



43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
24 a 27 de Julho de 2006
João Pessoa - PB

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS E HÍBRIDOS DE “ARACHIS” SPP BASEADA EM CARACTERES MORFOLÓGICOS (1)

TALITA A. BALZON (2), GISELLE MARIANO LESSA DE ASSIS(3), JUDSON F. VALENTIM(4), ALIEDSON S. FERREIRA(5), JAMILE ALVES DE FARIA(6)

(1) Fonte Financiadora: CNPq/Funtac.

(2) Estudante de Engenharia Agrônoma / Ufac. Bolsista do CNPq/Pibic, Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC. E-mail: tatabalzon@hotmail.com

(3) Zootecnista, D. Sc., Pesquisadora da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC.

(4) Engenheiro Agrônomo, Ph.D., Pesquisador da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC.

(5) Estudante de Engenharia Agrônoma /Ufac. Bolsista do CNPq/ Pibic, Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC.

(6) Estudante de Engenharia Agrônoma /Ufac. Estagiária da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC.

RESUMO

Este trabalho teve o objetivo de verificar a divergência genética existente entre genótipos de “Arachis” spp., com base em caracteres morfológicos. O estudo foi desenvolvido no Campo Experimental da Embrapa Acre. A caracterização morfológica de 19 genótipos foi realizada entre janeiro e março de 2006, levando-se em consideração 10 características distintas. Inicialmente, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade, pelo qual se detectou forte dependência linear entre determinados caracteres, levando ao descarte preliminar das variáveis comprimento do folíolo basal, largura do folíolo apical e comprimento do pecíolo. Foi realizada a análise de componentes principais com sete caracteres. Os dois primeiros componentes principais foram capazes de explicar 76% da variação total. Foram identificados também os caracteres de menor importância na discriminação entre os genótipos. Conforme avaliação visual da dispersão bidimensional, oito grupos foram formados: Grupo 1: V 14950, 12787x1579, W 215, W 220 e Belmonte; Grupo 2: V 6727, 13468x13167, Ae 2319, BRA 030333 e V 6784; Grupo 3: 13167x6791wf, 13167x12787 e W 902; Grupo 4: W 788 e W 217; Grupo 5: V 13634; Grupo 6: Sv 5821; Grupo 7: Alqueire; e Grupo 8: BR 040550. Os grupos formados irão auxiliar na escolha de progenitores a serem utilizados em hibridações nos programas de melhoramento genético de “Arachis” spp.

PALAVRAS-CHAVE

amendoim forrageiro, análise multivariada, hibridação, melhoramento genético, multicolinearidade

GENETIC DIVERGENCE AMONG ACCESSIONS AND HYBRIDS OF “ARACHIS” SPP BASED ON MORPHOLOGICAL TRAITS (1)

ABSTRACT

The objective of this study was to verify the genetic divergence among genotypes of “Arachis” spp., based on morphological traits. The study was conducted at the Experimental Station of Embrapa Acre.

The morphological characterization of 19 genotypes was carried out between January and March, 2006, considering 10 distinct traits. Initially, the diagnostic of multicollinearity was conducted, which detected strong linear dependency between traits, leading to the preliminary elimination of the traits basal length of leaflets, apical width of leaflets and length of petioles. Principal component analysis was accomplished with seven traits. The first two principal components were able to explained 76% of the total variation. The less important traits to differentiate the genotypes were also identified. Based on visual analysis of the bidimensional dispersion, eight groups were formed: Group 1: V 14950, 12787x1579, W 215, W 220 and Belmonte; Group 2: V 6727, 13468x13167, Ae 2319, BRA 030333 and V 6784; Group 3: 13167x6791wf, 13167x12787 and W 902; Group 4: W 788 and W 217; Group 5: V 13634; Group 6: Sv 5821; Group 7: Alqueire; e Group 8: BR 040550. These groups will facilitate the identification of progenitors for hybridizations in genetic breeding programs of "Arachis" spp.

KEYWORDS

peanut, genetic breeding, hybridization, multicollinearity, multivariate analysis

INTRODUÇÃO

O crescimento acelerado da pecuária brasileira nas regiões de clima quente e úmido da Amazônia Legal torna cada vez mais importante a diversificação dos ecossistemas das pastagens cultivadas, como estratégia para reduzir os riscos de degradação e perda total destas áreas devido a ocorrência de pragas e doenças.

Tecnologias para utilização de pastagens consorciadas de gramíneas e leguminosas são essenciais para a formulação de políticas visando assegurar que a revolução pecuária que está ocorrendo nos trópicos possa conciliar crescimento econômico, redução da pobreza e conservação do meio ambiente (Valentim e Andrade, 2004).

Os recursos genéticos do gênero "Arachis" incluem espécies silvestres, que se destacam pelo elevado potencial de produção de forragem de qualidade em pastagens cultivadas (Castro et al., 2003).

Nas últimas décadas, como consequência da maior disponibilidade de bancos de germoplasma, o uso das espécies silvestres relacionadas às cultivares agrícolas tem despertado o interesse de melhoristas, pela possibilidade de introdução de novos genes economicamente importantes, que promovam a ampliação da base genética, geralmente muito restrita nas espécies cultivadas (Oliveira, 1997).

Este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a divergência genética existente entre genótipos de "Arachis" spp., com base em caracteres morfológicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram caracterizados morfológicamente 13 acessos e três híbridos intraespecíficos de "A. pintoi", um híbrido interespecífico de "A. pintoi" x "A. repens" e duas cultivares de "A. pintoi", denominadas Alqueire-1 e Belmonte. Os genótipos utilizados neste trabalho fazem parte da Coleção de Germoplasma de "Arachis" spp da Embrapa Acre e são provenientes do Banco de Germoplasma de "Arachis" spp da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Os genótipos foram introduzidos na Embrapa Acre em marco de 2004 e são mantidos em parcelas de 2 m x 2 m, em um Latossolo Vermelho - Amarelo com textura média.

A caracterização morfológica foi realizada no período de janeiro a março de 2006, levando-se em consideração os seguintes caracteres: comprimento do folíolo basal (CFB), largura do folíolo basal (LFB), comprimento do folíolo apical (CFA) e largura do folíolo apical (LFA), medidos em mm, com paquímetro; forma do folíolo apical (FFA), cuja avaliação visual foi realizada com adaptações conforme escala do IBPGR & ICRISAT (1992); número de cerdas por cm de pecíolo (NCP), cuja contagem foi realizada com auxílio de uma lupa; número de cerdas no hipófilo (NCH), cuja contagem foi realizada com auxílio de uma lupa; comprimento dos entrenós (CE) e diâmetro médio dos entrenós (DE) nos estolões, medidos em mm, com paquímetro. Os folíolos e pecíolos avaliados foram os localizados na

quarta folha, no sentido do ápice para a base do estolho. O comprimento do entrenó foi medido no intervalo entre os terceiro e sétimo entrenós. O diâmetro do entrenó foi medido neste mesmo intervalo, sendo feita a média das quatro medidas realizadas. Todas as características foram medidas em 10 estolões, de ramos completamente expandidos de cada genótipo, retirados ao acaso da parcela.

A divergência genética entre os genótipos avaliados foi realizada por meio da análise de componentes principais (Mardia et al., 1997), utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2001). Preliminarmente, foram descartados caracteres altamente redundantes, conforme resultados do Diagnóstico de Multicolinearidade (Cruz, 2001). Como as variáveis foram medidas em unidades diferentes entre si, realizou-se a padronização das mesmas, tornando todas as variáveis com variância igual a um. Os genótipos foram agrupados conforme análise visual baseada nos dois primeiros componentes principais. Os caracteres menos importantes na discriminação dos genótipos foram identificados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados do Diagnóstico de Multicolinearidade realizado com os 10 caracteres morfológicos indicaram existência de colinearidade severa no conjunto de dados em questão. A matriz de correlação entre os caracteres foi calculada, apresentando, inicialmente, 13 correlações acima de 0,80 (Tabela 1). A utilização de caracteres redundantes é desnecessária e pode trazer prejuízos para as análises multivariadas, uma vez que tornam o determinante da matriz de variâncias e covariâncias muito próximo ou igual a zero. Portanto, com base no Diagnóstico de Multicolinearidade, optou-se pelo descarte dos caracteres CFB, LFA e CP.

Conforme a matriz de correlações, verificou-se que os caracteres relacionados ao tamanho da folha (CFB, LFB, CFA, LFA e CP) foram todos altamente correlacionados. As características CE, DE e FFA apresentaram correlações moderadas a baixas com todos os outros caracteres avaliados. As características NCP e NCH, além de apresentarem correlações elevadas com os caracteres relacionados com o tamanho da folha, também se mostraram altamente correlacionadas.

Conforme resultados da análise de componentes principais, baseada nos sete caracteres selecionados, verificou-se que os dois primeiros componentes foram capazes de reter 76% da variação total e, portanto, essa técnica se mostrou adequada para o conjunto de dados em questão, por permitir reduzir a dimensionalidade do conjunto original de variáveis, com menor perda de informação possível.

A dispersão gráfica dos 19 genótipos no espaço bidimensional pode ser observada na Figura 1. Quanto maior a proximidade entre dois genótipos, maior é a similaridade entre eles. Assim, conforme análise visual, foi possível a formação de oito grupos: 1) Grupo 1: V 14950, 12787xNc1579, W 215, W 220 e Belmonte; Grupo 2: V 6727, 13468x13167, Ae 2319, BRA 030333 e V 6784; Grupo 3: 13167x6791wf, 13167x12787 e W 902; Grupo 4: W 788 e W 217; Grupo 5: V 13634; Grupo 6: Sv 5821; Grupo 7: Alqueire; e Grupo 8: BR 040550. O estabelecimento desses grupos irá orientar a escolha dos progenitores e dos cruzamentos específicos que serão realizados, considerando também os resultados da avaliação agrônômica dos mesmos genótipos que está sendo conduzida no Campo Experimental da Embrapa Acre. Será dada prioridade para cruzamentos entre indivíduos com boa performance na avaliação agrônômica e que, ao mesmo tempo, sejam divergentes entre si. Para exemplificar, um cruzamento potencial seria o realizado entre o BRA 040550 e o V 13634, conforme Figura 1.

A análise de componentes principais também possibilitou a avaliação da importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos estudados. Foram identificados, em ordem decrescente, os caracteres LFB, NCH, CFA e DE como os de menor importância no estudo realizado. Esta avaliação considerou os componentes cujos autovalores foram inferiores a 0,7, ou seja, dos sete autovalores obtidos, três foram superiores a 0,7 (4,19; 1,10; e 0,81). Os caracteres dispensáveis em estudos de divergência genética são aqueles relativamente invariantes entre os genótipos estudados ou redundantes por estarem correlacionados com outros caracteres.

CONCLUSÕES

O conjunto inicial de dados apresentou problemas de multicolinearidade.

A divergência genética entre os genótipos avaliados foi obtida satisfatoriamente pela análise de componentes principais, viabilizando a formação de oito grupos distintos.

Os grupos formados irão auxiliar na escolha de progenitores a serem utilizados em hibridações nos programas de melhoramento genético de "Arachis" spp.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. CASTRO, C.M.; VALLS, J.F.M.; KARIA, C.T. Prospecção de populações segregantes de espécies forrageiras do gênero Arachis, secção Caulorrhizae, para o melhoramento de plantas. Tese de Doutorado, Capítulo 1. Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, C. T. 2003.

2. CRUZ, C.D. Programa Genes Versão Windows: Aplicativo computacional em Genética e Estatística, Editora UFV, Universidade Federal de Viçosa, 648p., 2001.

3. IBPGR & ICRISAT. Descriptors for groundnut. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy. International Crops Research Institute for the Semi Arid Tropics, Patancheru, India, 124p., 1992.

4. MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. Multivariate analysis. Academic Press, London, 518p., 1979.

5. OLIVEIRA, M.A.P. Avaliação da distância genética entre espécies de Arachis da secção Caulorrhizae pela hibridação intraespecífica e interespecífica. Tese de Doutorado, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 92p., 1997.

6. VALENTIM, J.F.; ANDRADE, C.M.S. Perspectives of grass-legume pastures for sustainable animal production in the tropics. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. Anais... Campo Grande: SBZ/Embrapa Gado de Corte, 2004. p.142-154.