

Divergência genética entre clones de *B. ruziziensis*, baseada em características morfológicas

Fausto de Souza Sobrinho², Letícia Pacheco de Oliveira³, Barbara Bruna Abreu de Castro³, Francisco José da Silva Lédo², Maurício Marini Kopp²

¹ Trabalho parcialmente financiado com recursos da FAPEMIG e do CNPq

²Pesquisador da Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora/MG. e-mail: fausto@cnpql.embrapa.br, ledo@cnpql.embrapa.br, kopp@cnpql.embrapa.br

³Estudantes de Graduação – Centro de Ensino Superior – CES/Juiz de Fora.

RESUMO: A existência de variabilidade genética é condição essencial para a atuação da seleção durante o melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização morfológica de clones de *B. ruziziensis*, visando o acompanhamento da variabilidade existente dentro dos materiais avaliados no programa de melhoramento. Foram avaliados 85 clones de *B. ruziziensis*, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres fenotípicos avaliados foram relacionados a três grupos morfológicos distintos: caracteres vegetativos, reprodutivos e de pilosidade. Os resultados das análises de variância detectaram diferenças para a maioria das características avaliadas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os clones de *B. ruziziensis*. A divergência genética média entre os clones foi de 1,92, variando de 0,52 à 2,97.

1. Introdução

A presença de variabilidade genética nas espécies cultivadas é fundamental para que se possa selecionar as cultivares mais adaptadas ao ambiente. Dispor de grande quantidade de variabilidade é garantia de aumentar a probabilidade da ocorrência de tipos superiores nas populações selecionadas (Paiva e Valois, 2001).

Por isso, o conhecimento da divergência genética é de grande importância dentro dos programas de melhoramento genético, por fornecer informações referentes ao grau de relacionamento ou parentesco entre os materiais avaliados (Shimoya et al., 2002).

Portanto, a avaliação de variabilidade fenotípica por meio de descrição morfológica poderá possibilitar o monitoramento de variabilidade genética entre as plantas utilizadas no programa de melhoramento genético de *B. ruziziensis*.

O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização morfológica de clones de *B. ruziziensis*, visando o acompanhamento da variabilidade existente dentro dos materiais avaliados no programa de melhoramento.

2. Material e Métodos

O experimento foi realizado no Campo Experimental de Coronel Pacheco (MG), pertencente a Embrapa Gado de Leite. Foram avaliados 85 clones de *B. ruziziensis*, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições.

Os caracteres fenotípicos avaliados foram relacionados a três grupos morfológicos distintos. No primeiro grupo, de caracteres vegetativos, foram avaliadas as características: comprimento das folhas, largura das folhas e comprimento da bainha. No segundo grupo foram avaliados os caracteres reprodutivos: comprimento da haste floral, comprimento do eixo da inflorescência; número de racemos por inflorescência, comprimento do racemo basal, número de espiguetas por racemo basal, largura da ráquis e porcentagem de manchas nas espiguetas. E no terceiro grupo foram avaliados os caracteres de pilosidade da ráquis, do limbo foliar (área central e bordas) e da bainha.

Os dados coletados foram submetidos à análises de variância e utilizados para obtenção das distâncias genéticas Euclidiana médias e posterior agrupamento dos clones utilizando o programa estatístico Selegen (Resende, 2007).

3. Resultados e Discussão

Os resultados das análises de variância detectaram diferenças entre os clones para a maioria das características avaliadas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os clones de *B. ruziziensis*.

A distância genética média entre os clones foi de 1,92, variando de 0,52 para o par de clones 43 e 99, à 2,97, para os clones 101 e 31. Baseado nas distâncias genéticas médias, os clones foram agrupados em 5 grupos, sendo que 79 pertencem ao primeiro grupo. Os clones 56 e 44, 45 e 101, 100 e 92 foram os mais contrastantes, tendo sido alocados em grupos diferentes (Tabela 1).

Evidencia-se, portanto, a existência de variabilidade genética para características morfológicas dos clones de *B. ruziziensis* avaliados no programa de melhoramento conduzido pela Embrapa Gado de Leite. As informações referentes à distância genética entre os clones serão levadas em consideração na seleção dos melhores materiais para obtenção de populações melhoradas, visando manter e acompanhar a variabilidade genética durante os ciclos seletivos (seleção recorrente).

Tabela 1. Agrupamentos de clones de *B. ruziziensis* baseados na distância genética Euclidiana média obtidas a partir de características morfológicas das plantas.

Grupo	Clones
1	50, 86, 46, 5, 36, 1, 69, 6, 28, 96, 49, 15, 89, 3, 20, 9, 32, 22, 77, 104, 23, 30, 26, 2, 10, 25, 41, 42, 19, 71, 55, 35, 43, 4, 83, 66, 13, 98, 90, 95, 93, 34, 8, 99, 70, 102, 37, 31, 72, 65, 24, 58, 7, 21, 11, 103, 97, 59, 80, 52, 76, 27, 51, 73, 75, 82, 29, 85, 53, 14, 84, 54, 40, 33, 48, 64, 16, 62 e 39
2	56 44
3	45 101
4	100
5	92

4. Referências

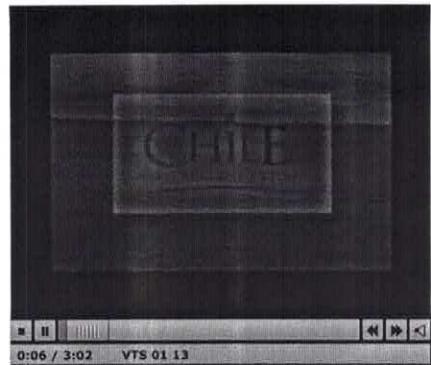
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 361 p.
- SHIMOYA, A.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, R.P.; PEREIRA, A.V.; CARNEIRO, P.C.S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p.971-980, 2002.



Tamaños Posters
1,20 de alto X
0,90 de ancho

Inicio
Comité Organizador
Programas
Resumenes
Información Posters
Inscripción
Lugar Evento
Alojamiento
Contacto

Nuevo PDF (2.62 mb)
Boletín Informativo



28 - 29 y 30
Octubre
Pucón - Chile - 2009
GRAN HOTEL
PUCÓN

Organizan



Informaciones
sirgealcchile@gmail.com
Tel (56-45) 215706
Anexo 268

Sitio web optimizado para configuraciones de pantalla mínima de 1024 x 768 px, para ver en explorer 6 o sup y mozilla 3.0.11 o sup
Todos los derechos reservados INIA Carillanca versión 2009
[Web master](#)