

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE GERGELIM

Tafnys Rodrigues Araújo, DB-UEPB/CNPA, tafnysaraujo@hotmail.com

Fernanda Kelly Gomes da Silva, DB-UEPB/CNPA, kelotaff@hotmail.com

Augusto Lima Diniz, DB-UEPB/CNPA, augustocz@gmail.com

Silvia Gabriela Avelino Silva, DB-UEPB/CNPA, gabi.silvia@hotmail.com

Nair Helena Castro Arriel, CNPA, nair@cnpa.embrapa.br

RESUMO: O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma dicotiledônea pertencente a família das pedaliaceae e apresenta ampla adaptabilidade, sendo encontrada em regiões de clima tropical, subtropical e em zonas temperadas. Nos últimos anos o gergelim vem conquistando o interesse de novos produtores e empresários das Regiões Nordeste, Sudeste e Centro Oeste, que buscam uma cultura alternativa para alimentação e exploração agrícola viável. O enriquecimento e a quantificação da diversidade genética entre genótipos são de grande importância para o melhoramento do gergelim, tendo em vista a continuidade dos trabalhos de melhoramento genético com a espécie. Para a realização desse trabalho, foi conduzido um ensaio com genótipos oriundos do BAG do gergelim, que foram semeados e avaliados na Estação Experimental de Veludo, em Itaporanga, PB, sob regime de irrigação. Os dados morfológicos e agronômicos foram obtidos de acordo com uma tabela de descritores. Para análise dos dados foram utilizados procedimentos multivariados hierárquico UPGMA e otimização de Tocher. Para obtenção da matriz de distância foi utilizado o complemento aritmético do coeficiente de Cole-Rodger. A representação gráfica simplificada das distâncias foi feita através de um dendrograma obtido pelo método UPGMA. Pelos resultados constatou-se que entre os 72 acessos avaliados foi possível determinar a diversidade, principalmente relacionada às características de produtividade, número de frutos por planta e número de ramificações laterais que podem ser usadas na seleção de genótipos superiores para o melhoramento genético da espécie e a análise multivariada a partir dos métodos de hierarquização e otimização permitiu identificar grupos similares e genótipos divergentes entre os acessos avaliados.

Palavras-Chave: *Sesamum indicum* L.; Germoplasma; Diversidade Genética; Acessos.

INTRODUÇÃO

O gergelim é uma dicotiledônea pertencente a família das Pedaliaceae, uma das produtoras de óleo mais antiga usada pela humanidade, apresenta ampla adaptabilidade, sendo encontrada em regiões de clima tropical, subtropical e em zonas temperadas.

A Embrapa Algodão - Centro que coordena as pesquisas com a cultura do gergelim no Brasil possui uma coleção de trabalho composta de aproximadamente 1400 acessos, entre materiais introduzidos de diversos países, como Estados Unidos, Venezuela, México, Índia e Argentina, além de tipos locais oriundos de várias regiões produtoras e cultivares comerciais.

Os trabalhos de melhoramento genético com a cultura têm contribuído na adaptabilidade e produtividade dos cultivos, por meios de obtenção de cultivares altamente produtivas e adaptadas às condições edafoclimáticas do Brasil e práticas culturais adequadas. Contudo, os principais objetivos dos melhoristas de plantas do mundo inteiro têm sido aumentar a eficiência da seleção e com isto maximizar os ganhos genéticos obtidos. Nesse sentido, o enriquecimento e a quantificação da diversidade genética entre genótipos são de grande importância para o melhoramento do gergelim, tendo em vista a continuidade dos trabalhos de melhoramento genético com a espécie.

Pelo exposto, observa-se a necessidade de conseguir informações genéticas básicas que possam contribuir e dar continuidade ao desenvolvimento de programas eficientes de melhoramento do gergelim. Diante disso, este trabalho teve por objetivo proceder a uma caracterização de acessos de gergelim disponíveis da coleção de germoplasma da Embrapa Algodão, baseada em dados morfológicos e agronômicos.

MATERIAIS E MÉTODOS

Para a realização desse trabalho, foi conduzido um ensaio com genótipos oriundos do Banco Ativo de Germoplasma do gergelim os quais foram semeados e avaliados na Estação Experimental de Veludo, em Itaporanga, PB, sob regime de irrigação.

Foram selecionados 72 para caracterização morfológica e agronômica, constituída de tipos locais, cultivares modernas e obsoletas, variedades introduzidas e exóticas. A cultivar BRS 196 – CNPA G4 foi usada como testemunha para comparação dos acessos.

Os acessos foram conduzidos em Delineamento experimental de blocos aumentados – Delineamento de FEDERER, proposto por Nogueira & Gomes (1978).

Os dados morfológicos e agronômicos foram obtidos de acordo com os seguintes

descritores:

Dias após a emergência, dias para o início de florescimento, número de ramificações (primários e secundários), altura de inserção do primeiro fruto, número de cápsulas por planta, número de cápsulas por axila foliar, comprimento da cápsula, número de sementes por cápsula, altura da planta, e peso de 1.000 sementes. Coloração dos ramos na maturação, coloração das folhas, tamanho e forma das folhas, forma das cápsulas, deiscência dos frutos, forma dos frutos, cor das sementes, cor da corola.

Para análise dos dados foram utilizados procedimentos multivariados hierárquico (UPGMA – método hierárquico da média aritmética entre pares não ponderados) e otimização de Tocher. Antes das análises estatísticas multivariadas, as variáveis foram estandardizadas para eliminação das unidades de escala empregando-se o Programa Genes (CRUZ, 2001).

Para obtenção da matriz de distância foi utilizado o complemento aritmético do coeficiente de Cole-Rodger et al., (1997). A representação gráfica simplificada das distâncias foi feita através de um dendrograma obtido pelo método UPGMA (Cruz, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelos resultados obtidos constatou-se que os acessos apresentam diferenças quanto à coloração dos ramos podendo-se classificá-los em: 30% verde, 66% verde – amarelado e 4% verde-arroxeadado, a pilosidade do caule variou entre glabro 86%, espaço 10% e piloso 4%, a posição das folhas foi oposta (21%), 71% alternada e 8% misturada; a pigmentação da corola foi presente em 28% dos cultivares e ausente em 72% das plantas; a cor das sementes variou de branca (26%), creme (22%), 11% marrom e 3% preta e cerca de 38% do material analisado percebeu-se a presença de mistura, muitas vezes apresentado até mais de duas colorações.

Em relação ao porte da planta, 72% das plantas apresentaram porte baixo, 28% médio e nenhuma planta apresentou porte alto; a coloração das folhas foi 50% verde-claro, 26% verde-escuro e 24% verde arroxeadado, para forma da folha observou-se o formato largo em 14% dos materiais, estreito em 81%, inteiras em 50% e 50% apresentaram-se lobadas. O tamanho das folhas se deu da seguinte forma, grande 2%, média 43%, pequena 55%; cor da corola branca 4%, rósea 71%, lilás 25%; o formato de frutos oblongo foi observado em 2% dos acessos, 91% apresentaram formato elíptico e 7% reniforme e o número de frutos por axila variou em 87% com um fruto, 7% com dois frutos e 6% com três frutos por axila.

Houve similaridade nos seguintes caracteres morfológicos: Forma do caule, onde se

notou a presença de 100% de caules de forma quadrangular; e presença de pilosidades, onde 100% dos genótipos não apresentaram pilosidade alguma, quanto a deiscência dos frutos analisados, todos os genótipos são deiscentes. Ressalta-se que estas variáveis que não apresentaram distinção entre os acessos não foram usadas para fins de análise conjunta das variáveis.

Quanto às características agronômicas verificou-se que os genótipos apresentaram 100% de ramificações laterais, sendo que 15% dos acessos apresentaram 2 ramos, 51% dos genótipos avaliados apresentaram 3 ramos, 25% apresentaram 4 ramos, 3% apresentaram 5 ramos e 4% dos genótipos apresentaram 6 ramos, dentre estes em destaque o genótipo BRA 281, BRA 26956 e BRA 28226, todos ostentaram 6 ramificações laterais. O comprimento do fruto variou de 1,3 cm (BRA - 124) a 4,3 cm (BRA – 26646), os dois genótipos têm por características dois frutos por axila foliar; a floração ocorreu entre 30 a 45 dias após o plantio, e os genótipos apresentaram de 20 frutos por planta em BRA - 27804 a 113 frutos em BRA – 27146; a altura de inserção do primeiro fruto variou entre 0,20m a 0,50m considerada uma inserção curta; no ciclo de maturação houve similaridade, onde 100% dos genótipos tiveram o ciclo de maturação de até 99 dias, sendo considerado um ciclo de maturação precoce; a resistência ao acamamento verificou-se que em 37% das amostras houve a resistência ao acamamento, em 35% das plantas apresentaram algumas plantas acamadas e 28% dos genótipos apresentaram-se com muitas plantas tombadas ou com forte acamamento.

Quanto a produtividade de sementes por parcela variou de 59 g (BRA – 25771) que apesar de apresentar o aparecimento da primeira flor por volta dos 30 dias, o seu rendimento foi muito baixo, tendo em vista que a média de rendimento geral foi de 411 g, fato este que estar diretamente ligado com sua baixa germinação. O rendimento do acesso BRA – 28801 foi de 1075 g/parcela, considerado um rendimento bastante satisfatório se comparado com o rendimento da G4 que foi de 1384 g; o peso de 1000 sementes variou de 2 g nos genótipos BRA 25780, BRA 27898, BRA 28177, BRA 27847, BRA 26646, BRA 26956, BRA 281, BRA 27260 e BRA 27979 a 4,4 g no genótipo BRA 27383 que apresenta em média 88 frutos por planta.

Para se determinar a variabilidade existente entre os diferentes acessos avaliados foi usada a técnica multivariada que tem por finalidade agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos, uma vez que elas consideram, simultaneamente, todo o conjunto de descritores avaliados. A análise é caracterizada por considerar um conjunto de materiais genéticos em relação a um complexo de variáveis de interesse do melhorista, possibilitando a seleção de genótipos sob vários aspectos, principalmente os de natureza agronômica (Arriel, 2004).

Através da utilização dos diferentes critérios de agrupamento pôde-se identificar a existência de agrupamento natural dos genótipos em função da similaridade genética do germoplasma avaliado. Ressalta-se, entretanto, a importância do emprego de mais de um método de agrupamento, devido as diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos mesmos, isto permite que a classificação dos grupos se complementem em função dos critérios que cada técnica utiliza, impedindo que inferências errôneas sejam adotadas na alocação de materiais dentro de um determinado subgrupo de genótipos (Arriel, 2004).

Dentro deste contexto, os métodos de hierarquização UPGMA e otimização de Tocher foram empregados em conjunto para complementar os resultados. A análise multivariada dos caracteres a partir das dissimilaridades estimadas pelo índice de Cole-Rodgers possibilitou identificar como indivíduos mais similares os genótipos 33 x 50, por outro lado, os genótipos mais divergentes corresponderam aos indivíduos 1 x 26.

Mediante os dados obtidos pelo método de otimização de Tocher (Tabela 1) notou-se a formação de 14 grupos. No primeiro grupo ocorreu o agrupamento de 51% dos genótipos, sugerindo que mais da metade dos genótipos apresentados compartilham diversos caracteres. Constata-se também que os genótipos BRA 28771 (acesso 21) e BRA 841 (acesso 29) apresentaram-se bastante semelhantes a cultivar G4 (acesso 73), sendo esta atualmente uma das grandes cultivares que obtiveram sucesso no cenário do cultivo do gergelim no Brasil. Os acessos apresentaram semelhança quanto à forma quadrangular do caule, folhas inteiras, presença do “V” na corola, o fruto com o comprimento médio de 3,5 cm e deiscentes e sementes de cor branca. Quanto os genótipos identificados por BRA 27570 (acesso 3), BRA 27146 (acesso 59), BRA 281 (acesso 24), BRA 22900 (acesso 72), BRA 124 (acesso 38), BRA 28703 (acesso 39), foram isolados em grupos distintos por não apresentarem caracteres compartilhados com o restante dos genótipos.

Tabela 1: Agrupamento dos 73 genótipos de gergelim pelo método de Töcher, considerando os caracteres morfológicos e agronômicos.

Grupos	Genótipos
I	33 50 31 48 54 53 52 20 37 32 55 36 27 22 40 25 23 42 56 47 46 69 45 8 2 67 9 10 17 58 65 70 4 64 13 1 7
II	66 71 61 18 44 30
III	60 68 5 57 63 6 11 14 62
IV	15 16 28
V	49 51 26 12
VI	35 43 34
VII	21 29 73
VIII	19 41
IX	59
X	3
XI	24
XII	72
XIII	39
XIV	38

Pelo resultado da hierarquização dos genótipos pelo método UPGMA (Figura 1) nota-se, ao se adotar um percentual de divergência genética de aproximadamente 53%, a formação de diferentes agrupamentos heteróticos, dos quais seis são unitários, constituídos pelos genótipos 26, 38, 72, 59 41 e 3, e outros grupos constituídos de diferentes número de acessos, totalizando 14 agrupamentos similares ao procedimento adotado pela otimização de Tocher, como os grupos formados pelos genótipos 60, 68, 57, 63, 5, 6, 11 e 14; 43, 44, 35 e 34; 15 e 16; e o grupo 21, 29 e 73.

Na dispersão gráfica dos acessos num plano bi-dimensional (Figura 2) observa-se que alguns genótipos (34, 35, 38 e 52) se apresentam bastante isolados dos demais, como ocorreu nos agrupamentos anteriores, ratificando a maior divergência destes em relação a maioria dos genótipos avaliados.

Pelos resultados constata-se que entre os 72 acessos avaliados foi possível determinar a diversidade, principalmente relacionada às características de produtividade, número de frutos por planta, comprimento do fruto, cor das sementes, ciclo de maturação e número de ramificações laterais que podem ser usadas na seleção de genótipos superiores para o melhoramento genético da espécie.

CONCLUSÃO

A análise multivariada a partir dos métodos de UPGMA e Tocher permitiu identificar grupos similares e genótipos divergentes;

Os genótipos mais divergentes foram BRA 28151 e 24414 e os mais similares foram BRA 2879 e BRA 27855.

Constatam-se a variabilidade dos acessos avaliados para fins de obtenção de genótipos superiores com características de produtividade, número de frutos por planta, comprimento do fruto, cor das sementes, ciclo de maturação e número de ramificações laterais que podem ser usadas na seleção de genótipos superiores para o melhoramento genético da espécie.

Dentre os acessos, os genótipos BRA 28771, BRA 841 destacaram-se com alto potencial de produção de sementes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARRIEL, N. H. C. **Diversidade Genética em Gergelim (*Sesamum indicum* L.) a Partir de Marcadores Moleculares (RAPD) e Caracteres Morfológicos e Agronômicos.** Tese (Doutorado em Agronomia – Produção Vegetal) – Universidade Estadual Paulista: Jaboticabal, 2004.

COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluation using Capsicum as an example. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 1000-1002, 1997.

NOGUEIRA, M.C.S.; GOMES, F.P. **Delineamento de blocos casualizados completos aumentados.** In: Anais da ESALQ, São paulo: 1978, v. 35, p.225-241.

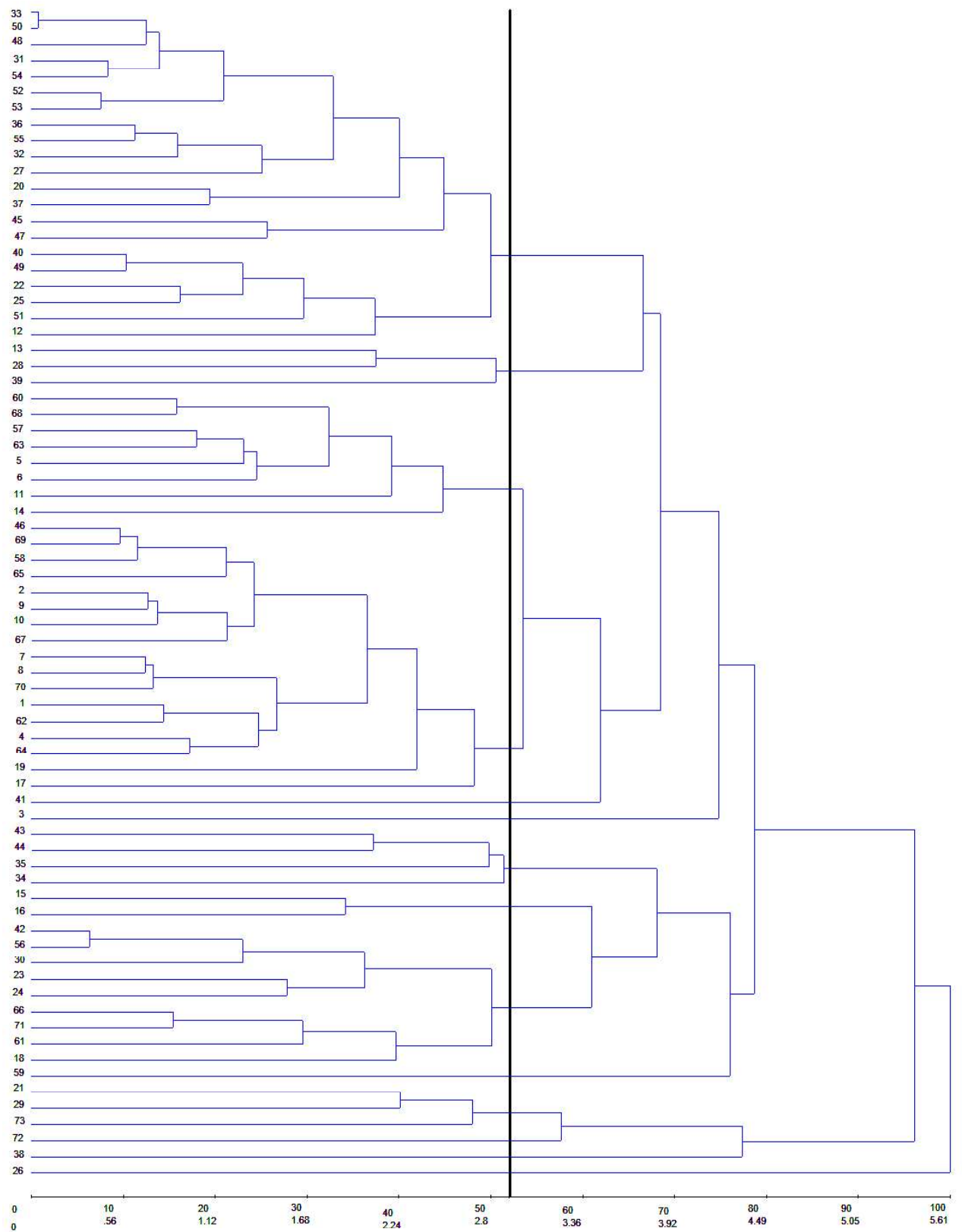


Figura 1: Dendrograma originado pelo UPGMA, a partir das dissimilaridades dos 73 genótipos de gergelim, baseados em caracteres morfológicos e agrônômicos.

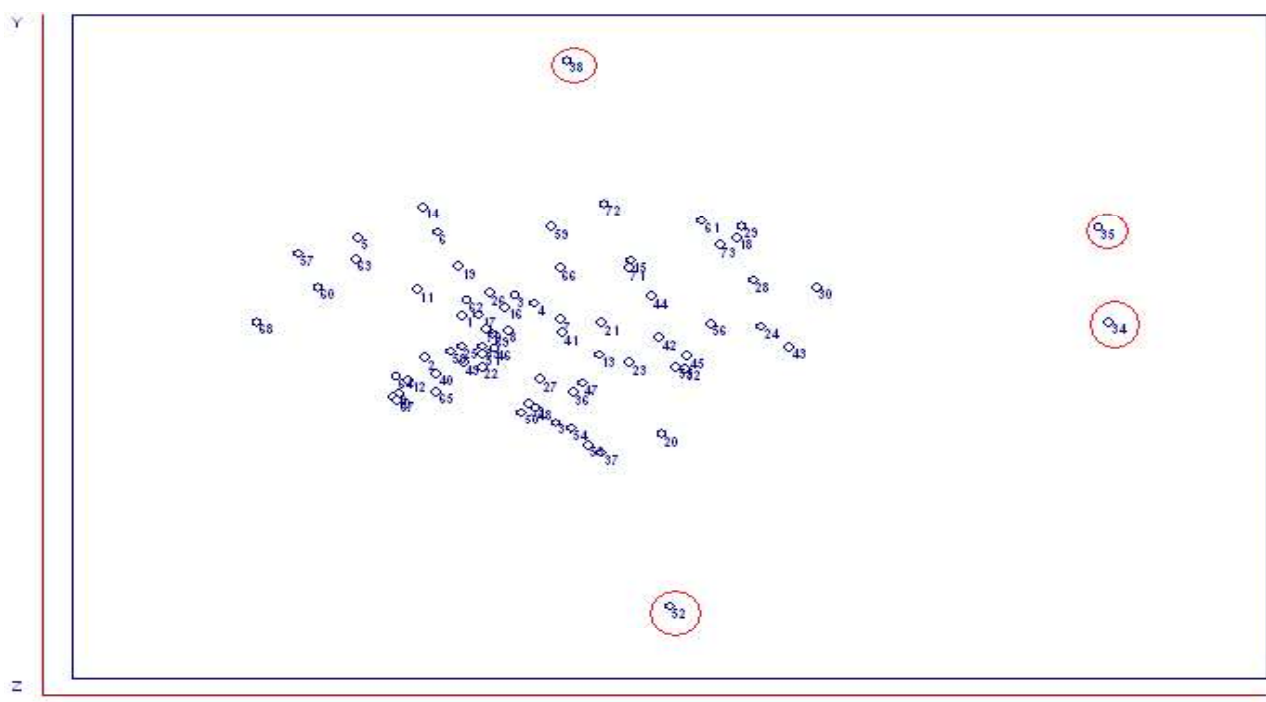


Figura 2: Dispersão gráfica dos 73 acessos de gergelim em relação as 20 variáveis morfológicas e agrônômicas avaliadas.