

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE CEVADILHA VACARIANA PELA INTEGRAÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS

Leonardo Luís Artico¹; Ana Cristina Mazzocato²; Juliano Lino Ferreira³

¹Graduando em Farmácia, Universidade da Região da Campanha, Bagé, RS, Brasil, leonardoartico@yahoo.com.br

²Doutora em Ciências: Botânica, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, ana.mazzocato@embrapa.br

³Doutor em Genética e Melhoramento, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, juliano.ferreira@embrapa.br

A espécie *Bromus auleticus*, conhecida popularmente como cevadilha vacariana tem despertado interesse em profissionais de plantas forrageiras há algum tempo. Uma série de atributos, como boa qualidade de forragem, adaptação local e oferta de forragem na época de outono-inverno (período de maior carência alimentar dos rebanhos), são fatores decisórios na escolha desta planta visando o melhoramento e sua disseminação. Neste contexto, o objetivo do trabalho foi a caracterização morfoagronômica de onze acessos de *B. auleticus* utilizando descritores qualitativos (cor da folha, pilosidade e hábito de crescimento) e os descritores quantitativos (comprimento e largura da folha bandeira, altura natural no florescimento, comprimentos do entrenó superior e da inflorescência). Um descritor quantitativo adicional (número de folhas) foi avaliado, mas como não atendeu as pressuposições da análise de variância foi codificado como os caracteres qualitativos. Para integração destas duas categorias de dados, foi realizado o teste comparativo de médias Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade por meio do aplicativo “Genes” v.2013.5.1, sendo as classes fenotípicas geradas foram categorizadas em notas. Dessa maneira, estes dados foram incorporados em uma planilha juntos com os demais dados qualitativos (apresentados em escala de números discretos). Com base nesta planilha gerada, procedeu uma análise inicial de agrupamento Bayesiano via aplicativo “Structure” v.2.3.4. Também foram feitas análises de dispersão bi-dimensionada análise das coordenadas principais (PCoA) via aplicativo “GenAlex” v.6, além da elaboração de uma árvore fenética obtida pelo agrupamento UPGMA e a informatividade de cada variável via o aplicativo “Powermarker” v.3.25. O experimento foi realizado na Embrapa Pecuária Sul em Bagé-RS no ano de 2014. A análise destes dados demonstrou a ausência de formação de grupos entre estes acessos. Este fato pode ser esperado à medida que o número de acessos avaliados foi pequeno e a região de abrangência das coletas não possui limitações geográficas significantes que poderiam vir a impedir o fluxo gênico. Ademais, os dois primeiros componentes da PCoA explicaram juntos 53,71% da variação, indicando a necessidade de avaliação de outras variáveis adicionais. O conjunto dos nove descritores analisados permitiu a distinção de todos os acessos, sendo a pilosidade a variável mais importante. A árvore fenética gerada permitiu a visualização da discriminação dos acessos, no entanto, não se nota a presença de agrupamentos. Em síntese, a caracterização permitiu detectar a variabilidade genética entre os acessos avaliados.

Agradecimentos: FAPERGS e a Embrapa (projeto SEG: 01.06.01.007.05.14).