apresentarem capacidade específica de combinação com BH1146 e BR35. Contudo, além de manterem elevada distância genética, o melhorista deve priorizar a escolha de genótipos que apresentem médias elevadas para os caracteres agrônômicos relacionados à produtividade. Neste sentido, o índice de seleção realizado com base na distância em relação ao ideótipo (Tabela 3) implementa a recomendação dos genótipos mais promissores

para esta finalidade. Ficou evidenciado que os genótipos com distância genética intermediária em relação aos demais, avaliados nos três métodos de agrupamento, foram aqueles que se apresentaram mais próximos do ideótipo. Na escala do Ranking, os genótipos de menor distância em relação ao ideótipo (1^o-ICA1, 2^o-CEP24, 3^o-CEP29, 4^o-PF950354, 5^o-BRS208) poderão ser empregados como fontes de caracteres agrônomicos desejáveis em programas de melhoramento de trigo que realizam cruzamentos. Estes genótipos são sugeridos em combinação com aqueles mais distantes pelos estudos de distância genética apresentados neste trabalho. Com isso, além de apresentar variabilidade genética, é esperado que as populações segregantes associem elevado desempenho para estes caracteres, oportunizando a seleção de indivíduos superiores em produtividade.

Tabela 3 - Índice de seleção com base na distância em relação ao ideótipo dos 19 genótipos de trigo avaliados no estudo. CGF/UFPEL, Pelotas, 2005.

Genótipos	Ideótipo	Ranking
ICA1	190,5238	1 ^o
CEP24	206,5252	2 ^o
CEP29	214,5948	3 ^o
PF950354	241,2424	4 ^o
BRS208	281,1478	5 ^o
RUBI	303,0966	6 ^o
BRS192	321,5581	7 ^o
BRS119	322,0525	8 ^o
BR23	325,1298	9 ^o
BRS177	332,5678	10 ^o
BRS120	333,5722	11 ^o
BRS194	352,8007	12 ^o
BRS49	353,8327	13 ^o
ICA2	362,8225	14 ^o
BR35	377,5156	15 ^o
TB951	378,2846	16 ^o
SONORA64	393,4023	17 ^o
BH1146	425,0786	18 ^o
BR 18	440,6195	19 ^o

CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os genótipos de trigo avaliados, constata pela mensuração de caracteres fenotípicos.

Os três métodos de agrupamento empregados neste trabalho, Tocher, UPGMA e MDS são eficientes em representar a distância morfológica entre os genótipos avaliados.

O índice de seleção com base no ideótipo é uma análise auxiliar aos estudos de distância genética e aumenta a eficiência na escolha de genitores para cruzamentos.

Os genótipos Sonora64, BR18, ICA2 e TB951 cruzados com BH1146 e BR35 são promissores para incremento de variabilidade genética e são indicados também para

cruzamentos com os melhores do Ranking de comparação com o ideótipo.

REFERÊNCIAS

- ABREU, V. M. N.; SILVA, M. A.; CRUZ, C.D. et al. Desempenho e predição de híbridos e análise de agrupamento de características de matrizes de frangos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.2, p.617-626, 2002.
- 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**, Ottawa, v.39, p. 1142-1149, 1996.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C et al. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, p.657-662, 2003.
- BOPPENMAIER, J.; MELCHINGER, A.E.; SEITZ, G. et al. Genetic diversity for RFLPs in European maize inbreds. III. Performance of crosses within versus between heterotic groups for grain traits. **Plant Breeding**, Berlin, v.111, n.3, p.217–226, 1993.
- BUSSAB, W.O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: IME/USP, 1990. 105p.
- CARVALHO, F.I.F; SILVA, S.A.; KUREK, A.J. et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Editora e gráfica da UFPel, 2001. 99p.
- COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. **Recomendações da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo**. Passo Fundo: Editora EMBRAPA-CNPT, 2002. 74p.
- COMISSÃO SUL BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO. **Indicações Técnicas da Comissão Sul-Brasileira de Pesquisa de Trigo**. Passo Fundo: Editora EMBRAPA-CNPT, 2004, 152p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, 2001. 390p.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora, UFV, 2003, 585p.
- DUDLEY, J.W. Comparison of genetic distance estimators using molecular marker data. In: **Analysis of Molecular Marker Data**. Joint Plant Breeding Symposia Series, American Society for Horticultural Science, Crop Science Society of America, Corvallis, Oregon, 1994. 137p.
- EVERITT, B.S. **Cluster analysis**. Cambridge, University Press, 1993. 170p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Londres: Editora Longman Group, 1996, 464p.
- GODSHALK, E.B.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. Relationship of restriction fragment length polymorphisms to singlecross hybrid performance of maize. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.80, n.2, p.273–280, 1990.
- HAIR, J.F. JR.; ROLPH, E.A.; TATHAM, R.L. et al. **Multivariate data analysis with readings**. 3 ed. New York: Macmillan publishing company, 1992. 544p.
- KRUSKAL, J.B. Multidimensional-scaling by optimizing goodness of fit to a non-metric hypothesis. **Psychometrica**, Williamsburg, v.29, n.1, p.1-27, 1964.
- KUREK, A.J.; CARVALHO, F.I.F.; CRUZ, P.J. et al. Variabilidade em genótipos fixos de aveia branca estimada

- através de caracteres morfológicos. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.8, n.1, p.13-17, 2002.
- LOPES, M.C.; HASELEIN, C.R.; SANTINI, E.J. et al. Agrupamento de árvores matrizes de *Eucalyptus grandis* em função das variáveis dendrométricas e das características tecnológicas da madeira. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v.14, n. 2, p.133-144, 2004.
- LORENCETTI, C. Capacidade combinatória de genitores e suas implicações no desenvolvimento de progênes superiores em aveia (*Avena sativa* L.). Pelotas, 2004. 102p. **Tese** (Doutorado). Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel/Universidade Federal de Pelotas.
- MANLY, B.F.J. **Multivariate statistical methods: a primer**. 2 ed. Boca Raton: Chapman & Hall, 1994. 215p.
- MARANI, A. Heterosis and combining ability for yield and components of yield in a diallel cross of two species of cotton. **Crop Science**, Madison, v.3, n.3, p.552-555, 1963.
- MARANI, A.; AVIELI, E. Heterosis during the early phases of growth in intraspecific and interspecific crosses of cotton. **Crop Science**, Madison, v.13, n.1, p.15-18, 1973.
- MARCHIORO, V.S.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C. et al. Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.27, n.2, p.285- 294, 2003.
- MÁRIC, S.; BOLARIC, S.; MARTIN, C.I.C. et al. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. **Plant Breeding**, Berlin, v.123, n.4, p.366-369, 2004.
- MATTOS JUNIOR, D.; GONZALES, A.F.; POMPEU JUNIOR, J.; PARAZZI, C. Avaliação de curvas de maturação de laranjas por análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.12, p.2203-2209, 1999.
- MELCHINGER, A.E.; LEE, M.; LAMKEY, K.R. et al. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.80, n.3, p.488-496, 1990.
- MELO, R.W.; FONTANA, D.C.; BERLATO, M.A. Indicadores de produção de soja no Rio Grande do Sul comparados ao zoneamento agrícola. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.12, p.1167-1175, 2004.
- MOITA NETO, J.M.; MOITA, G.C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**, São Paulo, v.21, n.4, p.467-469, 1998.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.
- 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 Agrotecnologia**, Lavras, v.23, n.2, p.258-269, 1999.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. New York: Exeter Software, 2000. 83p.
- ROMESBURG, H.C. **Cluster analysis for researchers**. Califórnia, Lifetime Learning, 1984. 334p.
- ROY, J.K.; LAKSHMIKUMARAN, M.S.; BALYAN, H.S. et al. AFLP-based genetic diversity and its comparison with diversity based on SSR, SAMPL, and phenotypic traits in bread wheat. **Biochemical Genetics**, New York, v.42, n.1-2, p.43-59, 2004.
- SANT'ANNA, C.M.; MALINOVSKI, J.R. Uso da análise multivariada no estudo de fatores humanos em operadores de motosserra. **CERNE**, Lavras, v. 8, n.2, p.98-104, 2002.
- 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).
- SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy**. San Francisco, W.R. Freeman, 1973. 573p.
- SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, Berlin, v.11, n.1, p.30-40, 1962.
- VIDAL, R.A.; LAMEGO, F.P.; NUNES, A.L. Otimização do número de *primers* empregados em RAPD para detectar variabilidade genética entre acessos de picão-preto. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.6, n.1-2, p.71-77, 2005.