

DIVERGÊNCIA ENTRE ACESSOS DE ARROZ IRRIGADO BRASILEIRO UTILIZANDO O MÉTODO DE WARD

Luíce Gomes Bueno¹, Jaison Pereira de Oliveira², Claudio Brondani²

Palavras-chave: arroz, divergência genética, método Ward

INTRODUÇÃO

Grande parte de variabilidade genética da cultura do arroz pode ser encontrada nos bancos de germoplasma e a caracterização genética de plantas é uma prática comum de interesse na conservação desses recursos genéticos vegetais. Há com isso, favorecimento da manipulação e utilização dos acessos disponíveis desse cereal em programas de melhoramento genético que busquem, entre outros objetivos, a ampliação da base genética da cultura.

Descritores morfológicos, caracteres ecogeográficos, agronômicos e moleculares podem ser utilizados para caracterização e estudos de diversidade genética em coleções de germoplasma, sendo ferramentas complementares de extrema importância e aplicabilidade para a maioria das espécies vegetais. Neste contexto, as técnicas de análise multivariada podem ser utilizadas para avaliar a divergência entre indivíduos e detectar possíveis semelhanças, e os métodos de agrupamento podem ser destacados dentre essas técnicas.

Oliveira et al. (2008) salientam que a análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por meio de critério de classificação, os acessos em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre elas, dividindo assim, um grupo original de observações em vários grupos, segundo o critério de parença. Adotou-se o método de Ward, que é um método de variância, derivado de um processo hierárquico e aglomerativo, para fazer o agrupamento dos acessos. Este método forma agrupamentos de maneira a atingir sempre o menor erro interno entre os vetores que compõem cada grupo e o vetor médio, buscando o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo (Vieira, 2007). Oliveira et al. (2008) acrescentam ainda sobre o potencial desse método para minimizar as diferenças internas de grupos e para evitar problemas com “encadeamento” das observações, encontrados no método de ligação individual. Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi caracterizar a parença entre 37 acessos de linhagens e cultivares brasileiras (LCB) de sistema de cultivo irrigado da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE), reunindo-os em grupos por meio da técnica de agrupamento de Ward aplicada a caracteres agronômicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados acessos pertencentes ao estrato LCB (linhagens ou cultivares brasileiros) de sistema de cultivo irrigado da coleção nuclear de arroz da Embrapa (CNAE), estruturada a partir do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) dessa instituição (Tabela 1). O conjunto de dados foi obtido a partir de ensaios para caracterização agronômica da CNAE, instalados em onze locais distribuídos em sete unidades federativas (Goiás, Roraima, Tocantins, Rio Grande do Sul, Mato Grosso, Piauí e Rondônia) por três anos (2004/05 a 2006/07) e dois sistemas de cultivo, irrigado e sequeiro. Os experimentos foram instalados seguindo o delineamento de blocos aumentados de Federer (Federer, 1956). As parcelas experimentais foram constituídas de quatro metros quadrados, com densidade de plantio de 100 sementes/m. Foram utilizadas as variáveis morfo-agronômicas e de qualidade de grãos, como florescimento (Flo), altura de plantas (Alt), acamamento (Aca), brusone nas folhas (BF), escaudadura (Esc), mancha parda (MP), brusone na panícula (BP), mancha de grãos (MG), número de perfilhos (Perf), número de panículas/m (Panic), produção de grãos (Prod), porcentagem de grãos inteiros (Int), teor de amilose (TA), comprimento e largura de grãos (Com e Larg) e centro branco (CB).

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – Escola de Agronomia / Universidade Federal de Goiás, Campus Samambaia – Rod. Goiânia / Nova Veneza, Km 0 - Caixa Postal 131, CEP 74001-970, Goiânia-GO. E-mail: lugobueno@bol.com.br

² Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Para a análise dos dados adotou-se o método de Ward (Ward, 1963) em que os indivíduos são classificados em grupos. Este método consiste em um procedimento de agrupamento hierárquico no qual a medida de similaridade usada para juntar grupos é calculada como a soma de quadrados entre os dois agrupamentos feita sobre todas as variáveis (Hair et al., 2005). Em cada estágio, combinam-se os dois agrupamentos que apresentarem menor aumento na soma global de quadrados, atingindo sempre o menor erro interno entre os vetores que compõe cada grupo e o vetor médio do grupo. Isto equivale a buscar o mínimo desvio padrão entre os dados de cada grupo. A análise foi processada através do programa computacional SAS (SAS Institute, 2002).

Tabela 1. Lista de genótipos da CNAE, acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado).

| Acesso | Nome | Cod. CNAE | Origem | Acesso | Nome | Cod. CNAE | Origem |
|------------|---------------|-----------|---------------|------------|-----------------|-----------|---------------|
| G01 | BR - IRGA 409 | LCB1 | IRGA | G20 | CNA0006129 | LCB49 | EMPASC |
| G02 | BR - IRGA 413 | LCB2 | IRGA | G21 | CNA0006130 | LCB50 | EMPASC |
| G03 | BRS_AGRISUL | LCB3 | EMBRAPA-CPACT | G22 | DIAMANTE | LCB77 | EMBRAPA-CNPAF |
| G04 | BRS_BIGUA | LCB4 | EMBRAPA-CNPAF | G23 | EPAGRI_107 | LCB78 | EPAGRI |
| G05 | BRS_BOJURU | LCB5 | EMBRAPA-CPACT | G24 | EPAGRI_108 | LCB79 | EPAGRI |
| G06 | BRS_FORMOSO | LCB6 | EMBRAPA-CNPAF | G25 | IRGA 416 | LCB86 | IRGA |
| G07 | BRS_JABURU | LCB7 | EMBRAPA-CNPAF | G26 | IRGA 417 | LCB87 | IRGA |
| G08 | CNA0001106 | LCB12 | IRGA | G27 | IRGA 418 | LCB88 | IRGA |
| G09 | CNA0001107 | LCB13 | IRGA | G28 | IRGA 419 | LCB89 | IRGA |
| G10 | CNA0001108 | LCB14 | IRGA | G29 | IRGA 420 | LCB90 | IRGA |
| G11 | CNA0001109 | LCB15 | IRGA | G30 | MARAJÓ | LCB91 | EMBRAPA-CNPAF |
| G12 | CNA0001117 | LCB16 | EEPG | G31 | RIO_GRANDE | LCB92 | EMBRAPA-CNPAF |
| G13 | CNA0001337 | LCB18 | IPEACO | G32 | RS16PL12-10-1-B | LCB76 | EMBRAPA-CNPAF |
| G14 | CNA0001339 | LCB19 | IPEACO | G33 | RS16PL12-35-1-B | LCB73 | EMBRAPA-CNPAF |
| G15 | CNA0001344 | LCB20 | IPEACO | G34 | RS16PL1-34-4-B | LCB74 | EMBRAPA-CNPAF |
| G16 | CNA0001407 | LCB23 | IPEACO | G35 | RS16PL5-12-6-B | LCB75 | EMBRAPA-CNPAF |
| G17 | CNA0001413 | LCB24 | IPEACO | G36 | SCS_BRS_111 | LCB93 | EPAGRI |
| G18 | CNA0001414 | LCB25 | IPEACO | G37 | SCS_BRS_112 | LCB94 | EPAGRI |
| G19 | CNA0001416 | LCB26 | IPEACO | - | - | - | - |

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir do acompanhamento da evolução do método de Ward e da exploração das combinações dos dados de forma hierárquica aglomerativa, foi possível verificar que os agrupamentos ocorrem da maneira esperada durante o desenvolvimento das interações.

O dendrograma com a representação das distâncias dos agrupamentos formados entre indivíduos e grupos é apresentado na Figura 1. Foram obtidas 36 etapas de agrupamento, e em todas elas com diferentes valores do coeficiente de aglomeração (Tabela 2). Essa diferença pode evidenciar a não redundância ou a existência de variabilidade entre os acessos, mesmo que pequena.

Pode ser considerada a formação de três grupos para os acessos de arroz irrigado do estrato LCB (linhagens e cultivares brasileiras). O grupo A é formado por 19 acessos, dentre os quais, 10 são provenientes do programa de melhoramento genético da Embrapa Arroz e Feijão (CNPAF). Neste grupo, estão inclusos ainda, quatro genótipos da EPAGRI (G23, G24, G36 e G37). Um pequeno subgrupo é observado em A, o qual é constituído em sua maioria, por linhagens retiradas de um mesmo conjunto de cruzamento. A presença de muitos genitores em comum na constituição genética dos acessos avaliados está diretamente relacionada a este agrupamento formado.

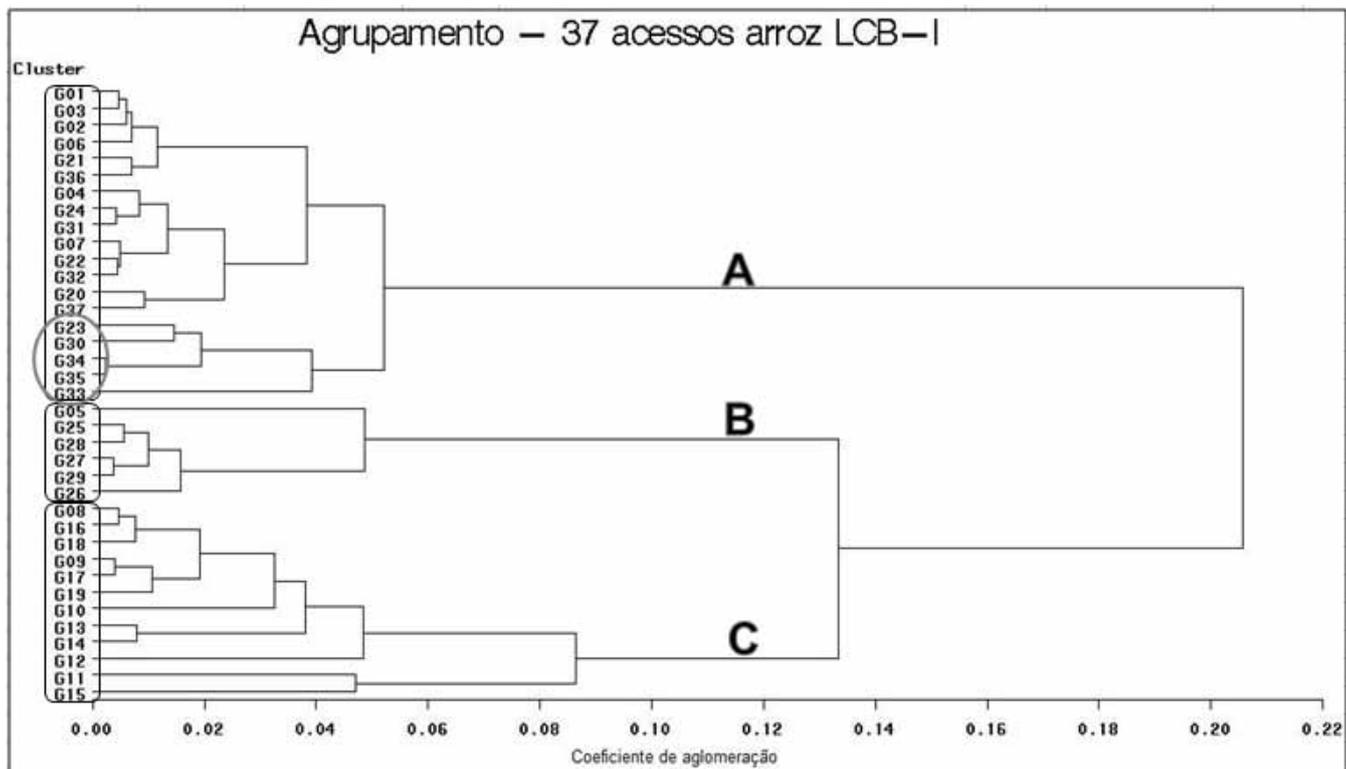


Figura 1 - Agrupamento de 37 acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado), pelo método de Ward.

Tabela 2. Esquema de aglomeração de análise hierárquica do agrupamento de 37 acessos LCB-I de arroz (linhagens e cultivares brasileiras - Irrigado), pelo método de Ward.

| Estágio | Agrupamento combinado | | Coeficiente de aglomeração | Estágio | Agrupamento combinado | | Coeficiente de aglomeração |
|---------|-----------------------|----------------------|----------------------------|---------|-----------------------|----------------------|----------------------------|
| | Acesso / Agrupamento | Acesso / Agrupamento | | | Acesso / Agrupamento | Acesso / Agrupamento | |
| 1 | G34 | G35 | 0,0023 | 19 | CL26 | CL25 | 0,0116 |
| 2 | G27 | G29 | 0,0038 | 20 | CL22 | CL29 | 0,0135 |
| 3 | G09 | G17 | 0,0039 | 21 | G23 | G30 | 0,0147 |
| 4 | G24 | G31 | 0,0043 | 22 | CL20 | G26 | 0,0158 |
| 5 | G22 | G32 | 0,0044 | 23 | CL24 | CL19 | 0,0193 |
| 6 | G01 | G03 | 0,0046 | 24 | CL16 | CL36 | 0,0194 |
| 7 | G08 | G16 | 0,0047 | 25 | CL17 | CL21 | 0,0236 |
| 8 | G07 | CL32 | 0,0050 | 26 | CL14 | G10 | 0,0324 |
| 9 | G25 | G28 | 0,0055 | 27 | CL11 | CL23 | 0,0381 |
| 10 | CL31 | G02 | 0,0060 | 28 | CL18 | CL12 | 0,0382 |
| 11 | CL27 | G06 | 0,0069 | 29 | CL13 | G33 | 0,0393 |
| 12 | G21 | G36 | 0,0070 | 30 | G11 | G15 | 0,0471 |
| 13 | CL30 | G18 | 0,0077 | 31 | CL10 | G12 | 0,0485 |
| 14 | G13 | G14 | 0,0080 | 32 | G05 | CL15 | 0,0486 |
| 15 | G04 | CL33 | 0,0083 | 33 | CL9 | CL8 | 0,0521 |
| 16 | G20 | G37 | 0,0094 | 34 | CL6 | CL7 | 0,0864 |
| 17 | CL28 | CL35 | 0,0101 | 35 | CL5 | CL3 | 0,1334 |
| 18 | CL34 | G19 | 0,0107 | 36 | CL4 | CL2 | 0,2057 |

O grupo B é formado por apenas seis acessos, sendo cinco deles desenvolvidos pelo IRGA e resultantes de cruzamentos que tem como um dos parentais o BR-IRGA 409. Esse genótipo (correspondente ao indivíduo G01) apresentou-se em outra formação de agrupamento (grupo A), e esta ocorrência pode ser explicada pelo efeito heterótico dos acessos provenientes dos cruzamentos. A proximidade da composição genética entre genótipos de arroz irrigado cultivado no Brasil, com presença de ancestrais comuns, foi relatada por Rangel et al. (1996).

O terceiro grupo formado (C) é composto por 12 acessos com maioria desenvolvida pelos programas de melhoramento do IRGA (Instituto Rio Grandense do Arroz) e IPEACO (Instituto de Pesquisa Agropecuária do Centro-oeste). Esse grupo apresentou maior divergência entre os genótipos, com maiores coeficientes de aglomeração a cada etapa de agrupamento (Tabela 2).

A distribuição dos acessos em diferentes grupos pode orientar a utilização de genótipos mais divergentes entre si, em programas de melhoramento que busquem a ampliação da base genética do arroz irrigado, além de favorecer o aproveitamento do poder heterótico.

CONCLUSÕES

A aplicação da análise de agrupamento e produção de dendrogramas demonstrou a existência de um padrão de distribuição da proximidade entre acessos da CNAE conforme programa de melhoramento dos quais foram originados.

Pelos passos do algoritmo de agrupamento do método de Ward verifica-se a divergência entre acessos, não se identificando duplicatas.

A divergência entre genótipos de diferentes programas de melhoramento do Brasil para o arroz irrigado pode favorecer a formação de novas populações e cultivares com base genética mais ampla.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v.55, p. 191-208, 1956.
- HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. & BLACK, W.C. **Análise multivariada de dados**. Trad. Adonai S. Sant'Anna e Anselmo C. Neto. 5 ed. Porto Alegre: Bookman, 2005, 600 p.
- OLIVEIRA, J. P.; DEL PELOSO, M.J. ; MORAIS, O.P. ; MELO, L. C. ; SILVA, H.T. ; FONSECA, J.R. ; SILVA, S.C. Parecença entre acessos tradicionais de feijão carioca utilizando o método de Ward. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 2008, Campinas - SP. CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO. Ciência e tecnologia na cadeia produtiva do feijão: **Anais...** Campinas - SP : Instituto Agrônômico, 2008. v. 9. p. 402-405.
- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P. & NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n.5, p. 349-347. 1996.
- SAS INSTITUTE. **SAS language and procedures: usage**. Cary, SAS institute Inc., 2002.
- VIEIRA, J. **Caracterização morfológica e molecular do banco de germoplasma de arroz irrigado (*Oryza sativa* L.) da EPAGRI**. 2007. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) – Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2007
- WARD, J.H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, n.58, p. 236, 1963.