

Divergência Genética entre Acessos de *Arachis repens* Baseada em Caracteres Morfológicos Vegetativos

José Marlo Araújo de Azevedo¹, Hellen Sandra Freires da Silva², Giselle Mariano Lessa de Assis³, Laís Fernanda Andrade dos Santos⁴, Priscila Ferreira Wolter⁵

Introdução

A maioria das forrageiras tropicais de importância econômica possui grande variabilidade genética que pode ser explorada na seleção de novas cultivares com características desejáveis. Espécies como *Arachis pintoi* Krapovickas & Gregory e *Arachis repens* Handro apresentam grande potencial forrageiro e vêm sendo empregadas com sucesso em pastagens consorciadas nos trópicos sul-americanos (ASSIS et al., 2008).

Nos programas de melhoramento de plantas, o conhecimento da diversidade e da divergência genética dentro de uma espécie é essencial para o uso racional dos recursos genéticos (LOARCE et al., 1996). Os estudos sobre a diversidade genética nas coleções de germoplasma podem ser realizados a partir de caracteres morfológicos de natureza qualitativa ou quantitativa (MOREIRA et al., 1994).

No estudo da divergência genética podem ser utilizados vários métodos estatísticos, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos (RODRIGUES et al., 2002). As técnicas de análise multivariada podem ser utilizadas para avaliar a divergência entre acessos e para selecionar os descritores mais importantes na discriminação dos acessos de um banco de germoplasma (PEREIRA et al., 1992; AMARAL JÚNIOR, 1994). Este trabalho teve como objetivo estudar a divergência genética entre acessos de *Arachis repens*, com base em caracteres morfológicos vegetativos, identificando os caracteres que menos contribuem na discriminação dos acessos.

Material e métodos

O estudo foi realizado a partir de dados obtidos no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de amendoim forrageiro localizado na Embrapa Acre, situado no município de Rio Branco (AC), apresentando latitude de 9°58'22"S, longitude 67°48'40"W e altitude de 160 m. A temperatura média anual é de 24,3°C, com umidade relativa do ar de 84%, pluviosidade média

anual de 1.860 mm, com período chuvoso de outubro a abril e déficit hídrico nos meses de junho a setembro (MIRANDA, 2008).

O BAG de amendoim forrageiro está localizado em solo do tipo Latossolo Vermelho. A análise química nesta área, na camada de 0-20 cm, apresentou 3 mg/dm³ de fósforo, 0,3 cmol_c/dm³ de potássio, 3,4 cmol_c/dm³ de cálcio + magnésio, 0,7 cmol_c/dm³ de alumínio trocável, 3,62 cmol_c/dm³ de alumínio + hidrogênio e pH = 5,1.

Foram avaliados 19 acessos de *A. repens* (Tabela 1), em delineamento inteiramente casualizado com 10 repetições, estabelecidos em parcelas de 4 m². As seguintes características morfológicas vegetativas foram avaliadas, em fevereiro de 2009: comprimento do folíolo basal (CFB), largura do folíolo basal (LFB), comprimento do folíolo apical (CFA), largura do folíolo apical (LFA), comprimento do pecíolo (CPE), comprimento médio do entrenó (CME) e diâmetro médio do entrenó (DME). Todas as características foram mensuradas em milímetros, com o auxílio de um paquímetro digital.

As características CFB, LFB, CFA, LFA e CPE foram mensuradas na quarta folha no sentido ápice-base, utilizando-se estolões completamente expandidos. As características CME e DME foram obtidas também em estolões completamente expandidos, coletando-se a porção distal dos estolhos, contendo no mínimo sete entrenós a partir das folhas distais. Os três entrenós distais foram desconsiderados, sendo mensurados o comprimento entre os entrenós 3-4, 4-5, 5-6 e 6-7 e o diâmetro dos entrenós 3, 4, 5 e 6 no sentido ápice-base de cada um dos 10 estolhos.

O estudo da divergência genética foi realizado por meio de técnicas de análises multivariadas, onde se empregaram: análise de variáveis canônicas (CRUZ et al., 2004), método hierárquico de agrupamento do vizinho mais próximo e método de otimização de Tocher (RAO, 1952). A medida de dissimilaridade utilizada nas análises de agrupamento foi a distância generalizada de Mahalanobis (D²). As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES, versão 1.0.0 (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

A análise de agrupamento realizada pelo método de

1. Mestrando em Agronomia da UFAC, BR 364, km 4, CP 500, Rio Branco, AC, CEP 69915-900. E-mail: m.marlo@yahoo.com.br

2. Estudante de Ciências Biológicas da UNINORTE, BR 364, km 2, Rio Branco, AC, CEP 69911-900. E-mail: hellen@cpafac.embrapa.br

3. Pesquisadora da Embrapa Acre, Rodovia BR 364, km 14, CP 321, Rio Branco, AC, CEP 69908-970. E-mail: giselle@cpafac.embrapa.br

4. Estudante de Ciências Biológicas da UNINORTE, BR 364, km 2, Rio Branco, AC, CEP 69911-900. E-mail: lais@cpafac.embrapa.br

5. Estudante de Ciências Biológicas da UNINORTE, BR 364, km 2, Rio Branco, AC, CEP 69911-900. E-mail: priscila@cpafac.embrapa.br

Apoio financeiro: UNIPASTO e CNPq.

otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis, formou seis grupos heteróticos. O primeiro grupo foi formado por 12 genótipos, o segundo grupo por três e o terceiro, quarto, quinto e sexto grupos foram constituídos por apenas um genótipo (Tab. 2). A formação destes grupos é de fundamental importância para a escolha de genitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades. Os genótipos reunidos em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser considerados como promissores em cruzamentos artificiais. Entretanto, além de dissimilares, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados.

A partir do dendrograma obtido por meio da técnica do vizinho mais próximo, realizaram-se cortes para a formação dos grupos, sendo gerados sete grupos (Fig. 1). Os métodos de Tocher e do vizinho mais próximo mostraram semelhança no padrão de agrupamento dos acessos. Semelhantemente ao método de Tocher, o método do vizinho mais próximo também apresentou maior número de acessos alocados no grupo 1, bem como apresentou a formação de alguns grupos constituídos por apenas um único acesso. Por esta técnica, os genótipos 13 e 15 foram os de menor distância, e a maior distância em relação aos demais foi atribuída ao genótipo 18.

Na técnica de variáveis canônicas, a viabilidade de sua interpretação está restrita à concentração da variabilidade disponível entre as primeiras variáveis, geralmente acima de 80% (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Verificou-se que as duas primeiras variáveis explicaram 71,55% da variação total (47,06% pela primeira e 24,49% pela segunda). Como as duas primeiras variáveis canônicas não atingiram os 80% da variação total, incluiu-se nesse estudo a terceira, o que foi suficiente para explicar 84,92% da variação total, considerando-se assim as três primeiras variáveis no estudo da dispersão gráfica (Fig. 2). Pela dispersão gráfica, verifica-se que os genótipos 2, 5, 6, 9 e 18 apresentaram-se divergentes entre si e em relação aos outros grupos formados.

Para avaliar a importância relativa das características na divergência genética, foram identificadas nas últimas variáveis canônicas, as menos importantes como sendo aquelas cujos coeficientes de ponderação são de maior magnitude, em valor absoluto (CRUZ; REGAZZI, 1997). As características de menor importância foram, em ordem de descarte, comprimento do folíolo apical, comprimento do folíolo basal e largura do folíolo apical.

A possibilidade de descarte das características que contribuem pouco para a discriminação do material genético avaliado é importante, pois permite a redução da mão-de-obra, do tempo e do custo despendido na experimentação (CRUZ; REGAZZI, 1997). Quando se descartou a característica de menor importância relativa (comprimento do folíolo apical) pelo método das variáveis canônicas, conforme Cruz e Regazzi

(1997), o número de agrupamentos, estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, passou de seis grupos para quatro e a posição dos genótipos no grupo também foi modificada.

Apesar da característica comprimento do folíolo apical apresentar o maior coeficiente de ponderação no componente de menor variância, explicando uma fração mínima de variância total, ela não deve ser descartada. O procedimento utilizado baseia-se no descarte de características redundantes ou invariantes, porém este método não foi eficiente quando se considerou a importância da variável com base na alteração no padrão do agrupamento estabelecido pela técnica de Tocher. No presente trabalho, todas as características contribuíram para a explicação da divergência genética entre os dezoito acessos de *Arachis repens*. Resultado similar foi encontrado por Shimoya et al., (2002) no trabalho de divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante.

A distribuição dos genótipos na formação dos grupos foi similar nas três técnicas de divergência genética. O primeiro grupo foi formado pelos mesmos genótipos quando utilizada a técnica de Tocher e do vizinho mais próximo, diferindo da técnica de variáveis canônicas apenas para os genótipos 13, 14 e 15 que formaram um novo grupo.

Os genótipos 3 e 19, que ficaram no mesmo grupo na técnica de Tocher e variáveis canônicas, mostraram-se dissimilares pela técnica do vizinho mais próximo. O genótipo 5 formou grupo isolado pelas técnicas do vizinho mais próximo e variáveis canônicas, entretanto, mostrou-se similar aos genótipos 3 e 19 pela técnica de Tocher. Resultados similares foram observados por Benin et al., (2002), que trabalharam com a identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Esses autores também utilizaram os métodos de Tocher, vizinho mais próximo e variáveis canônicas e verificaram que, apesar dos genótipos terem sido agrupados de forma similar, alguns diferiram quanto ao agrupamento em relação à técnica utilizada.

Conforme os resultados gerados pelo estudo da divergência genética, obteve-se melhor compreensão das distâncias genéticas relativas entre os acessos de *Arachis repens*. O estudo mostrou que existem acessos bastante divergentes, porém a formação de um grupo com mais de 50% dos acessos avaliados indica baixa variabilidade dentro deste grupo em relação aos caracteres vegetativos.

Agradecimentos

Ao Dr^o. Rui Carlos Peruquetti pela colaboração na formatação das figuras.

Referências

AMARAL JÚNIOR, A. T. do. **Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita maxima* Duchesne)**. 1994, 95 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

- ASSIS, G. M. L. de; VALENTIM, J. F.; AZEVEDO J. M. A. de et al. Divergência genética para caracteres agronômicos entre acessos do banco ativo de germoplasma de amendoim forrageiro. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2008. Brasília. [Anais] Brasília, FUNCREDI, 2008. P 189.
- BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F. de; ASMANN, I. C. et al. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**. Pelotas, v. 8, n. 3, p. 179-184, 2002.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Editora UFV. Viçosa (MG), 175 p. 2006.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. Viçosa. Universidade Federal de Viçosa, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 2004, 480 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Divergência genética In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV: Imprensa Universitária, 1997, cap. 6, p. 287-324.
- LOARCE, Y.; GALLEGU, R.; FERRER, E. A. comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers, **Euphytica**, Wageningen, v. 88, p. 107-115, 1996.
- MIRANDA, E. M. de; **Fungos micorrízicos arbusculares em amendoim forrageiro** (*Arachis pintoii* Krap. e Greg.). 2008. 95 f. Tese (Doutorado em Agronomia Ciências do Solo) - Instituto de Agronomia. Universidade federal rural do rio de janeiro, Rio de Janeiro, 2008.
- MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: Embrapa-CNPQ, 1994, 115 p.
- PEREIRA, A. V.; VENCOSKY, R.; CRUZ, C. D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm. **Revista Brasileira de Genética**. Ribeirão Preto. v. 15, n. 1, p. 115-124, 1992.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric**. New York: John wiley and sons, 1952. 352 p.
- RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Avaliação da diversidade genética de cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília - DF, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.
- SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. P. et al. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 32, n. 7, p. 971-980, 2002.

Tabela 1 - Identificação dos 19 genótipos de *Arachis repens* pertencentes ao BAG de amendoim forrageiro localizado na Embrapa Acre.

Genótipo	BRA	Genótipo	BRA	Genótipo	BRA	Genótipo	BRA	Genótipo	BRA
1	033260	5	032379	9	029190	13	037443	17	040185
2	029220	6	032387	10	029203	14	014788	18	034363
3	032352	7	032280	11	012114	15	014770	19	032492
4	034436	8	012106	12	040088	16	032361	-	-

Tabela 2 - Análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher, obtido por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2), de 19 genótipos de *Arachis repens* pertencentes ao BAG de amendoim forrageiro localizado na Embrapa Acre.

Grupo	Genótipos											
1	13	15	11	12	17	14	01	16	07	10	04	08
2	03	19	05									
3	09											
4	06											
5	18											
6	02											

Obs. A seqüência dos números indica a entrada do genótipo no grupo

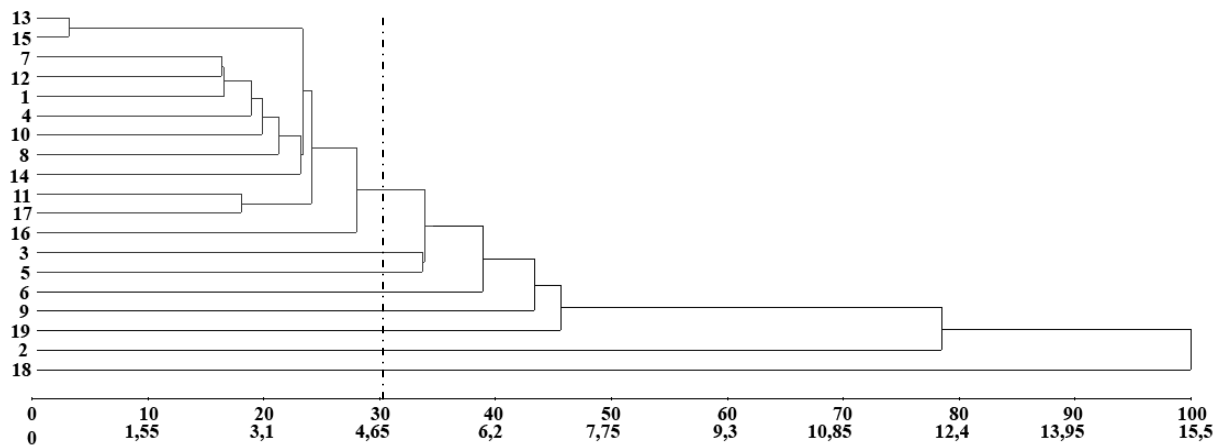


Figura 1. Dendrograma ilustrativo da similaridade entre dezenove genótipos de *Arachis repens*, pertencentes ao BAG de Amendoim Forrageiro localizado na Embrapa Acre, obtido pelo método do “vizinho mais próximo”.

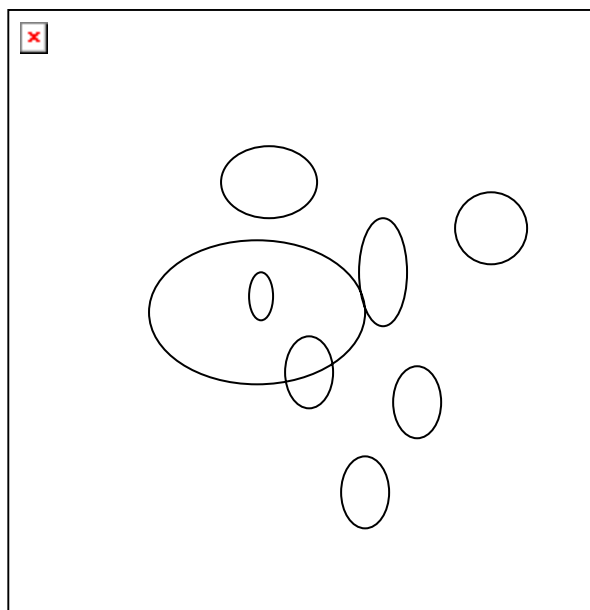


Figura 2. Dispersão gráfica de 19 genótipos de *Arachis repens* pertencentes ao BAG de Amendoim Forrageiro localizado na Embrapa Acre, obtido pela análise de variáveis canônicas.