



Aplicação de métodos de agrupamento na avaliação da distância genética entre acessos de *Cratylia argentea*¹

Cristina Maria Pinto de Paula², Vanderley Borges dos Santos³, Antônio Vander Pereira⁴, Juliane Dornellas Nunes³, Ana Luisa Souza Azevedo³, Francisco José da Silva Lédo⁴, Pricila Palla Costa⁵

¹Trabalho parcialmente financiado com recursos da FAPEMIG, CNPq e Unipasto

²Bolsista de iniciação científica do CNPq na Embrapa Gado de leite. e-mail: cris0283@hotmail.com

³Pós-Doutorandos da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG. e-mail: vanderley-agro@ig.com.br

⁴Pesquisadores da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG. e-mail: led@cnpgl.embrapa.br

⁵Bolsista de apoio técnico na Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG. e-mail: pricilapalla@hotmail.com

Resumo: O conhecimento da diversidade genética entre um grupo de genótipos a partir da caracterização morfológica e molecular é de grande importância em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética com relação à doze caracteres morfológicos em 28 acessos de *Cratylia argentea*, com base em análise multivariada. Os acessos foram agrupados através do método aglomerativo de otimização de Tocher e método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Ambos os métodos apresentaram semelhança na forma de agrupamento dos acessos, porém houve divergências na composição de alguns grupos. Quando comparados os dois métodos é possível inferir que os acessos 6, 15, 18 e 27 são morfologicamente divergentes dos demais nas duas análises. E que os mesmos apresentam um potencial para utilização como progenitores em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: análise multivariada, *Cratylia argentea*, dissimilaridade genética

Application of cluster methods in the evaluation of genetic distance in *Cratylia argentea* accessions

Abstract: The knowledge of genetic diversity among group of genotypes from the morphological and molecular characterization is of great importance in breeding programs. The goal of this study was to evaluate the genetic diversity with relation to twelve morphological traits in 28 access of *Cratylia argentea* based on multivariate analysis. The access were grouped through of Tocher agglomerative optimization method and UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) hierarchical method. The access grouping were similar in both methods, in the way of but there were differences in the compositions of some groups. When comparing the two methods is possible to infer that the 6, 15, 18 and 27 access are morphologically different to the others in both analysis. And this access presents a potential use like parents in genetic breeding programs.

Keywords: multivariate analysis, *Cratylia argentea*, genetic dissimilarity

Introdução

A espécie *Cratylia argentea* (Desv.) O. Kuntze é uma leguminosa arbustiva, nativa da América do Sul que apresenta elevada resistência à seca e alto valor nutritivo (Lascano, 1995).

Muitas espécies forrageiras vêm sendo estudadas e selecionadas por pesquisadores para a alimentação de bovinos, dentre as leguminosas forrageiras estudadas pela Embrapa Gado de Leite, *Cratylia argentea* se destacou na capacidade de produção na Zona da Mata de Minas Gerais, por sua notável resistência à seca, capacidade de produzir forragem rica em proteína e alta produção de matéria seca (Xavier & Carvalho, 1995).

O conhecimento da diversidade genética entre um grupo de genótipos a partir da caracterização morfológica e molecular é de grande importância em programas de melhoramento, aumentando a possibilidade de êxito na seleção de genitores. Dentre as técnicas multivariadas mais utilizadas para o estudo da divergência genética citam-se a análise por agrupamento e por componentes principais (Cruz, 2006). O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética em 28 acessos de *C. argentea*, com base em análise multivariada, visando identificar acessos promissores para serem utilizados futuramente em cruzamentos.



Material e Métodos

O ensaio foi realizado no campo experimental da Embrapa Gado de Leite, no Município de Coronel Pacheco, MG. Foram avaliadas doze características morfológicas quantitativas em vinte e oito acessos de *Cratylia argentea* da coleção de *Cratylia* da Embrapa Gado de Leite. Os dados foram coletados no inverno (junho/julho de 2007), época de florescimento da espécie. O delineamento experimental foi em blocos completos ao acaso.

A estimativa da matriz de distância genética por meio das variáveis quantitativas foi obtida através da Distância Euclidiana Média. Com base na matriz de distância foi empregado o método aglomerativo de otimização de Tocher e o método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). As análises foram realizadas no programa estatístico GENES (Cruz, 2006).

Resultados e Discussão

A análise de agrupamentos pelo Método de Otimização de Tocher possibilitou a formação de onze grupos (Tabela 1), que apresentaram homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos. O maior grupo foi o primeiro, que agrupou 11 acessos, seguido do segundo grupo composto por quatro acessos e do quinto grupo por três acessos. Caracteres distintos dos acessos dos grupos 1, 2 e 5 são esperados em comparação aos outros acessos, pelo fato de terem formado grupos isolados, incluindo apenas um ou dois acessos. A existência de grupos unitários indica que os mesmos são mais dissimilares em relação ao conjunto como um todo, e entre eles próprios (Oliveira, 1997).

Tabela 1 Agrupamento de genótipos de *C. argentea* pelo método de otimização de Tocher, com base na Distância Euclidiana Média.

Grupo	Acessos	Grupo	Acessos
1	7, 24, 2, 26, 10, 11, 4, 13, 23, 14 e 20	7	6
2	1, 22, 21 e 3	8	27
3	16 e 25	9	8
4	5 e 17	10	18
5	12, 19 e 28	11	15
6	9		

Através do dendograma formado pelo método hierárquico UPGMA (Figura 1) pôde-se observar as distâncias relativas entre os grupos de acessos utilizados no estudo. A linha vertical representa a média das distâncias da matriz de agrupamento (1,04). Observou-se a formação de treze grupos, que foram discriminados da seguinte forma: grupo I (acessos 7, 24, 2, 26 e 28), grupo II (9 e 14), grupo III (4, 25, 20 e 21), grupo IV (10, 11, 05, 13 e 23), grupo V (15), grupo VI (17), grupo VII (27), grupo VIII (18), grupo IX (1 e 22), grupo X (3 e 8), grupo XI (6), grupo XII (12 e 19) e grupo XIII (16). Os acessos 6, 15, 16, 17, 18 e 27 foram considerados mais divergentes em relação aos demais acessos por formarem grupos unitários, no entanto, o acesso 16 destacou-se como mais divergente em relação a todos os grupos.

Considerando-se que a análise multivariada possibilita a predição da heterose, alguns cruzamentos podem ser sugeridos a partir destas análises, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características agrônomicas (Sudré et al., 2005).

Os métodos de agrupamento tanto o de otimização Tocher, quanto o hierárquico UPGMA, apresentaram semelhança na forma de agrupamento dos acessos, porém houve divergências na composição de alguns grupos. A comparação entre os dois métodos possibilitou identificar os acessos 6, 15, 18 e 27 como morfológicamente divergentes dos demais nas duas análises. A recomendação de cruzamentos deve priorizar a utilização destes acessos como progenitores em programas de melhoramento genético.

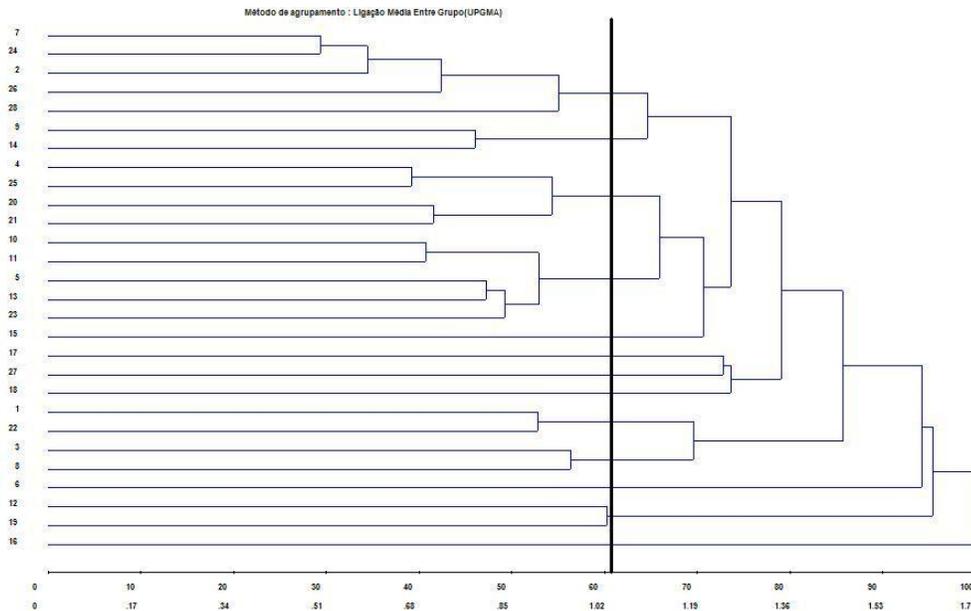


Figura 1 Dendograma de dissimilaridade entre 28 acessos de *Cratylia argentea* com base na distância Euclidiana média e agrupado pelo método hierárquico UPGMA.

Conclusões

Os métodos de agrupamento Tocher e UPGMA foram eficientes em representar a distância morfológica entre os acessos de *Cratylia argentea* avaliados.

Com base nos resultados obtidos, os acessos 6, 15, 18 e 27 foram dissimilares, portanto apresentam potencial para serem utilizados como progenitores em programas de melhoramento genético.

Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPEMIG, UNIPASTO e CNPq pelo apoio financeiro a pesquisa.

Literatura citada

- CRUZ, C.D. **Programa GENES: Análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2006. 175p.
- LASCANO, C.E. Calidad Nutritiva y Utilización de *Cratylia argentea*. In: PIZARRO, E.A.; CORADIN, L. (Ed.). **Potencial del género *Cratylia* como leguminosa forrajera**. Brasília: EMBRAPA/CENARGEN/CPAC/CIAT, 1995. p.83-94.
- OLIVEIRA, V.R. **Diversidade genética em pimentão (*Capsicum annuum* L.) e controle gênico da tolerância ao baixo teor de fósforo no solo**. 1997. 108f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1997.
- SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M. et al. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, n.1, p.22-27, 2005.
- XAVIER, D.F.; CARVALHO, M.M. Avaliação agrônômica da *Cratylia argentea* na Zona da Mata de Minas Gerais. In: PIZARRO, E.A.; CORADIN, L. (Ed.). **Potencial del género *Cratylia* como leguminosa forrajera**. Brasília: EMBRAPA/CENARGEN/CPAC/CIAT, 1995. p.29-39.