

Caracterização de germoplasma de trigo por meio dos caracteres adaptativos ciclo e estatura⁽¹⁾

Fernanda Bered⁽²⁾, José Fernandes Barbosa Neto⁽³⁾, Bibiana Mariano da Rocha⁽³⁾, Diego Girardi Pegoraro⁽³⁾, Elton Vacaro⁽³⁾ e Fernando Irajá Félix de Carvalho⁽⁴⁾

Resumo – A caracterização de variabilidade genética é essencial para qualquer programa de melhoramento. O conhecimento dos genótipos permite que o melhorista planeje seus cruzamentos objetivando a ampliação da variância genética. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e agrupar o germoplasma de trigo disponível para o melhorista do Sul do Brasil através dos caracteres adaptativos ciclo e estatura. Foram avaliados 53 genótipos e evidenciada uma redução significativa dos dois caracteres analisados no decorrer das últimas décadas. O agrupamento dos genótipos revelou a formação de cinco grupos principais, constituídos, basicamente, de cultivares da mesma época de recomendação para cultivo.

Termos para indexação: *Triticum aestivum*, genótipos, variação genética, métodos de melhoramento.

Characterization of wheat germplasm through the cycle and height adaptive characters

Abstract – Identification of genetic variability is crucial in any breeding program. The knowledge of genotypes helps the breeder in planning crosses aiming to increase genetic variance. The objective of this study was to identify and cluster useful wheat germplasm through the adaptive characters heading date and plant height. Fifty-three wheat genotypes which revealed a significant decrease of both characters in the last years were evaluated. The dendrogram clustered five groups composed mainly of cultivars of the same era of release.

Index terms: *Triticum aestivum*, genotypes, genetic variation, breeding methods.

Introdução

Desde o início do século XX, os principais cereais cultivados vêm sofrendo intensa manipulação humana a partir da hibridação artificial e seleção, com o objetivo de aumentar o rendimento de grãos. Como

resultado, os melhoristas obtiveram um expressivo ganho genético na maioria das espécies. No caso do trigo, o ganho foi estimado em até 50%; entretanto, em virtude dos frequentes e intensos ciclos de seleção, está ocorrendo uma redução da variabilidade genética (Rodgers et al., 1983). Não existe melhoramento sem a presença de variabilidade genética, e portanto ela deve ser conhecida e preservada. Coleções de germoplasma têm sido estabelecidas, em diferentes espécies, e revelam ser extremamente úteis como fontes de variabilidade genética à disposição do melhorista. No entanto, somente uma pequena porção das coleções tem sido caracterizada por meio de caracteres de importância agrônômica (Zeuli & Qualset, 1987). Atualmente, há um interesse muito grande na caracterização da variabilidade genética de linhas puras (cultivares), pois o cruzamento artificial entre genitores de menor similaridade permite maior segregação e a combinação de diferentes alelos favoráveis (Beuningen & Busch, 1997). As relações

⁽¹⁾ Aceito para publicação em 2 abril de 2001.

Extraído da Tese de Doutorado apresentada pela primeira autora à Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS.

⁽²⁾ UFRGS, Instituto de Biociências, Dep. de Genética, Av. Bento Gonçalves, 9500, CEP 91501-970 Porto Alegre, RS. E-mail: fbered@portoweb.com.br

⁽³⁾ UFRGS, Fac. de Agronomia, Dep. de Plantas de Lavoura, Av. Bento Gonçalves, 7712, CEP 91540-000 Porto Alegre, RS. E-mail: jfbn@vortex.ufrgs.br, bmrocha@terra.com.br, dgpegoraro@hotmail.com, evacaro@yahoo.com

⁽⁴⁾ Universidade Federal de Pelotas, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Dep. de Fitotecnia, Caixa Postal 354, CEP 96010-900 Pelotas, RS. E-mail: carvalho@ufpel.tche.br

genéticas entre cultivares podem ser estimadas de diferentes maneiras, inclusive por meio de caracteres de interesse agrônomo. Essas relações podem ser observadas através de dendrogramas, os quais classificam os genótipos em grupos de similaridade genética (Souza & Sorrells, 1991).

Dois caracteres adaptativos vêm sendo modificados intensamente por parte dos melhoristas de trigo nas últimas décadas e podem ser utilizados para caracterizar a variabilidade genética da espécie: o ciclo e a estatura da planta. Esses caracteres são de fundamental importância e serviram como marco no melhoramento para que, a partir da década de 40, o trigo assumisse o ideótipo considerado ideal, ainda hoje, na Região Sul do Brasil: cultivares precoces e de estatura reduzida. A precocidade das novas cultivares possibilitou o aproveitamento imediato da terra para cultivos de verão, como o milho, feijão e soja (Lagos, 1983), e o porte baixo das plantas determinou um aumento de rendimento de grãos, pois proporcionou uma melhor colheita mecanizada, resistência ao acamamento, utilização de uma maior densidade de plantas e maior quantidade de adubo (Canci, 1996).

Os objetivos deste trabalho foram caracterizar germoplasmas de trigo de origens e épocas distintas a partir dos caracteres adaptativos ciclo e estatura; analisar o progresso genético e a modificação do ciclo e estatura ocorridos a partir da década de 30 até a atual, e verificar a variabilidade genética disponível mediante o agrupamento dos genótipos de trigo de acordo com os caracteres adaptativos.

Material e Métodos

Foram avaliados 53 genótipos de trigo (Tabela 1), incluindo linhagens e cultivares, de diferentes procedências e instituições e distintas épocas de lançamento em escala comercial, ou de identificação das linhagens (abrangendo as décadas de 30 a 90). Foram escolhidos genótipos atuais e antigos, todos importantes para o reservatório genético de trigo disponível para o melhoramento genético do Sul do Brasil. A semeadura foi realizada em três blocos casualizados, cada um contendo duas linhas de três metros de cada genótipo, com espaçamento de 30 cm entre elas. Os experimentos foram realizados nos anos agrícolas de 1997 e 1998 na Estação Experimental Agrônoma da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, em Eldorado do Sul.

Tabela 1. Origem e ano de identificação da linhagem ou ano de lançamento em escala comercial dos genótipos de trigo hexaplóide avaliados.

Genótipo	Ano	Origem
Alondra 4546 (ALO)	1980	México
Anahuac 75 (ANA)	1975	México
BH1146	1955	Brasil
Bonaerense Pasuco (BONA)	1987	Argentina
Trigo BR14	1985	Brasil
Trigo BR15	1985	Brasil
Trigo BR18	1986	Brasil
Trigo BR23	1987	Brasil
Trigo BR32	1988	Brasil
Trigo BR34	1989	Brasil
Trigo BR35	1989	Brasil
Trigo BR37	1990	Brasil
Trigo BR38	1990	Brasil
Trigo BR43	1991	Brasil
Cajeme 71 (CAJ)	1971	México
CEP11	1984	Brasil
CEP14	1985	Brasil
CEP24	1992	Brasil
CEP27	1995	Brasil
CNT10	1977	Brasil
Cotiporã (COT)	1965	Brasil
E7414	1967	Brasil
EMBRAPA 15 (EMB15)	1992	Brasil
EMBRAPA 16 (EMB16)	1992	Brasil
EMBRAPA 24 (EMB24)	1993	Brasil
EMBRAPA 40 (EMB40)	1995	Brasil
Frontana (FRO)	1943	Brasil
IAC5	1966	Brasil
IAS20	1963	Brasil
IAS54	1970	Brasil
Jacuí (JAC)	1973	Brasil
Las Rosas Inta (LRI)	1983	Argentina
Nobre (NOB)	1969	Brasil
OCEPAR 11 (OC8148)	1984	Brasil
OCEPAR 16 (OC16)	1989	Brasil
OCEPAR 18 (OC18)	1990	Brasil
OCEPAR 22 (OC22)	1992	Brasil
OC935	(1)	Brasil
OC94117	(1)	Brasil
CD103 (OC9511)	1998	Brasil
OC952	(1)	Brasil
OC953	(1)	Brasil
OC958	(1)	Brasil
OC9941	(1)	Brasil
Peladinho (PEL)	1978	Brasil
PF79547 (PF79)	1981	Brasil
Prointa Isla Verde (PIV)	1988	Argentina
Prointa Oásis (PRO)	1989	Argentina
RS1	1984	Brasil
RS8	1991	Brasil
S8020 (RS3)	1984	Brasil
Sonora 64 (SON)	1964	México
Trintecino (TRI)	1936	Brasil

(1) Linhagens obtidas em 1995.

Foram analisados os caracteres adaptativos ciclo e estatura das plantas de forma individual e, posteriormente, as médias foram utilizadas para a análise estatística. A seguir, foi realizada análise de variância em relação aos caracteres ciclo e estatura utilizando repetição, ano, genótipo e interação ano x genótipo como fontes de variação. As médias foram submetidas ao teste de Tukey e divididas em classes de até quatro desvios-padrão ao redor da média geral de cada caráter. Também realizou-se distribuição de freqüências, considerando as oito classes identificadas.

A análise de regressão foi realizada considerando o ano de lançamento ou de identificação dos genótipos e os caracteres adaptativos. Com o objetivo de construir uma matriz de similaridade entre os genótipos, as médias dos caracteres adaptativos foram comparadas pela distância Euclidiana, utilizando o programa NTSYS. Após, os genótipos foram agrupados de acordo com o método de agrupamento UPGMA, e foi gerado um dendrograma com os resultados obtidos. A formação dos grupos foi estabelecida a partir da média obtida pela distância Euclidiana entre os genótipos.

Resultados e Discussão

Houve diferenças entre os genótipos avaliados quanto aos caracteres ciclo e estatura (Tabela 2). A interação entre genótipos e anos também foi significativa, evidenciando o comportamento dos genótipos de forma distinta em diferentes ambientes. O Trintecinco formou um grupo distinto, considerando os dois caracteres, de genótipo mais tardio e de estatura mais alta (Tabela 3). Os genótipos, agrupados em classes, apresentaram uma distribuição semelhante à curva normal considerando os dois caracteres avaliados (Figura 1). De maneira geral,

Tabela 2. Resumo da análise de variância dos caracteres ciclo e estatura.

Fonte de variação	Ciclo		Estatura	
	GL	QM	QM	GL
Repetição	2	3787,53**	2	1814,53**
Ano	1	506,24*	1	533,08**
Genótipo	52	2048,71**	52	64,28**
Genótipo x ano	51	229,24**	49	4,87**
CV (%)		4,94		8,15

* e **Significativo a 5% e a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 3. Médias dos caracteres adaptativos ciclo e estatura dos genótipos de trigo hexaplóide avaliados⁽¹⁾.

Genótipo	Ciclo (dias)	Genótipo	Estatura (cm)
TRI	113,2a	TRI	126,6a
BONA	110,9b	RS1	110,6b
LRI	110,6b	COT	109,3b
IAS20	99,7c	JAC	108,8b
CNT10	98,8cd	IAS20	107,5b
OC958	98,4cd	FRO	102,7c
PIV	98,1cd	CEP24	102,7c
JAC	97,0de	IAC5	101,5c
BR32	95,8ef	CNT10	101,0cd
BR38	95,8ef	NOB	100,3cde
OC94117	94,9f	S8020	99,7cde
CEP14	94,8fg	BR15	97,4def
BR15	94,6fgh	CEP14	97,0ef
COT	94,6fgh	BR38	95,5fg
OC935	92,9ghi	EMB40	94,8fgh
RS8	92,6hij	BR32	94,7fgh
S8020	91,1ijk	CEP11	94,6fgh
OC953	91,0ijk	RS8	94,2fgh
EMB16	91,0ijk	EMB24	92,9ghi
EMB15	91,0jk	BR35	92,4ghi
CEP24	90,8jk	CEP27	91,4hij
EMB40	90,6k	IAS54	89,5ijk
EMB24	90,4kl	EMB15	89,1ijkl
CEP27	90,1kl	EMB16	89,1ijkl
OC952	90,0kl	BH1146	89,1ijkl
FRO	89,8klm	BR43	87,9klm
IAS54	89,7klmn	OC22	86,0klmn
RS1	89,3klmno	OC9941	85,8klmno
OC16	88,6lmnop	OC8148	85,4lmnop
PF79	88,5lmnop	BR34	85,1mnop
OC9941	88,0mnopq	BR23	84,8mnop
NOB	87,9nopq	BR14	84,7mnop
OC9511	87,7opq	ALO	84,5mnopq
BR14	87,5opq	PEL	83,2nopq
BR23	87,4pq	BR37	82,1opqr
OC22	87,1pqr	PF79	81,6pqr
PRO	86,2qrs	LRI	80,7qrs
BR35	86,1qrs	E7414	79,2rst
BR34	86,0qrst	OC958	77,3stu
IAC5	85,4rstu	OC935	77,0stu
BR37	85,1stu	OC9511	77,0stu
CAJ	84,7stuv	OC16	75,9tu
ALO	84,4stuv	OC94117	75,4uv
CEP11	84,1tuvw	ANA	71,6vw
OC8148	83,9uvwx	OC952	71,4w
BR43	83,6uvwx	OC953	71,2w
OC18	83,0vwx	BR18	69,9w
BH1146	82,8vwxy	SON	69,2wx
PEL	82,2wxyz	OC18	68,7wx
BR18	82,2xyz	PIV	68,2wx
E7414	81,0yz	PRO	66,0x
ANA	80,9z	CAJ	61,8y
SON	77,1a'		

⁽¹⁾Médias seguidas da mesma letra não diferem significativamente entre si a 1% de probabilidade, pelo teste de Tukey.

os genótipos mais antigos estão localizados na extrema direita das curvas, com ciclo tardio e estatura alta, entretanto alguns genótipos mexicanos da década de 70, como o Sonora 64 e Cajeme 71, destacaram-se por possuírem caracteres adaptativos desejáveis, sendo extremamente precoces e baixos, o que pode ser confirmado com o resultado do teste de Tukey, no qual esses genótipos estão agrupados isoladamente dos demais.

A análise de regressão quadrática, considerando o ano de lançamento dos genótipos, foi significativa para ambos os caracteres, revelando inicialmente um decréscimo acentuado no ciclo e estatura (principalmente até a década de 50) e, após, tendência à estabilização (Figura 2). Esses dados revelam o progresso genético obtido em relação aos dois caracteres

estudados a partir da redução acentuada do ciclo e da estatura. A tendência à estabilização vem ocorrendo, provavelmente, em virtude da ocorrência de erosão genética e obtenção de genótipos, por parte dos melhoristas, de estatura e ciclo ideais para as condições de ambiente do Sul do Brasil. A erosão genética ocorre pelo sucessivo desenvolvimento de cultivares uniformes (Jaradat, 1991) e utilização constante dos mesmos genitores nos cruzamentos artificiais, buscando uma melhor capacidade combinatória e alta adaptabilidade, o que torna a base genética da espécie cada vez mais estreita (Franco & Carvalho, 1987).

O genótipo Trintecinco agrupou-se separadamente dos demais (grupo 1), confirmando as análises previamente realizadas (Figura 3). Os genótipos Bonaerense e Las Rosas Inta, ambos da década de 80, formaram o segundo grupo. O grupo 3 está constituído basicamente das linhagens provenientes da Cooperativa Central Agropecuária de Desenvol-

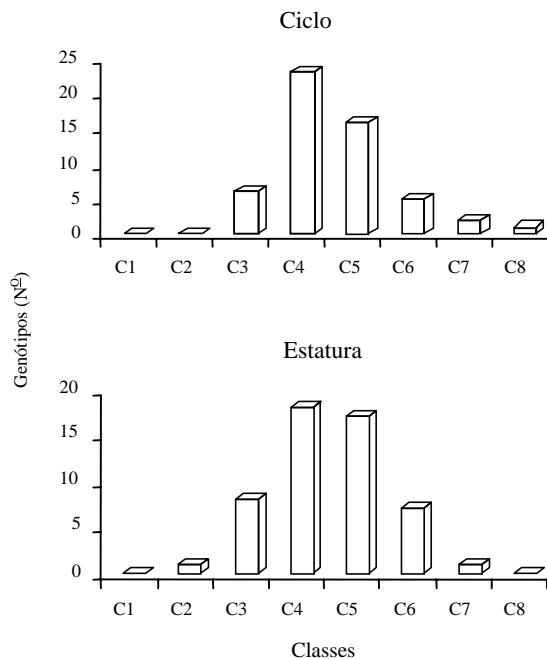


Figura 1. Distribuição de freqüências dos genótipos de trigo avaliados considerando os caracteres adaptativos ciclo e estatura, com as classes agrupadas até quatro desvios-padrão ao redor da média (ciclo: média e desvio-padrão, respectivamente, 90,45 e 7 dias; estatura: média e desvio-padrão, respectivamente, 79,67 e 13 cm).

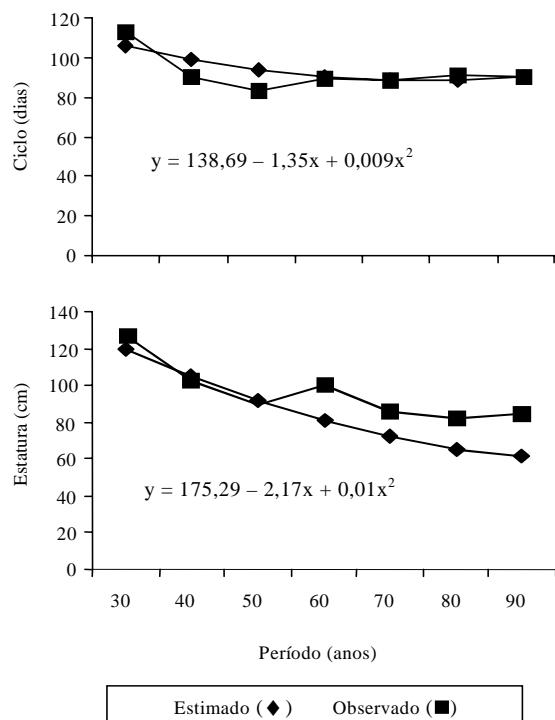


Figura 2. Relação entre os caracteres ciclo e estatura e os anos de lançamento dos genótipos de trigo avaliados.

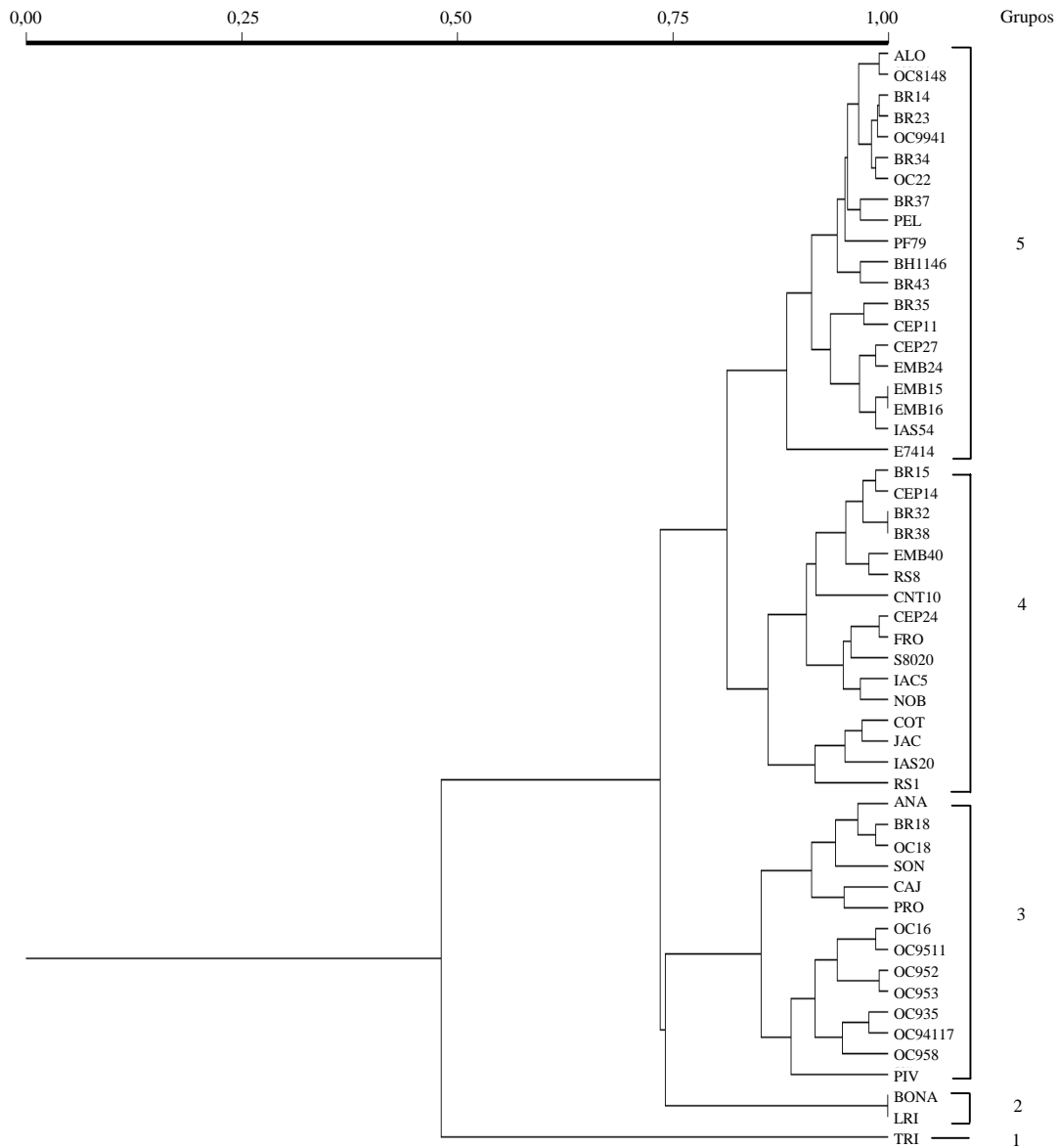


Figura 3. Agrupamento dos genótipos considerando os caracteres ciclo e estatura, realizado mediante a distância Euclidiana.

vimento Tecnológico e Econômico Ltda. (Coodetec), lançadas na década de 90, e também inclui os genótipos Sonora 64 e Cajeme 71, os quais se destacaram, a partir do teste de Tukey, respectivamente, como precoce e de estatura reduzida. No grupo 4

encontram-se grande parte das cultivares das décadas de 60 e 70, com algumas exceções, como o E7414, que se agregou com os genótipos do grupo 5. O grupo 5 constitui-se basicamente das cultivares das décadas de 80 e 90, principalmente aquelas proveni-

entes da Fundação Centro de Experimentos e Pesquisa do Rio Grande do Sul (Fundacep), Coodetec e Embrapa.

Atualmente, a caracterização de germoplasma tem sido explorada de diversas formas. No entanto, muito pouco vem sendo realizado para a classificação dos genótipos considerando os caracteres de importância agrônômica, embora represente pré-requisito para uma seleção eficiente de pais para o programa de melhoramento (Zeuli & Qualset, 1987). Segundo Beuningen & Busch (1997), apesar da ocorrência indesejável da interação genótipo x ambiente na avaliação de caracteres morfológicos quantitativos em trigo, esse tipo de estudo apresenta muitas vantagens, tais como a utilização de genótipos uniformes com caracteres altamente herdáveis e uma freqüente ocorrência de heterose quando cruzados genótipos diferenciados a partir de caracteres morfológicos.

Conclusões

1. Reduções expressivas na estatura das plantas e no ciclo vegetativo do trigo, ocorridas nas últimas décadas, permitem drástica modificação nesses caracteres de importância adaptativa.

2. É possível obter progresso genético nos caracteres avaliados em razão da presença de variabilidade genética que se verifica neles.

Referências

BEUNINGEN, L. T. van; BUSCH, R. H. Genetic diversity among North American spring wheat cultivars: III. Cluster

analysis based on quantitative morphological traits. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 981-988, 1997.

CANCI, P. C. **Caracterização de genes de pequeno efeito sobre o caráter estatura de planta em trigo (*Triticum aestivum* L.)**. Porto Alegre: UFRGS, 1996. 86 p. Dissertação de Mestrado.

FRANCO, F. A.; CARVALHO, F. I. F. Progresso genético no rendimento do trigo e sua associação com diferentes caracteres sob variações ambientais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 311-321, mar. 1987.

JARADAT, A. A. Phenotypic divergence for morphological and yield-related traits among landrace genotypes of durum wheat from Jordan. **Euphytica**, Dordrecht, v. 52, p. 155-164, 1991.

LAGOS, M. B. **História do melhoramento de trigo no Brasil**. Porto Alegre: Instituto de Pesquisas Agronômicas, 1983. 79 p. (Boletim Técnico, 10).

RODGERS, D. M.; MURPHY, J. P.; FREY, K. J. Impact of plant breeding on the gain yield and genetic diversity of spring oats. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 737-740, 1983.

SOUZA, E.; SORRELLS, M. E. Relationships among 70 North American oat germplasms: I. Cluster analysis using quantitative characters. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 599-605, 1991.

ZEULI, P. L. S. S.; QUALSET, C. O. Geographical diversity for quantitative spike characters in a world collection of durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 27, p. 235-241, 1987.