

ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA, BASEADA NO COEFICIENTE DE PARENTESCO E NA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CARACTERES, PARA COMPOR MINI-COLEÇÃO NUCLEAR DE TRIGO

Valéria Carpentieri-Pipolo^{1*}, Tammy Aparecida Manabe Kiihl¹, Diego Inácio Patrício¹, Pedro Luiz Scheeren¹, Sandro Bonow²

¹Embrapa Trigo, Rodovia BR 285, Km 294, Caixa Postal 3081, CEP 99050-970 Passo Fundo, RS. (*)Autor para correspondência valeria.carpentieri-pipolo@embrapa.br

²Embrapa Clima Temperado, Rodovia BR 392, Km 78, 9º Distrito, Monte Bonito, Caixa Postal 403, CEP: 96010-971 Pelotas, RS.

Em um programa de melhoramento, um dos principais desafios é a identificação de cultivares parentais com alta capacidade de combinação para principais características de interesse agrônomo. Aumentando o número de loci heterozigotos, por cruzamento entre linhagens não correlacionadas, é esperado que o nível de heterose seja aumentado, elevando assim as chances de encontrar genótipos que combinam favoravelmente as características desejadas.

No melhoramento de trigo, os melhoristas têm longa tradição em coletar informações sobre características de *pedigree*. Neste campo de atuação, podem ser realizadas estimativas de diversidade genética baseadas em coeficiente de parentesco (COP) e obter-se o agrupamento do germoplasma em grupos de parentesco. O uso dos coeficientes de parentesco tem sido frequente em análises genéticas das populações e no gerenciamento de bancos de germoplasma associados aos programas de melhoramento de plantas.

O coeficiente de parentesco (r_{XY}) entre dois indivíduos (X e Y) foi definido como a probabilidade de que um alelo, tomado ao acaso do indivíduo X, seja idêntico por descendência ao alelo do indivíduo Y (Paternelli et al., 2009).

O objetivo desta pesquisa foi avaliar a diversidade genética entre acessos de trigo do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Trigo, baseada no coeficiente de parentesco e na divergência genética de caracteres morfológicos com vistas a compor uma mini-coleção nuclear para trigo.

No presente estudo, foram avaliados 173 genótipos de trigo do BAG da Embrapa Trigo. Os ensaios foram conduzidos nas safras 2010 e 2011, na área

experimental da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. O delineamento experimental empregado foi o de blocos aumentados com as seguintes testemunhas comuns: BRS 209, BRS Timbaúva, CEP 24, Fundacep 30, Colonista, Londrina, Narino 59 e Peking 8. As parcelas foram compostas por seis linhas de 8 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m entre linhas. Foram avaliados os seguintes caracteres morfológicos, segundo os procedimentos apresentados por Scheeren (1984): dias da emergência ao florescimento (DF), dias da emergência à maturação (DM) e altura de planta, em cm (AP), avaliando-se 25 plantas por parcela, além de rendimento de grãos, em kg ha⁻¹ (RG) e comprimento de espiga (CE), em 25 espigas colhidas aleatoriamente em cada parcela. Os dados dos caracteres morfológicos foram submetidos à análise de variância e testada a significância pelo teste F. Posteriormente, com base nas médias dos caracteres avaliados nos dois anos, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D₂) entre todos os pares de genótipos (Cruz; Regazzi, 2001). Com base na matriz de distância genética, foi empregado o método de agrupamento de Tocher e construído dendrograma pelo método de agrupamento da distância média (UPGMA), com o programa computacional Genes (Cruz, 2001).

Para análise do coeficiente de parentesco, assumiu-se zero (f=0) na ausência de qualquer grau de parentesco, e um (f=1) para grau máximo de parentesco (Peternelli et al., 2009).

Na Tabela 1 é apresentado o resumo da análise de variância dos genótipos considerados no estudo. Mediante análise dos quadrados médios para as fontes de variação, diferenças significativas (P<0,01) foram constatadas para a maioria das variáveis avaliadas, exceto para altura de planta. 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.

Na Tabela 2 são apresentados coeficientes de parentesco (COP) e frequência de participação como ancestral de um grupo elite de cultivares avaliadas. As cultivares antigas, lançados no Brasil há mais de 40 anos, como, por exemplo, linhas Alfredo Chaves, PG1, Toropi, IAC 5 Maringá, Frontana, Fronteira, CEP24-Industrial, Polissú, Trintecinco e BH11 46 entre outras, são conhecidas por serem fontes para adaptação ao fotoperíodo predominante no sul do Brasil e tolerância à AL⁺⁺⁺ e por terem sido muito exploradas nos

programas de melhoramento apresentaram alta frequência de participação como ancestral (Tabela 2). As linhagens Alfredo Chaves e Polissú, resultados das primeiras seleções em cultivares coloniais, introduzidas no Brasil por imigrantes europeus em 1922 (Schereen et al., 2011) apresentaram valores de COP muito próximo à zero. As cultivares com valor de COP acima de 0.6 estão intimamente relacionadas e as cultivares com COP próximo a 1.0 é o equivalente aos resultados observados em retrocruzamento e/ou meio irmãos (Tabela 2). Os valores de COP das cultivares lançados recentemente foi próximo a zero. Considerando-se que essas cultivares foram resultados de cruzamentos múltiplos, sendo o número de ancestrais das cultivares BRS Angico, BRS Guabijú, BRS Guamirim, BRS Louro, BRS Umbu e BRS Timbaúva são 10, 38, 49, 38, 45 e 56 respectivamente, valores baixos para o COP destas cultivares eram esperados. Isso devido à maior diversidade entre fontes de genes explorada nas cultivares atuais, como por exemplo, incorporação de genes para redução da estatura, que conferiu às cultivares resistência ao acamamento, incorporação de genes de resistência às doenças, como ferrugem da folha e giberela e incorporação de genes para qualidade industrial, entre outros.

As distâncias entre os acessos variaram de 0,036 a 0,470, o que possibilitou a formação de 16 grupos de diversidade (Tabela 3). Os caracteres que mais contribuíram com mais de 80% para a divergência entre os genótipos foram: rendimento de grãos (43%), altura de planta (22%) e dias para espigamento (18%).

Tabela 1. Resumo das análises de variância de caracteres utilizados para estimar a distância genética entre 173 cultivares de trigo do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

| FV ⁽¹⁾ | GL | QM | | | | |
|-------------------|-----|-----------------------|----------|--------------|--------------|--------------|
| | | Rendimento (kg/ha) | AP (cm) | DE (dias) | DF (dias) | DM (dias) |
| Bloco | 1 | 1631434,12 | 4567,57 | 1022,00 | 4674,73 | 0,35 |
| Tratamento | 180 | 700884,65** | 128,10** | 90,10ns | 100,35** | 36,91** |
| Resíduo | 7 | 59776,57 | 8,58 | 32 | 8,53 | 0,96 |
| Média geral | - | 3087 | 84,11 | 76,50 | 83,05 | 119,86 |
| Média genótipos | - | 3056 | 83,83 | 72,06 | 79,25 | 120,00 |
| Média testemunha | - | 3426 | 90,25 | 76,91 | 83,40 | 119,85 |
| CV (%) | - | 7,9 | 3,49 | 7,49 | 3,51 | 0,82 |

¹FV: fontes de variação; GL: graus de liberdade; CV: coeficiente de variação; RG: rendimento de grão; AP: altura de planta; DE: dias da emergência ao espigamento; DF: dias da emergência ao florescimento; DM: dias da emergência à maturação;

* e **: significativo pelo teste F a 5% e a 1% de probabilidade.

Tabela 2. Frequência de participação como ancestral e Coeficientes de Parentesco (COP) de um grupo elite de genótipos de trigo do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo, selecionados para compor mini-coleção nuclear de trigo. Passo Fundo, RS.

| Genótipo de trigo ancestral | Frequência ⁽¹⁾ | COP | Genótipo de trigo ancestral | Frequência ⁽¹⁾ | COP |
|-----------------------------|---------------------------|------|-----------------------------|---------------------------|------|
| Alfredo Chaves 6-21 | 68 | 0.00 | Alondra | 24 | 0.83 |
| Alfredo Chaves 3-21 | 37 | 0.00 | IAS 46 | 24 | 1.00 |
| Alfredo Chaves 4-21 | 35 | 0.00 | Colônias | 19 | 0.72 |
| Polissú | 64 | 0.00 | CEP24-Industrial | 18 | 0.06 |
| Fronteira | 42 | 0.83 | IAS 51 | 16 | 0.65 |
| Mentana | 42 | 0.05 | Trintecinco | 15 | 0.63 |
| Anahuac 75 | 41 | 0.10 | CNT 7 | 15 | 0.66 |
| Frontana | 41 | 0.01 | Cotiporã | 12 | 0.65 |
| PG1 | 40 | 0.11 | IAS 58 | 11 | 0.75 |
| Embrapa 16 | 39 | 1.00 | Veranópolis | 11 | 0.48 |
| BH1146 | 38 | 1.00 | BR18 | 11 | 0.50 |
| Toropi | 35 | 0.06 | BR35 | 8 | 0.50 |
| IAC 5-Maringá | 35 | 1.00 | IAS 59 | 7 | 0.50 |
| Kenya | 28 | 0.92 | IAPAR 30-Piratã | 6 | 0.50 |
| Trigo BR 23 | 25 | 0.65 | CEP17-Itapuã | 5 | 0.50 |

¹Frequência de participação do genótipo como ancestral no conjunto de cultivares brasileiras selecionadas para compor mini-coleção nuclear de trigo.

Tabela 3. Agrupamento de 173 genótipos de trigo pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética. Passo Fundo, RS.

| Grupo | Genótipo de trigo |
|-------|--|
| <1> | BR_32 Ke_Feng_2 Bet_Dagan_131 BRS_207 Frontana Cailloux Lovrin_13 BRS_GUABIJÚ IAC_5 Itapua_25 OR_1 PF_89156 Zambezi Agatha PF_010069 EMBRAPA_40 Siete_Cerros PF_980354 Cotiporã RL_6114 PF_92393 PI_181337 T_50130 PF_93159 Greece_78310__A_-3 PF_030019 Trintecinco Maiten_Inia Neepawa |
| <2> | Anahuac_75 Embrapa_22 PF_87451 Huanca Chinese_Spring PG_1 Karamu PF_9099 AC_Vista BRS_Angico BR_23 LR_6044 Patriarca Onix BRS_179 Feng_Mai_11 PF_020458 |
| <3> | Kenya_Farmer PF_010255 Har_604 Jacui PF_940110 Galego_Rapado PF_92482 Paraguai_281 PF_781198 Wadhanak BR_35 Estanzuela_Dora EMBRAPA_10 Nobeoka_Bozu LR_18 Alondra_Sib BRS_220 1855-83 BH_1146 PF_990522 BRS_Louro Precoz_Parana_INTA |
| <4> | Africa_43 KarIM BR_24 Lagoa_Vermelha Angas LR_9 EMBRAPA_27 IAC_24 Peladinho PF_022203 IPR_85 BRS_Camboatã Opata_85 Frondoso Bul_Bul PF_9127 RL_4137 Phabing |
| <5> | Altar_Sib BRS_49 Hartog PF_815299 Gigas_1381 PF_020450 Jesuita PF_909 IPF_71349 Nyu_Bay Embrapa_16 BRS_177 Abura_Komugui LR_6043 Melchior PAT_7392 FB_4200 Klein_Atlas WRT_238-5 |

| | |
|------|--|
| <6> | PF_89326 Pilancho_80 BR_33 Kleiber BRS_208 PF_010161 BRS_Guamirim Cruza_0454 PF_940077 Embrapa_42 Manceki Janz Castico Bezostaja_1 PF_040183 MGS_1_Aliança RL_6011_(C/Arista) IAS_20 Ning_84n1406 G_1179-37 Pampeano_INTA PF_92482 |
| <7> | PF_990606 Safira PF_926 Tota_63 Pusa_62 PF_973443 Chhoti_Lerma BRS_Umbu Sumai_3 |
| <8> | Relin Saikai_165 PF_980078 Transfer Syrimex IPR_84 PF_93157 Klein_Lucero Buck_Poncho |
| <9> | RS_1_-_Fenix W_185 Thatcher Snogg |
| <10> | PF_93158 PF_980270 BRS_194 Trigo_Chapéú Shanghai PF_87849 SW_89-2089 |
| <11> | CNT_10 Morocco Granarolo WW_9941 |
| <12> | CD_105 PF_9052 Ruminahui Sonalika Toropi |
| <13> | Mironovskaja_jubileinaja Wuhan_3 Giza |
| <14> | GW_3 PF_990283 |
| <15> | INIA__F_66 Maya_74 |
| <16> | BR_18 |

A redução da diversidade genética é um problema potencial em longo prazo para os programas de melhoramento, refletindo na redução do progresso genético. Adicionalmente, é uma preocupação frequente entre os melhoristas, pois representa vulnerabilidade genética para cultura. Os resultados obtidos são informações valiosas para criação de novas combinações de genes de interesse para o programa de melhoramento de trigo.

Referências

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.

PETERNELLI, L. A.; MEDEIROS, F. F.; BARROS, R. R.; SILVA, W. B.; PEREIRA, H. M. B. Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R. **Bragantia**, v. 68, n. 4, p. 849-855, 2009.

SCHEEREN, P. L. **Instruções para utilização de descritores de trigo (*Triticum spp.*) e triticale (*Triticosecale sp.*)**. Passo Fundo: EMBRAPA-CNPT, 1984. 32 p. (EMBRAPA-CNPT. Documentos, 9).

SCHEEREN, P. L.; CAIERÃO, E.; SÓ e SILVA, M.; BONOW, S. Melhoramento de trigo no Brasil. In: PIRES, J. L. F.; VARGAS, L.; CUNHA, G. R. da (Ed.). **Trigo no Brasil: bases para produção competitiva e sustentável**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011. Cap. 17, p. 427-452.