



CARACTERIZAÇÃO DA ARQUITETURA DE PLANTA EM GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO PORTADORES DO CARÁTER “CLUSTER” E NORMAL EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

Joyce Dorneles Moura¹; Julio Cesar Viglioni Penna²; John Allis³, Paulo César Canci⁴.

^{1,3,4} Monsanto; ² UFU.

RESUMO – O algodão é uma cultura extremamente influenciada pela interação genótipo x ambiente, e o conhecimento das cultivares, sua arquitetura e adaptação ao sistema de cultivo é imprescindível para a exploração da cultura em sistemas que utilizam espaçamentos reduzidos. Nesses sistemas de cultivo a arquitetura de planta passa a ser característica das mais importantes para avaliação de uma cultivar com potencial de melhorar a exploração dos recursos disponíveis em ambiente onde a maior densidade de plantas é utilizada. Este trabalho avaliou as principais diferenças morfológicas entre genótipos de algodoeiro com o caráter “cluster” e cultivares com arquitetura de planta de tipo normal submetidos a diferentes espaçamentos. Os cultivares de diferentes arquiteturas de plantas apresentam redução dos ramos frutíferos quando submetidos a espaçamentos reduzidos. Os cultivares “cluster” apresentaram ramos frutíferos mais curtos do que os de tipo normal e sua arquitetura “colunar” poderá apresentar vantagens sobre o tipo normal em condições de adensamento. A avaliação da distância da primeira posição frutífera até o ramo monopodial (DPRF) pode ser usada para a diferenciação de plantas com arquitetura “cluster” da normal. O uso de cultivares que possuem ramos frutíferos menores pode permitir a utilização de espaçamentos menores no cultivo adensado ou mesmo no ultra adensado, melhorando a exploração de recursos disponíveis no sistema oferecendo vantagens sobre as cultivares com arquitetura normal.

Palavras-chave – *Gossypium hirsutum* L.; arquitetura de planta; adensado; genótipo “cluster”.

INTRODUÇÃO

O melhoramento do algodoeiro tem provocado mudanças no formato e arquitetura da planta propiciando sua melhor adaptação aos sistemas de cultivo disponíveis. Recentemente, a expansão do cultivo de algodão adensado no Brasil, recolocou a busca de genótipos mais adaptados a condições de adensamento nos objetivos dos programas de melhoramento. Genótipos que apresentem ramos frutíferos curtos e com a frutificação próxima ao caule principal, geralmente denominados de tipo “cluster”, podem ser uma alternativa para cultivo em espaçamentos reduzidos. A variabilidade genética para a característica cluster pode, portanto ser utilizada nos programas de melhoramento. O caráter em questão é controlado por um gene recessivo “cl₁” (PERCY; KOHEL, 1999), que confere à planta, além da redução de porte, uma floração/frutificação agrupada em torno do monopódio principal, com

redução do número e tamanho de ramos vegetativos e redução da distância entre a posição dos frutos e o caule principal.

Em muitas culturas o aumento do número de plantas por unidade de área propicia um aumento na produtividade. Entretanto esse número de plantas deve ser aumentado dentro de certo limite para que as condições de adensamento não criem um micro clima favorável a doenças, acamamento de plantas, e outras que possam prejudicar a produtividade da cultura. Com a arquitetura atual da planta não se pode promover tal adensamento. Os autores Reta-Shánchez e Fowler (2002) simularam tipos compactos de algodoeiros por meio de podas sobre uma cultivar de arquitetura normal, e obtiveram por meio desta técnica, acréscimos de produtividade de até 34%, atribuídos à maior incidência de luz e ao aumento da densidade de plantas por área. Como a realização de podas seria um trato cultural inviável aos produtores de algodão, a utilização de plantas com frutificação próxima ao caule principal como a encontrada nos tipos “clusters” pode ser uma alternativa para o melhoramento de plantas na busca de cultivares mais adaptadas ao sistema de cultivo adensado.

Embora existam informações disponíveis sobre o controle genético do tipo “cluster” e seu uso modesto em melhoramento de plantas, as informações sobre o comportamento da característica cluster em espaçamentos adensados não se encontram disponíveis. Este trabalho avaliou as principais diferenças morfológicas entre genótipos de algodoeiro com o caráter “cluster” e cultivares com arquitetura de planta de tipo normal submetidos a diferentes espaçamentos.

METODOLOGIA

O trabalho foi conduzido no período de janeiro a agosto de 2009 no município de Uberlândia, MG, e com o delineamento experimental de blocos casualizados com 4 repetições e parcela composta de 4 fileiras de 10 metros, espaçadas 0,90 m entre si, no qual foram testados dois genótipos: Arquitetura Normal (cultivar comercial DeltaOPAL) e linhagem “cluster em seis espaçamentos [0,90m; 0,76m; 0,50m; 0,25m; fileiras duplas espaçadas de 0,25m x 0,90m (D-0,90) e de 0,25m x 0,76m (D-0,90)].

Foram avaliadas as medidas dos comprimentos do ramo frutífero (DTOTAL); distancia entre o caule principal a primeira posição frutífera (DPRF); distancia entre o caule e a segunda posição no ramo frutífero (DSRF) e distancia entre o caule e a terceira posição no ramo frutífero e (DTRF), tomadas em 10 plantas/parcela ao acaso entre o nono e décimo - segundo nó do caule principal. Os dados apresentados foram analisados pela análise de variância sendo as médias diferenciadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

A descrição da metodologia está confusa ao leitor. Primeiro é citado haver cinco tratamentos e depois que o ensaio foi composto por dois experimentos, cada um com dois tratamentos. Um desses ensaios foi em esquema fatorial. Somente são apresentados resultados do ensaio fatorial. Está confuso é preciso reescrever .

É preciso descrever qual correlação foi feita. Nesse caso somente poderia ser empregada a correlação residual. Se foi usado na correlação as médias dos tratamentos para cada uma das variáveis a correlação feita não tem sentido.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram detectadas diferenças estatísticas entre genótipos para todas as variáveis testadas e entre espaçamentos para DTOTAL, DSRF e DTRF. Não foi detectada diferença entre espaçamentos para DPRF e interação genótipo x espaçamento para nenhuma das variáveis testadas (Tabela 1).

Os genótipos “cluster” apresentaram ramos frutíferos menores do que o genótipo de tipo normal em todos os espaçamentos utilizados (Tabela 2). Esses resultados demonstram a característica mais importante expressada pelo gene “cluster” que é a modificação da arquitetura da planta ocasionando produção agrupada em relação ao caule principal pela redução de comprimento do ramo frutífero.

Os genótipos testados apresentaram maior redução nas variáveis mensuradas quando submetidos ao espaçamento menores, 25 e 50 cm simples ou nos espaçamentos duplos (D-076 e D-0,90) (Tabela 3). Os ramos frutíferos se tornaram mais curtos à medida que o espaçamento diminuiu (DTOTAL) conseqüentemente provocando a ausência da terceira posição em espaçamento ultra reduzido de 25 cm. Estes resultados comprovam a alteração da arquitetura de planta do algodoeiro quando submetido às espaçamentos reduzidos. Considerando que o genótipo “cluster” também responde a alteração de espaçamentos podemos esperar uma redução ainda maior dos ramos e conseqüentemente a produção de uma planta ainda mais compacta, o que pode permitir a utilização de espaçamentos ultra reduzidos.

A avaliação visual dos ramos vegetativos evidencia que o comprimento dos ramos vegetativos de ambos os tipos foi severamente reduzido quando submetidos a espaçamentos adensados. No caso do genótipo do tipo “cluster” o ramo vegetativo passou de extremamente visível em espaçamentos maiores para tamanho similar aos frutíferos em espaçamentos reduzidos, resultando em uma estrutura mais compacta que pode ser benéfica para o ambiente ultra adensado.

Embora normalmente não seja difícil diferenciar os tipos cluster de tipos normais a avaliação da DPRF pode ser utilizado para a caracterização de genótipos "cluster" principalmente em populações genéticas onde a segregação e o ambiente possam dificultar a avaliação qualitativa da característica. Além disso, a avaliação da DPRF pode ser mais fácil de ser praticada ao nível de campo do que a avaliação total do ramo (DTOTAL).

Estes resultados indicam que os genótipos de tipo normal sofrem modificações mais severas de arquitetura (ramos frutíferos) quando submetido a espaçamentos reduzidos enquanto que o cluster se mantenha quase que inalterado. Desta forma o uso de cultivares que possuem ramos frutíferos menores pode permitir a utilização de espaçamentos menores no cultivo adensado ou mesmo no ultra adensado, melhorando a exploração de recursos disponíveis no sistema oferecendo vantagens sobre as cultivares com arquitetura normal.

A avaliação agrônômica dos genótipos clusters em diferentes espaçamentos e ambientes será necessária para a caracterização do potencial deste tipo de planta na produção de algodão.

CONCLUSÃO

Os cultivares de diferentes arquiteturas de plantas apresentam redução dos ramos frutíferos quando submetidos a espaçamentos reduzidos.

Os cultivares "cluster" apresentaram ramos frutíferos mais curtos do que os de tipo normal e sua arquitetura "colunar" poderá apresentar vantagens sobre o tipo normal em condições de adensamento.

A avaliação da distância da primeira posição frutífera até o ramo monopodial (DPRF) pode SER usada para a diferenciação de plantas com arquitetura clusters da normal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

PERCY, R. G.; KOHEL, R. J. Qualitative genetics. In: SMITH, C. W.; COTHREN, J. T. (Ed.). **Cotton: Origin, history, technology and production**. New York: John Wiley, 1999. p. 319-360.

RETA-SÁNCHEZ, D. G.; FOWLER, J. R. Canopy light environment and yield of narrow-row cotton as affected by canopy architecture. **Agronomy Journal**, Madison, v. 94, p. 1317-1323, 2002.

Tabela 1. Resultados da análise de variância para a distância (cm) do Segmento Total do ramo frutífero (DTOTAL), distância (cm) do ramo monopodial à primeira posição do ramo frutífero (DPRF), distância (cm) do ramo monopodial à segunda posição do ramo frutífero (DSRF) e distância (cm) do ramo monopodial à terceira posição do ramo frutífero (DTRF) em algodoeiros portadores de diferentes arquiteturas analisados em seis diferentes espaçamentos em Uberlândia safra 2008/2009.

Variável	Genótipo	Espaçamento	G*E	CV (%)
DTOTAL	409.0317 **	17.0585 **	0.3455 ns	9.48
DPRF	1137.0560 **	0.2527 ns	0.3728 ns	8.06
DSRF	5.9270 *	15.8498 **	0.5513 ns	21.63
DTRF	16.4018 **	22.5864 **	1.1062 ns	40.11

ns – não diferem significativamente entre si.

* - diferem entre si a 1% de probabilidade 5%.

Tabela 2. Médias das distâncias (cm) do Segmento Total do ramo frutífero (DTOTAL), distância (cm) do ramo monopodial à primeira posição do ramo frutífero (DPRF), distância (cm) do ramo monopodial à segunda posição do ramo frutífero (DSRF) e distância (cm) do ramo monopodial à terceira posição do ramo frutífero (DTRF) em algodoeiros portadores de diferentes arquiteturas analisados no espaçamento 0,90 m em Uberlândia safra 2008/2009. (qual experimento 1 ou 2?)

Genótipo	DTOTAL	DPRF	DSRF	DTRF
Cluster	8.76769 b	3.92461 b	4.41972 b	0.43078 b
normal	20.05580 a	13.71276 a	5.48477 a	0.85827 a

Médias seguidas por letras iguais na coluna não diferem entre si pelos testes de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 3. Médias das distâncias (do Segmento Total do ramo frutífero (DTOTAL), distância (cm) do ramo monopodial à primeira posição do ramo frutífero (DPRF), distância (cm) do ramo monopodial à segunda posição do ramo frutífero (DSRF) e distância (cm) do ramo monopodial à terceira posição do ramo frutífero (DTRF) em algodoeiros portadores de diferentes arquiteturas analisados em seis diferentes espaçamentos em Uberlândia safra 2008/2009

Espaçamento	DTOTAL	DSRF	DTRF
0.25	10.24496 d	1.59938 c	0.00000 b
0.5	14.39305 bc	5.04049 ab	0.43068 b
0.76	16.68708 ab	6.83964 a	1.13399 a
0.90	18.26712 a	7.51000 a	1.63960 a
D - 0.76	12.91002 cd	3.77051 bc	0.31563 b
D - 0.90	13.96824 bd	4.95346 ab	0.34725 b

Médias seguidas por letras iguais na coluna não diferem entre si pelos testes de Tukey a 5% de probabilidade.