



Agrupamento de otimização com base em caracteres morfológicos em híbridos de *Panicum maximum*

Janaina Azevedo Martuscello¹, Thiago Gomes dos Santos Braz², Liana Jank³, Daniel de Noronha Figueiredo Vieira da Cunha⁴, Dilermando Miranda da Fonseca

¹Professor do Departamento de Zootecnia da UFSJ, São João del-Rei - MG, Brasil. e-mail: janaina@ufs.edu.br, daniel@ufs.edu.br

²Pós-doutorando do Departamento de Zootecnia da UFVJM, Diamantina - MG, Brasil. e-mail: thiagogsbz@hotmail.com

³Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande – MS, Brasil. email: liana@cnpqc.embrapa.br.

⁴Professor do Departamento de Zootecnia da UFV, Viçosa-MG, Brasil. email: dfonseca@ufv.br

Resumo: Objetivou-se com este trabalho avaliar a diversidade genética de híbridos de 10 famílias de meios irmãos de *Panicum maximum*. Os híbridos foram descritos quanto as suas características morfológicas vegetativas: altura de planta (ALT), forma de crescimento (FOR), porte da folha (PORF) e presença de cerosidade (CER); e caracteres de pilosidade: densidade de pelos na lâmina (DePL), comprimento dos pelos da lâmina (CoPL), dureza dos pelos da lâmina (DuPL), densidade de pelos na bainha (DePB), comprimento dos pelos da bainha (CoPB), dureza dos pelos da bainha (DuPB). As características FOR e CER não foram utilizadas na análise por terem sido invariáveis entre os genótipos avaliados. A análise de agrupamento de otimização com base na distância euclidiana média proporcionou a formação de 15 grupos. Dos 270 indivíduos avaliados, 5 não puderam ser agrupados devido ao alto índice de dissimilaridade observado entre estes e os demais grupos. Os indivíduos das progênes de meios-irmãos de *P. maximum* são divergentes geneticamente. O grupo de características utilizado não foi capaz de diferenciar os indivíduos de acordo com a sua progênie, entretanto, grupos morfológicos distintos puderam ser estabelecidos de acordo com a metodologia de Tocher.

Palavras-chave: análise multivariada, descritores, dissimilaridade, Tocher

Optimization cluster analysis based on morphological traits in *Panicum maximum* hybrids

Abstract: The objective with this work was to evaluate the genetic diversity of hybrids of 10 half-sib families of *Panicum maximum*. The hybrids were evaluated for their vegetative morphological characteristics: plant height (ALT), growth habit (FOR), leaf type (PORF) and glaucousness (CER); and pilosity descriptors: density of hairs on the leaf blade (DePL), length of hairs on the leaf blade (CoPL), hardness of hairs on the leaf blade (DuPL), density of hairs on the sheath (DePB), length of hairs on the sheath (CoPB), hardness of hairs on the sheath (DuPB). The characteristics FOR and CER were not used in the analyses because they were invariable among the genotypes evaluated. The optimization grouping analyses based on the mean Euclidian distance resulted in the formation of 15 groups. Of the 270 individuals evaluated, 5 were not able to be grouped because of their high dissimilarity index observed among them and the other groups. The individuals of the half-sib progenies of *P. maximum* are genetically divergent. The group of characteristics used was not able to differentiate the individuals according to its progeny, however, distinct morphological groups were established according to the Tocher methodology.

Keywords: descriptors, dissimilarity, multivariate analysis, Tocher

Introdução

O melhoramento genético vem recebendo cada vez mais importância na pesquisa com plantas forrageiras. Frente aos recentes avanços neste ramo da pesquisa, a realização de cruzamentos vem se destacando como estratégia eficiente de obtenção de híbridos mais adaptados e competitivos. Entretanto, este procedimento é dependente da identificação de progenitores divergentes por proporcionem maior heterose nos cruzamentos. Nesse sentido, parte-se da premissa de que a recombinação de indivíduos divergentes, de bom desempenho, pode resultar em maior complementaridade genética e vigor híbrido na F1 e, nas gerações segregantes, maior recuperação de indivíduos transgressivos (Cruz et al., 2011). A diversidade genética pode ser estudada por meio de vários tipos de caracteres, dentre eles os morfológicos, que além de permitir a identificação de indivíduos contrastantes, é útil no manejo dos recursos genéticos por meio da caracterização de plantas no banco de germoplasma. Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho avaliar a diversidade genética de indivíduos híbridos de *P. maximum* com base em caracteres de morfológicos.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte no município de Campo Grande, Mato Grosso do Sul, a 20°27' de latitude e 54°57' de longitude, onde o clima, segundo a classificação de Köppen, é do tipo tropical



chuvoso de savana, subtipo Aw, com estações seca durante os meses frios e chuvosa durante o verão. Os 250 acessos do banco de germoplasma de *P. maximum* estavam bem conservados em campo cultivados em parcelas de 4 × 4 m² com 2 m entre parcelas. Distribuídos aleatoriamente entre os acessos apomíticos (tetraplóides), encontravam-se dez parcelas com plantas sexuais (tetraplóides). Na época de florescimento (março a maio), as plantas sexuais foram fecundadas naturalmente pelos acessos vizinhos, fazendo com que suas sementes gerassem famílias de meios-irmãos. Sementes híbridas de dez plantas sexuais foram colhidas em maio e junho de 2004 e germinadas em casa de vegetação até atingirem condições adequadas para plantio no campo.

Em dezembro de 2004, as mudas por progênes foram transplantadas para a área experimental em delineamento de blocos ao acaso, com cinco plantas por parcela e seis repetições, totalizando 30 plantas por família. O espaçamento foi de 1 m entre parcelas e entre plantas na parcela e de 2 m entre repetições. Após o estabelecimento, as parcelas foram manejadas por meio de cortes com uso de roçadeira costal.

Para a caracterização morfológica dos híbridos, foram utilizados os descritores morfológicos propostos por Jank et al. (1997) no Catálogo de Caracterização e Avaliação de Germoplasma de *Panicum maximum*. Assim, os híbridos foram descritos quanto as suas características morfológicas vegetativas: altura de planta (ALT), forma de crescimento (FOR), porte da folha (PORF) e presença de cerosidade (CER); e caracteres de pilosidade: densidade de pelos na lâmina (DePL), comprimento dos pelos da lâmina (CoPL), dureza dos pelos da lâmina (DuPL), densidade de pelos na bainha (DePB), comprimento dos pelos da bainha (CoPB), dureza dos pelos da bainha (DuPB). As características FOR e CER não foram utilizadas na análise por terem sido invariáveis entre os genótipos avaliados.

O estudo de diversidade genética foi realizado por meio de matrizes de dissimilaridade entre pares de híbridos com base no valor fenotípico padronizado dos descritores morfológicos avaliados. Para isto, utilizou-se a distância euclidiana média. De posse das matrizes, realizou-se o agrupamento dos indivíduos por meio do método de otimização de Tocher. Todas as análises foram realizadas por meio do Programa Genes, versão 1.0.0, na seção Análise Multivariada e Simulação (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

A análise de agrupamento de otimização com base na distância euclidiana média proporcionou a formação de 15 grupos (Tabela 1). De acordo com Mohammadi & Prasanna (2003) a distância euclidiana é a estatística mais utilizada na estimativa da distância genética entre indivíduos por meio de caracteres morfológicos. Os grupos com maior número de indivíduos foram os grupos 1, 2 e 3, com 93, 65 e 62 híbridos, respectivamente. Já os grupos 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10, reuniram 15, 6, 11, 6, 3, 2 e 2 indivíduos, respectivamente. Dos 270 indivíduos avaliados, 5 não puderam ser agrupados devido ao alto índice de dissimilaridade observado entre estes e os demais grupos. Nesse sentido, estes indivíduos permaneceram em grupos individuais. Os grupos 1, 2 e 3 abrangeram 34,44; 24,07; e 22,96% dos indivíduos da população, respectivamente. Shimoya et al., (2002) em estudo sobre a diversidade genética entre genótipos do banco de germoplasma de capim-elefante, observaram a formação de 18 grupos segundo a metodologia de Tocher, baseada na matriz de distâncias generalizadas de Mahalanobis e a inclusão de 44% dos genótipos no primeiro grupo.

Tabela 1. Número total de indivíduos, de indivíduos no maior grupo, de grupos com um indivíduo e número total de grupos de acordo com a metodologia de otimização de Tocher, a partir da distância euclidiana média padronizada em híbridos de *Panicum maximum*.

	Híbridos
Número total de indivíduos	270
Número de indivíduos no maior grupo	93
Número de grupos com um indivíduo	5
Número total de grupos	15

A maior distância entre grupos foi estimada entre os grupos 7 e 15 (2,4232). Já os grupos que apresentaram menor valor de distância foram os grupos 11 e 13 (1,1115) (Tabela 2). Apesar de estes grupos terem apresentado maiores e menores valores de distância, os grupos 11, 13 e 15 são constituídos por apenas um indivíduo. Nesse sentido, se consideramos aqueles com mais de um indivíduo tem-se 2,1165 como distância máxima entre os grupos 3 e 10 e 1,1890 como distância mínima entre os grupos 2 e 8. A distância média entre grupos foi estimada em 1,6143. A distância máxima entre indivíduos foi observada entre os indivíduos 33 e 246, os quais pertencem ao grupo 1 e às progênes 7 e 10 respectivamente.

A identificação dos indivíduos ou grupos mais discrepantes, além do desempenho do genótipo, também é importante para a escolha daqueles que serão recombinados. É sabido que os indivíduos 188 e 238, além de apresentarem alta dissimilaridade, possuem bom desempenho (Martuscello et al., 2009) e podem ser recomendados



como progenitores para a obtenção da população recombinada. Os indivíduos 1 e 107, 1 e 134 e 134 e 204 também são indivíduos de bom desempenho e apresentam medidas de dissimilaridade acima da média. Apesar da existência de indivíduos superiores e discrepantes, os híbridos identificados por Martuscello et al. (2009) como aqueles de melhor desempenho de acordo com o índice de seleção no período das águas, foram agrupados principalmente nos grupos 1, 3 e 4, os quais apresentaram, de maneira geral, índice de dissimilaridade abaixo de 1,6143, com exceção da combinação entre os grupos 3 e 4 (Tabela 2).

Tabela 2. Distância entre grupos (acima da diagonal) e distância média entre os indivíduos dentro do grupo (na diagonal) formados pelo método de otimização com base em características morfológicas de progênes de meios irmãos de *Panicum maximum*.

	Grupos														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	0,726	1,651	1,308	1,326	1,475	2,049	1,611	1,838	1,983	1,801	1,428	2,262	1,403	1,750	2,280
2		0,950	1,325	1,490	1,220	1,301	1,369	1,189	1,336	1,700	1,817	1,677	1,280	1,212	1,627
3			0,797	1,748	1,514	1,756	1,442	1,697	1,869	2,117	1,844	2,085	1,155	1,743	2,080
4				0,912	1,358	1,740	1,597	1,434	1,728	1,372	1,437	1,986	1,528	1,404	2,013
5					0,872	1,526	1,227	1,701	1,290	1,582	1,729	1,667	1,550	1,299	2,118
6						0,918	1,485	1,496	1,219	1,430	1,668	1,115	1,183	1,722	1,531
7							0,938	1,922	1,675	1,611	1,903	1,330	1,439	1,855	2,423
8								0,757	1,560	1,740	1,796	2,070	1,422	1,258	1,206
9									0,973	1,463	1,557	1,487	1,447	1,437	1,554
10										0,974	1,194	1,322	1,495	1,821	1,891
11											0,000	1,942	1,112	1,884	1,786
12												0,000	1,530	2,280	2,214
13													0,000	1,828	1,569
14														0,000	1,592
15															0,000

Conclusões

Os indivíduos das progênes de meios-irmãos de *Panicum maximum* são divergentes geneticamente. O grupo de características utilizado não foi capaz de diferenciar os indivíduos de acordo com a sua progênie, entretanto, grupos morfológicos distintos puderam ser estabelecidos de acordo com a metodologia de Tocher.

Literatura citada

- 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**. v.37, n.7, p.971-980, 2002.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes – Diversidade Genética**. 1.ed. Viçosa: UFV, 2008. 278p.
- CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1.ed. Viçosa: Suprema, 2011. 620p.
- JANK, L.; CALIXTO, S.; COSTA, J.C.G. et al. **Catálogo de caracterização e avaliação de germoplasma de *Panicum maximum*: descrição morfológica e comportamento agrônomo**. Embrapa, Documentos, n.68, 53p. 1997.
- MOHAMMADI, S.A. & PRASANNA, B.M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**. v.43, p.1235-1248, 2003.
- MARTUSCELLO, J.A.; JANK, L.; FONSECA, D.M.; CRUZ, C.D.; CUNHA, D.N.F.V. Among and within family selection and combined half-sib family selection in *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.38, n.10, p.1870-1877, 2009.