

## Explorando variações fenotípicas e de caracteres agronômicos para uma proposta de coleção pública de cevada para malte

Valéria Carpentieri-Pipolo<sup>1</sup> e Tammy Aparecida Manabe Kiihl<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Engenheira-agrônoma, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. <sup>2</sup>Engenheira agrônoma, Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

**Resumo** - O conhecimento da diversidade dos recursos genéticos é subsídio fundamental na escolha de parentais e no planejamento de um programa de melhoramento. Atualmente, devido à deficiência na disponibilização de informações sobre características morfológicas e econômicas dos acessos, somente 4% do germoplasma armazenado nos bancos de germoplasma são utilizados pelos melhoristas. Para melhorar a acessibilidade e racionalizar a avaliação de grandes coleções de recursos genéticos, sugere-se a criação de coleções nucleares. Este trabalho tem, por objetivo, avaliar a diversidade genética de acessos da Coleção Ativa de Germoplasma de cevada da Embrapa Trigo, com vistas a criar um conjunto público de genótipos ou minicollection nuclear de cevada para malte. Os resultados apresentados neste trabalho revelam a existência de variabilidade genética entre os acessos com possibilidade de se impetrar ganhos genéticos. A partir dos resultados, foram identificados parentais potenciais para serem explorados como germoplasma em programas de melhoramento de cevada para malte.

Termos para indexação: *Hordeum vulgare*, banco de germoplasma, recursos genéticos vegetais, melhoramento genético, distância genética.

### Introdução

O consumo anual de malte pela indústria cervejeira nacional está estimado em 1,3 milhões de toneladas. A produção nacional da safra de grãos 2018/2019 de cevada foi de 353,5 mil toneladas de grãos, atendendo apenas a 43% da necessidade da indústria brasileira. Anualmente, 400 mil toneladas de cevada são importadas para completar a produção industrial de malte (Acompanhamento..., 2019). A expansão da área de cultivo e o aumento de rendimento de grãos do cereal depende da obtenção de cultivares produtivas, com características de qualidade, resistentes a estresses bióticos e abióticos e adaptadas às diversas regiões de cultivo. O conhecimento da diversidade genética dos recursos genéticos é subsídio fundamental na escolha de parentais e no planejamento de um programa de melhoramento.

Atualmente, apenas 4% de todos os genótipos armazenados, em bancos de germoplasma, vêm sendo utilizados no mundo pelos fitomelhoristas. Tal fato ocorre devido à deficiência na

disponibilização das informações sobre características morfológicas e econômicas dos acessos. Sendo assim, grande esforço é necessário para avaliar e otimizar os recursos genéticos no contexto dos programas de melhoramento.

Para melhorar a acessibilidade e racionalizar a avaliação de grandes coleções de recursos genéticos criou-se o conceito de coleções nucleares. Uma coleção nuclear é um conjunto representativo de acessos, com tamanho em torno de 10% dos acessos de toda a coleção original, escolhidos para representar o máximo espectro da diversidade com o mínimo de repetição (Brown et al., 1989; Bockelman; Valkoun, 2011). As coleções nucleares podem ser desenvolvidas utilizando-se metodologias para se estimar a divergência genética entre acessos, como métodos de análise multivariada, análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos entre outros.

Este trabalho tem, por objetivo, avaliar a diversidade genética de acessos da Coleção Ativa de Germoplasma de cevada da Embrapa Trigo, com vistas a criar um conjunto público de genótipos ou minicollection nuclear de cevada para malte.

### **Material e métodos**

Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, no período de junho de 2009 a novembro de 2018. Adotou-se o delineamento experimental de testemunhas intercalares, sendo as avaliações realizadas em nível de média ou total de parcelas (Cruz, 2006). O tamanho das parcelas variou nos anos de experimentação. Para plantio, foi considerada a densidade de 300 plantas por m<sup>2</sup>.

Foram avaliados os seguintes caracteres morfoagronômicos (Descriptors..., 1994): rendimento estimado de grãos (kg ha<sup>-1</sup>); classificação comercial de primeira e segunda (%); peso de mil sementes (g); dias para o espigamento (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis); dias para a maturação (a colheita foi realizada no estágio de maturidade fisiológica, foram consideradas plantas fisiologicamente maduras quando as espigas perderam a coloração verde). Foram também consideradas as seguintes características qualitativas: classificação sazonal (inverno; facultativo ou primavera); nua (pálea e lema aderidas ou não ao grão); origem do material genético, baseada em dados de passaporte; cor do grão (coloração da pálea e lema do grão); hábito (prostrado, intermediário ou ereto); cerosidade da espiga (ausente, média ou forte); cerosidade da bainha (ausente, média ou forte); cerosidade do pedúnculo (ausente, média ou forte); comprimento da arista (múltica, normal ou longa); pigmentação da aurícula (ausente, média ou forte); altura de planta (cm); frequência da folha bandeira curvada (ausente, média ou alta).

Para estimar a dissimilaridade genética entre os pares de acessos, foi calculada uma matriz de similaridade. Baseada nessa matriz, foi realizada análise de agrupamento pelo método Otimização de Tocher, obtida pelo Programa Genes (Cruz, 2006).

## Resultados e discussão

Os caracteres quantitativos avaliados apresentaram diferenças altamente significativas ( $p \leq 0,01$ ), com exceção de data de maturação (Tabela 1). Esse resultado revelou a existência de variabilidade genética entre os acessos, com possibilidade de se impetrar ganhos genéticos para as características estudadas. As classes fenotípicas predominantes dentre os caracteres qualitativos foram: 100% dos acessos com grãos cobertos, grãos brancos ou creme e porte ereto; 98% dos acessos apresentaram espigas com arista longa e hábito determinado e semideterminado; e 86% dos acessos apresentaram espigas de duas fileiras.

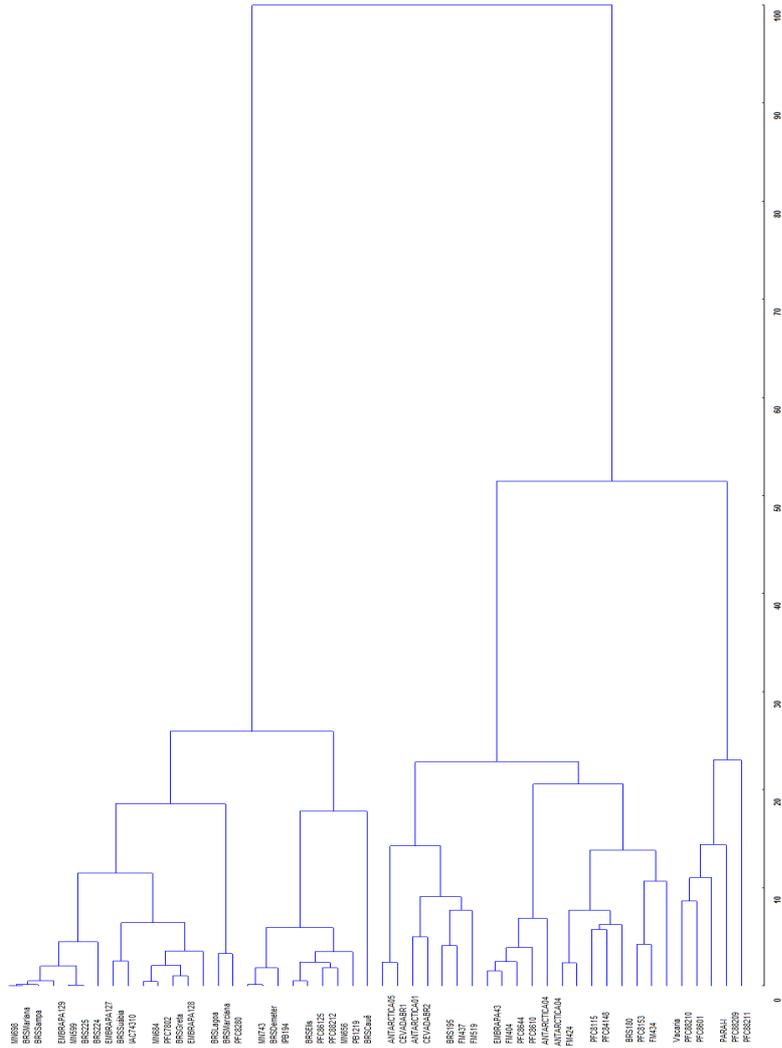
**Tabela 1.** Resultado do agrupamento de acessos (linhagens e cultivares) do Banco Ativo de Germoplasma de Cevada da Embrapa Trigo, identificados como potenciais fontes para maior rendimento de grãos, menor altura de planta, precocidade no espigamento, e classificação de grãos tipo 1.

Característica	Genótipo de cevada
Maior rendimento de grãos ( $5.201 \text{ kg ha}^{-1}$ < ou igual a $3.786 \text{ kg ha}^{-1}$ )*	MN698, BRS Mariana, MN599, EMBRAPA 129, BRS Sampa, BRS225, BRS224, Embrapa 127, BRS Suábia, IAC 4310, MN684, PFC 7802, BRS Greta, Embrapa 128, BRS Lagoa, BRS Marciana, PFC 8280, MN 743, BRS Demeter, IPB 194, BRS Elis, PFC 86125, PFC 99212, MN656, IPB1219, BRS Cauê, Antártica 05, Cevada BR1.
Altura de planta < 100 cm *	BRS 195, PARAI-I, BRS Demeter, BRS Cauê, BRS Elis, BRS Greta, BRS 225, Embrapa 43, BRS Sampa, IPB 1219, IPB 194, Antártica 01, Cevada BR2.
Até 80 dias para espigamento**	PFC 8153, Embrapa 128, Embrapa 129, PARAI-I, BRS Marciana, IPB 194, IAC74310, Embrapa 43, MN743, PFC8280, MN698, BRS Mariana, Cevada BR12, BRS 180, Embrapa 127, FM 519, PFC 8610, BRS 224, PFC 86125, BRS Suábia, FM 424, MN 684, PFC 7802, Antártica 04, BRS225, PFC 84148, FM 404, PFC8601, PFC 88212, BRS Lagoa, IPB1219, FM434.
Classificação > 75% de grãos tipo 1 *	PFC 8644, BRS 224, BRS Lagoa, MN698, FM434, IAC 74310, PFC 8610, MN684, BRS Marciana, MN743, PFC 84148, FM519, Embrapa 127, FM 424, BRS Suábia, Embrapa 129, FM437, BRS Mariana, BRS Elis, PFC 8115, BRS Cauê, MN599, BRS 225, IPB194, PFC 8601, BRS 180, FM404, Antártica 04, PFC 88212, Embrapa 43, PFC 86125, BRS Sampa, Cevada BR1.

\*,\*\* valores significativos  $p \leq 0,05$  e  $p \leq 0,01$ , respectivamente.

As distâncias entre os acessos variaram de 0,023 a 0,52. Foram formados 12 grupos de diversidade (Figura 1). Os caracteres que mais contribuíram para a divergência entre os acessos foram rendimento (47,9%), altura de plantas (17,3%) e dias para espigamento (12,2%). Os acessos com espigas de seis fileiras de grãos, PFC88209, PFC88210, PFC88211, PARAI-I e Vacaria, formaram grupos distintos dos demais, havendo predominância de acessos de duas fileiras de grãos. Acredita-se que as informações possam ser úteis para apoio ao

melhoramento genético da cevada, pois permitem prever as melhores combinações híbridas entre os genitores com elevados potenciais agrônômicos.



**Figura 1.** Dendrograma do agrupamento de acessos de cevada do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Trigo para compor minicoleção nuclear para malte, pelo método UPGMA.

### Considerações finais

A conservação e a manutenção da diversidade genética têm sido prioridades para sustentabilidade ambiental e segurança alimentar, e o conhecimento das características de importância econômica dos acessos armazenados nos Bancos de Germoplasma são fundamentais para o progresso futuro dos programas de melhoramento. Os resultados apresentados neste trabalho revelam a existência de variabilidade genética entre os acessos, com possibilidade de se impetrar ganhos genéticos. A partir dos resultados, foram identificados parentais potenciais para serem explorados como germoplasma em programas de melhoramento de cevada para malte.

### Referências

ACOMPANHAMENTO DA SAFRA BRASILEIRA [DE] GRÃOS. Brasília, DF: Conab, v. 6, n. 5, fev. 2019. Safra 2018/19, quinto levantamento. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 24 mar. 2019.

BOCKELMAN, H. E.; VALKOUN, J. Barley germplasm conservation and resources. In: ULLRICH, S. E. (Ed.). **Barley**: production, improvement, and uses. Ames: Wiley- Blackwell, 2011. p. 144-159.

BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O. H.; MARSHALL, D. E.; WILLIAMS, J. T. **The uses of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University Press, 1989. 382 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: análise multivariada e simulação, Viçosa, MG: Ed. UFV, 2006. 175 p.

DESCRIPTORS for barley (*Hordeum vulgare* L.). Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 1994. 46 p. Disponível em: <<https://cgspace.cgiar.org/handle/10568/72818>>. Acesso em: 5 fev. 2019.