

## ANÁLISE MULTIVARIADA E CORRELAÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO (*Triticum aestivum* L.) NA REGIÃO DE PELOTAS.

CONTE, GIORDANO GELAIN<sup>1</sup>; POLESELLO, MICHEL ZILLI<sup>2</sup>; FREITAS DE OLIVEIRA, VICTÓRIA<sup>2</sup>; TESSMANN, ELISANE WEBER<sup>2</sup>; COSTA DE OLIVEIRA, ANTONIO<sup>3</sup>; MAIA, LUCIANO CARLOS<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Academico da Faculdade de Agronomia "Eliseu Maciel"/UFPeL – gioogc@gmail.com

<sup>2</sup>Centro de Genômica e Fitomelhoramento - FAEM/UFPeL - <http://cgfufpel.org>

<sup>3</sup>Professor Departamento de Fitotecnia da FAEM/UFPeL – lucianoc.maia@gmail.com

### 1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é o terceiro cereal mais produzido no mundo, com uma produção de 704 milhões de megagramas na safra 2011/2012, assumindo grande importância econômica mundial (FAO, 2013). No Brasil, a produção de trigo para a safra (2013/2014), deverá atingir 5619,0 mil toneladas, representando um incremento de 28,3% em relação à safra passada. Em relação a área nacional cultivada, os estados do Rio Grande do Sul e Paraná representam 92% da produção do cereal (CONAB, 2013).

O desenvolvimento de genótipos que satisfaçam as exigências do mercado consumidor combinados a excelentes níveis de produtividades, alto grau de estabilidade e adaptabilidade, são parâmetros incessantemente buscados pelos programas de melhoramento. A identificação da variabilidade genética é a primeira etapa de um programa de melhoramento. O estudo da dissimilaridade genética permite a avaliação a partir de características agrônomicas, morfológicas e moleculares, expressando as informações múltiplas de cada genótipo, representando o grau da variabilidade existente entre os genótipos estudados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Estudos que venham elucidar o grau de associações entre dois caracteres são importantes para os programas de melhoramento, principalmente em casos em que o caráter alvo possui baixa herdabilidade e ou dificuldades de medição e identificação (CRUZ; REGAZZI, 1994). Desta forma estudos de correlação entre caracteres são uma importante ferramenta na predição do valor de um caráter a partir de um valor conhecido de outro (CARVALHO et al., 2004), sendo uma importante alternativa para redução de tempo e custos dos programas de melhoramento.

Assim, para o melhoramento genético de plantas o estudo de correlações e dissimilaridade são de extrema importância, pois auxiliam na avaliação do desempenho dos genótipos e entre as características de interesse agrônomico, permitindo o desenvolvimento de estratégias na obtenção de ganho genético com o processo de seleção. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi analisar as correlações entre caracteres e identificar a dissimilaridade de genótipos de trigo para a região de Pelotas/RS.

### 2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no ano agrícola de 2012 no Centro Agropecuário da Palma, na área experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento, pertencente à Universidade Federal de Pelotas.

Foram utilizados no experimento oito genótipos de trigo indicados para cultivo na Região sul do Brasil, sendo eles: BRS Tangará, Fundacep Cristalino, BRS Guamirim, Quartzo, Mirante, CD 114, CD 117 e Vaqueano. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados. As unidades experimentais possuíam duas repetições, sendo cada repetição composta de duas linhas de 3 m de comprimento, espaçadas de 0,2 m entre si, caracterizando uma parcela.

Foram avaliados os seguintes caracteres: comprimento de espiga (CE), em cm, massa da espiga (ME), em g, número de grãos por espiga (NGE), em unidade, massa dos grãos da espiga (MGE), em g, rendimento de grãos da parcela (RP), em g, massa de mil grãos (MMG), em g, peso do hectolitro (PH), em Kg hl<sup>-1</sup>, estatura de plantas (EST), em cm e número de afilhos (NAF), em unidades por metro linear. Os dados foram submetidos à análise de variância, realizando-se posteriormente a determinação das medidas de dissimilaridade genética entre os genótipos, segundo o modelo de análise multivariada, permitindo a obtenção das matrizes empregando a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), a partir das médias padronizadas. Foi aplicado o método de agrupamento de otimização de Tocher (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Utilizou-se, também, o critério de Singh (1981) na quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética entre genótipos. As análises foram realizadas utilizando o programa computacional GENES.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância generalizada de Mahalanobis realizou-se o método de agrupamento otimizado de Tocher, obtendo-se assim a formação de dois grupos distintos (Tabela 1). Primeiramente ficaram agrupados os genótipos Fundacep Cristalino, Quartzo, Mirante, CD 114, CD 117 e Vaqueano como sendo os genótipos mais próximos e para o grupo dois os genótipos BRS Tangará e BRS Guamirim ficaram agrupados distinguindo-se dos demais genótipos, uma vez que estes são provenientes do mesmo programa de melhoramento.

Tabela 1 - Agrupamentos de genótipos de trigo, realizados pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Pelotas 2013.

GRUPO	GENÓTIPOS
1	Fundacep Cristalino, Quartzo, Mirante, CD 114, CD 117, Vaqueano
2	BRS Tangará, BRS Guamirim

Com a mesma matriz foi possível quantificar a contribuição relativa dos caracteres para divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981) (Tabela 2). De acordo com a tabela foi possível verificar que a MMG foi o caractere que mais contribuiu para a distinção dos grupos com um valor de 53%. Os caracteres estatura e comprimento de espiga contribuíram com 12,5% e 10,6%, respectivamente. Os demais caracteres ficaram com contribuições inferiores à 7%, sendo sugerido pelo software o descarte da variável número de afilhos (NAF).

A partir da constatação de que MMG foi o caráter que mais contribuiu para a distinção dos grupos, efetuou-se a estimação do coeficiente de correlação de Pearson para os caracteres (Tabela 3). Na tabela é possível destacar que a MMG apresentou coeficientes de correlação com RP de magnitude forte e significância de 1% de acordo com CARVALHO et al., 2004. Também apresentou correlações

significativas com os caracteres ME, MGE e PH, porém de média magnitude. Outra observação que pode ser feita é em relação aos caracteres EST e PH, onde houve estimativa de correlação negativa com magnitude média e significância de 1%, sugerindo que o aumento de uma variável conduz a diminuição da outra.

Tabela 2 - Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética de 8 genótipos de trigo, pelo método proposto por SINGH (1981). Pelotas, 2013.

VARIÁVEL	S <sub>j</sub>	VALOR EM %
Rendimento de parcela	31,85663	2,4385
Peso do hectolitro	59,771374	4,5752
Massa de mil grãos	696,839911	53,3395
Estatura de planta	163,744196	12,5338
Número de afilhos	24,599542	1,883
Comprimento de espiga	139,572729	10,6836
Massa de espiga	85,948583	6,5789
Número de grãos por espiga	74,933971	5,7358
Massa de grãos	29,157108	2,2318

S<sub>j</sub>: contribuição da variável x para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos *i* e *i'*,

Tabela 3 - Coeficiente de Correlação de Pearson entre os caracteres comprimento de espiga (CE), massa da espiga (ME), número de grãos por espiga (NGE), massa dos grãos da espiga (MGE), rendimento de grãos da parcela (RP), massa de mil grãos (MMG), peso do hectolitro (PH), estatura de plantas (EST) e número de afilhos (NAF) de genótipos de trigo, Pelotas 2013,

	RP	PH	MMG	EST	NFA	CE	ME	NGE	MGE
RP	1	0,20 <sup>ns</sup>	0,69**	0,03 <sup>ns</sup>	0,24 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	0,58**	0,27 <sup>ns</sup>	0,58**
PH		1	0,37*	-0,48**	0,18 <sup>ns</sup>	-0,27 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>
MMG			1	-0,03 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,27 <sup>ns</sup>	0,57**	0,18 <sup>ns</sup>	0,54**
EST				1	-0,32 <sup>ns</sup>	0,45**	0,35*	0,47**	0,37*
NFA					1	-0,13 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	-0,01 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>
CE						1	0,65**	0,53**	0,60**
ME							1	0,82**	0,98**
NGE								1	0,84**
MGE									1

<sup>ns</sup>, \*\* e \* não significativo, significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente,

#### 4. CONCLUSÕES

Nas condições em que o experimento foi realizado pode-se concluir que:

Os genótipos formam dois grupos distintos pela método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis,

Entre os caracteres submetidos a análise de dissimilaridade o caráter massa de mil grãos contribui mais para a formação dos grupos,

Massa de espiga e massa dos grãos da espiga, são os caracteres com maior coeficiente de correlação,

## 5, REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, F,I,F, de; SILVA, S,A,; KUREK, A,J,; MARCHIORO, V,S, Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção, Pelotas: UFPel, 2001, 99p,

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento, Acompanhamento de safra brasileira: grãos, Décimo Primeiro Levantamento, Agosto/2013, Disponível em: < [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_08\\_09\\_10\\_43\\_44\\_boletim\\_portuges\\_agosto\\_2013\\_port.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_08_09_10_43_44_boletim_portuges_agosto_2013_port.pdf) >, Acessado em: 04 de Outubro de 2013,

CRUZ, C, D, Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística, Versão Windows - 2009, Viçosa, UFV,

CRUZ, C, D,, REGAZZI, **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: Editora UFV, 1994, 490 p,

CRUZ, C, D,; CARNEIRO, P, C, S, **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**, Viçosa: Editora UFV, 2006, 585 p,

FAOSTAT 2013, Food and Agriculture Organization of the United Nations, The statistics division, Disponível em: < <http://faostat.fao.org/#> >, Acesso em Outubro de 2013,