

Dissimilaridade genética de clones de *Brachiaria ruziziensis* baseada em características morfológicas e de produção de forragem.

Flávia Maria Avelar Gonçalves¹, José Airton Rodrigues Nunes², Fausto de Souza Sobrinho³, Davi Henrique Lima Teixeira⁴, Alessandro Lara Teixeira⁵

Resumo

Em programas de melhoramento tem-se sempre o interesse de conhecer melhor a variabilidade disponível para os principais caracteres morfoagronômicos. Nesse trabalho objetivou-se realizar a caracterização morfológica e da produção de forragem de clones de *B. ruziziensis* do programa de melhoramento genético da Embrapa Gado de Leite visando quantificar a variabilidade genética entre eles e ainda determinar a importância relativa desses caracteres para fins avaliativos. O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Coronel Pacheco (MG). Foram avaliados 81 clones de *B. ruziziensis*, mais quatro testemunhas ('Comum' (*B. ruziziensis*), 'Basilisk' (*B. decumbens*), 'Marandu' (*B. brizantha*) e a população do primeiro ciclo de seleção (C_0). O delineamento foi de blocos casualizados, com três repetições e parcela de dois metros quadrados. Procedeu-se ao teste dos efeitos e estimação das herdabilidades (h^2_c) com base na análise de variância dos caracteres em separado e posteriormente estimou-se a dissimilaridade entre os clones pela distância de Mahalanobis. O agrupamento dos clones foi feito pelo método de Tocher e a importância dos caracteres pelo método de Singh. Foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os clones avaliados para a maioria dos caracteres, demonstrando a existência de variabilidade genética. Verificou-se que sete caracteres de produção apresentaram uma contribuição relativa de 65,60% de toda a divergência genética, enquanto os reprodutivos e vegetativos contribuíram com apenas 34,40%, com destaque para as características VIG, PV e PS que apresentaram as maiores contribuições relativas. Os clones foram agrupados em nove grupos, sendo que 83,53% desses ficaram alocados no primeiro grupo formado. Em síntese, evidencia-se que há divergência entre os clones testados pelo programa de melhoramento genético de *B. ruziziensis* da Embrapa Gado de Leite e que é possível gerar populações com potencial para o desenvolvimento de cultivares superiores.

Introdução

A importância do gênero *Brachiaria* para o desenvolvimento da pecuária nas regiões tropicais e subtropicais é evidente. *Brachiaria brizantha*, *Brachiaria decumbens*, *Brachiaria ruziziensis* e *Brachiaria humidicola* estão entre as principais espécies utilizadas como forrageiras. As cultivares de *Brachiaria* ocupam cerca de 80 a 85% das áreas de pastagem cultivada no Brasil (Santos Filho 1996; Franco 2006). Apesar da baixa diversidade verificada, esse gênero apresenta potencial para o desenvolvimento de cultivares superiores por intermédio de programas de melhoramento genético (Assis et al. 2003)

A *Brachiaria ruziziensis* apresenta excelente adaptação na maioria das regiões brasileiras. Embora ela não seja a espécie mais plantada dentro do gênero, é a única, dentre as cultivadas no Brasil, que é diplóide e exclusivamente sexual (Valle and Savidan 1996, Souza Sobrinho 2005), o que permite a geração de variabilidade e viabiliza a seleção (Souza Sobrinho et al. 2009).

A presença de variabilidade genética nas espécies cultivadas é fundamental para que se realize a seleção de cultivares mais adaptadas ao ambiente. Dispor de grande quantidade de variabilidade é garantia de aumentar a probabilidade da ocorrência de tipos superiores nas populações selecionadas (Paiva and Valois 2001). Por isso, o conhecimento da divergência genética é de grande importância dentro dos programas de melhoramento genético, por fornecer informações referentes ao grau de relacionamento ou parentesco entre os genótipos avaliados (Shimoya et al. 2002).

Quando se trabalha com uma cultura como a forrageira em que há necessidade de avaliação de um grande número de características, e que o melhorista precisa associar todas elas na seleção de progênies/clones

¹ Professora Adjunta IV do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras (DBI/UFLA), Campus Universitário, Caixa Postal 3037 CEP 37200-000 Lavras - MG. E-mail: avelar@dbi.ufla.br

² Professor Adjunto II do DBI/UFLA. E-mail: jarnunes@dbi.ufla.br

³ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, 610, Dom Bosco, CEP 36038-330. Juiz de Fora, MG. E-mail: fausto@cnppl.embrapa.br

⁴ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA. E-mail: davihlma@yahoo.com.br

⁵ Pesquisador da Embrapa Rondônia, BR 364 - Km 5,5 - Zona Rural, C.P. 127, CEP: 76815-800. Porto Velho-RO. Email: alexteixeira@cpafro.embrapa.br

superiores, a utilização de análises multivariada é uma ferramenta importante. Além disso, eles precisam conhecer a divergência genética das progênies/clones utilizados, ou seja, o grau de relacionamento ou parentesco entre eles. Desta forma, a associação da técnica multivariada para o estudo de divergência tem sido muito eficiente. Dentre as várias técnicas utilizadas pelos melhoristas, o Método de Otimização de Tocher, baseado na Distância Generalizada de Mahalanobis, tem sido a mais recomendada, por apresentar estimativas de distâncias genéticas mais precisas uma vez que contempla as correlações ambientais eventualmente existentes entre os caracteres em estudo (Amorim et al. 2007, Cruz 2005).

O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização morfológica e de produção de forragem de clones de *B. ruziziensis*, visando quantificar a variabilidade existente dos clones avaliados no programa de melhoramento genético da Embrapa Gado de Leite e determinar a importância relativa desses caracteres para fins de avaliação.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Coronel Pacheco (MG), pertencente à Embrapa Gado de Leite. Foram avaliados 81 clones de *B. ruziziensis*, juntamente com as cultivares Comum (*B. ruziziensis*), Basilisk (*B. decumbens*), Marandu (*B. brizantha*) e a população oriunda do primeiro ciclo de seleção (Pop. C₀), utilizadas como testemunhas. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de dois metros quadrados (quatro plantas). Esses clones são oriundos de uma população melhorada de *B. ruziziensis*, a qual foi gerada por meio de um ciclo de seleção recorrente baseada na produtividade e qualidade da forragem.

Após a implantação do experimento, em setembro de 2008, procedeu-se a realização de um corte de uniformização e dois cortes de avaliação, com intervalos médios de cerca de 45 dias. Em cada um dos cortes de avaliação foram mensuradas o vigor das plantas (VIG), realizada por meio de escala de notas variando de 1 (baixo vigor) a 5 (alto vigor) e produtividade de biomassa verde de forragem (PMV – t/ha). Duas amostras da forragem de cada parcela foram retiradas. Uma delas foi utilizada para a obtenção da porcentagem de matéria seca da planta inteira (%MS). A outra foi separada nas frações caule e folha para a obtenção da relação entre elas. Todas as amostras foram pesadas e colocadas para secar em estufa à 72°C por 72 horas, obtendo-se, posteriormente, o peso seco e as porcentagens de matéria seca da planta inteira (%MS), caule (%MSC) e folha (%MSF). As estimativas das produtividades de biomassa seca de forragem (planta inteira), de caule e de folha foram obtidas por meio da associação das respectivas produtividades verdes e porcentagens de matéria seca. A estimativa da relação folha/caule foi obtida pela divisão da produtividade de biomassa seca de folhas pela de caules.

Na época de florescimento principal da espécie (março a maio), o experimento não foi cortado e procedeu-se a avaliação das características morfológicas das plantas. Os caracteres vegetativos avaliados foram os seguintes: altura das plantas (ALT, cm), comprimento das folhas (COF, cm), largura das folhas (LAP, cm) e comprimento da bainha (COB, cm). Foram avaliados os caracteres reprodutivos: comprimento da haste floral (COH, cm), comprimento do eixo da inflorescência (COI, cm); número de racemos por inflorescência (NUR), comprimento do racemo basal (COR, cm), número de espiguetas por racemo basal (NUES), largura da ráquis (LR, cm).

Os caracteres mensurados foram primeiramente submetidos à análise de variância univariada permitindo inferir sobre a existência de divergência entre os clones. A significância assinalada pelo teste F-Snedecor a 5% de probabilidade para esse efeito (clones) foi utilizado como critério de manutenção das características para as posteriores abordagens multivariadas utilizadas no presente trabalho. Foi estimado a herdabilidade para a seleção com base na média de clones (h^2_c) e os seus limites inferiores (LI) e superiores (LS) com 95% de confiança (Knapp et al., 1985).

As dissimilaridades genéticas entre os clones foram aferidas pela estimação da matriz de distâncias generalizadas de Mahalanobis, a qual leva em conta adequadamente a estrutura de covariâncias ambientais existente entre os caracteres em conformidade com o delineamento experimental empregado (Cruz e Carneiro, 2003). Com base nas distâncias estimadas determinou-se a importância relativa dos caracteres pelo método de Singh (Cruz, 2008). Ademais foi realizado o agrupamento dos clones com similaridade de padrão de comportamento pelo método de otimização de Tocher (Cruz, 2008), que adota o critério de minimizar as dissimilaridades entre clones dentro do grupo e maximizar as divergências entre clones de diferentes grupos.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional genético estatístico GENES (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

Foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os clones avaliados para a maioria dos caracteres, com exceção apenas das características largura da folha (LF), número de racemos por inflorescência (NUR) e porcentagem de massa seca da folha (MSF). A significância para esse efeito pode ser entendida como uma evidência da existência de variabilidade genética entre os clones, demonstrando a possibilidade de se obter ganhos expressivos com a seleção. Esse fato pode ser ratificado pelos valores das performances fenotípicas mínima e máxima dos clones associado às estimativas de herdabilidade (h^2_c) apresentadas na Tabela 1. Observa-se que as estimativas de h^2_c variaram de 73,05% (vigor das plantas) a 13,04% (matéria seca da folha), com destaque para as variáveis COH, COR, VIG e RFC que apresentaram herdabilidades superiores a 60%. Desse modo, para esses caracteres tem-se maior confiabilidade na seleção de clones genotipicamente superiores com base no desempenho fenotípico, visto a menor contribuição de efeitos ambientais.

Tabela 1- Valores médios, mínimos, máximos e das herdabilidades na média de clones com respectivos limites inferiores (LI) e superiores (LS) de confiança a 95% para caracteres morfológicos e agrônômicos de clones de *Brachiaria humidicula*.

Caracteres ^{1/}	Média	Mínimo	Máximo	Herdabilidade na média de clones (h^2_c)		
				LI (95%)	Estimativa	LS (95%)
ALP	114,04	67,00	149,00	18,18	46,94	65,42
COP	15,85	5,85	31,00	20,30	48,18	66,32
LAF	1,31	0,80	1,80	-6,82	30,42	54,85
COB	12,29	8,05	18,00	11,09	42,14	62,42
COH	27,38	17,15	41,45	39,68	60,77	74,51
COI	6,14	2,90	9,95	0,12	35,01	57,79
NUR	3,83	2,00	7,00	-7,57	30,04	54,54
COR	5,36	3,35	10,05	49,07	66,84	78,47
NUES	28,32	12,50	47,00	21,92	49,30	67,00
LR	0,25	0,10	0,35	3,86	37,43	59,37
VIG	3,49	2,25	4,40	58,54	73,07	82,48
PV	11,81	6,70	16,05	16,40	45,56	64,67
MSP	27,18	24,40	30,80	1,40	35,71	58,33
MSF	31,86	27,30	37,30	-33,76	12,81	43,47
MSC	26,49	22,40	34,50	11,09	42,24	62,42
PS	3,09	1,80	4,65	24,60	50,86	68,13
RFC	1,22	0,80	2,75	54,36	70,29	80,71
PSF	1,65	1,10	2,45	19,89	47,91	66,14

^{1/}Altura da planta (ALP) (cm); Comprimento da folha (COP, cm); Largura da folha (LAF, cm); Comprimento da bainha (COB, cm); Comprimento da haste floral (COH, cm); Comprimento do eixo da inflorescência (COI, cm); Número de racemos por inflorescência (NUR); Comprimento do racemo basal (COR, cm); Número de espiguetas por racemo basal (NUES); Largura da ráquis (LR, cm); Vigor (VIG); Peso verde (PV, t/ha); Massa seca da planta inteira (MSP, %); Massa seca da folha (MSF, %); Massa seca do colmo (MSC, %); Peso seco (PS, t/ha); Relação Folha-Caule (RFC) e Peso seco da folha (PSF, t/ha).

Para realização dos estudos de divergência genética foram considerados apenas os caracteres que apresentaram diferença significativa entre clones. As dissimilaridades genéticas entre os clones aferidas a partir da distância de Mahalanobis (D^2) indicaram expressiva variação, sendo os clones 1 e 34 os mais divergentes ($D^2 = 117,17$) e a de menor distância observada entre os clones 25 e 75 ($D^2 = 2,50$). A distância de Mahalanobis tem sido a mais freqüente usada em estudos de divergência, devido resultar em estimativas de distâncias genéticas mais precisas por contemplar as correlações ambientais eventualmente existentes entre os caracteres em estudo. O interesse do melhorista em obter informações confiáveis a cerca da divergência advém da possibilidade de utilizar esse conhecimento prévio para fins de decisão sobre quais cruzamentos promissores realizar, com vistas na geração de variabilidade e exploração de potencial efeito heterótico (Cruz e Carneiro, 2003).

Contudo, para estudos de divergência ou seleção de tratamentos genéticos superiores nas variadas culturas é considerado uma série de características de interesse, tornando-se necessário eleger ou definir aquelas características que contribuem mais efetivamente para a dissimilaridade genética. Nesse contexto, empregou-se o método de Singh (1981) baseado na distância D^2 (Cruz, 2008). Verificou-se que sete caracteres de produção apresentaram uma contribuição relativa de 65,60% de toda a divergência genética, enquanto os reprodutivos e vegetativos contribuíram com apenas 34,40%. Além disso, os caracteres VIG, PV e PS foram os que apresentam

as maiores magnitudes de contribuição relativa de 9,68%, 10,98% e 26,97%, respectivamente, indicando que esses caracteres tiveram forte peso na dissimilaridade.

A discriminação dos clones em grupos ou clusters é uma estratégia interessante, na medida que nos permite visualizar e descrever melhor um conjunto de genótipos avaliados segundo vários caracteres. O agrupamento pelo método de Tocher revelou que o conjunto de clones pode ser reunido em nove grupos, conforme Tabela 2. No primeiro grupo ficaram alocados 71 clones, o que representa 83,53% dos clones avaliados, inclusive as testemunhas *B. ruziziensis* comercial (84) e *B. ruziziensis* pop Co (85). O segundo grupo alocou 5,88% dos genótipos avaliados, o terceiro e quarto 2,35% cada e os outros 1,18% cada. Esses resultados demonstram que há divergência entre clones testados pelo programa de melhoramento genético de *B. ruziziensis* da Embrapa Gado de Leite e que é possível gerar populações com potencial para o desenvolvimento de cultivares superiores.

Tabela 2- Agrupamento de clones de *Brachiaria humidicola* pelo método de otimização de Tocher baseado na distância de Mahalanobis quanto a caracteres morfológicos e agrônômicos.

Grupo	Clones
1	25, 75, 8, 20, 36, 30, 7, 70, 77, 29, 66, 72, 68, 24, 79, 17, 16, 62, 4, 32, 2, 6, 39, 57, 43, 14, 13, 3, 55, 10, 53, 21, 60, 50, 15, 65, 63, 18, 38, 22, 51, 23, 46, 85, 52, 69, 49, 19, 61, 31, 84, 26, 48, 28, 12, 27, 37, 47, 58, 71, 54, 64, 78, 40, 59, 1, 80, 9, 45, 76, 56
2	11, 35, 83, 41, 74
3	42, 44
4	73, 82
5	5
6	33
7	81
8	67
9	34

Agradecimentos

Ao CNPq, à FAPEMIG e à UNIPASTO pelo apoio financeiro. À Embrapa Gado de Leite pelos dados concedido.

Referências

- Amorim EP, Ramos NP, Ungaro MRG and Kiih T (2007) Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia** 31:1637-1644.
- Assis GML da, Euclides RF, Cruz CD and Valle CB do (2003) Discriminação de espécies de *Brachiaria* baseada em diferentes grupos de caracteres morfológicos. **Revista Brasileira Zootecnia** 32:576-584.
- Cruz C and Carneiro PCS (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV, Viçosa, 585p.
- Cruz CD (2008) **Programa GENES: Diversidade genética**. UFV, 278p.
- Cruz CD (2005) **Princípios de genética quantitativa**. Editora UFV, Viçosa, 394p.
- FRANCO M (2006) “Aids” do Marandu tem raízes na umidade do solo. **DBO Rural** p.42-44.
- Knapp SJ; Stroup WW and Ross WM (1985) Exact confidence intrvals for heritability on a progenie mean basis. **Crop Science** 25:192-194.
- Mahalanobis PC (1936) On the generalized distance in statistic. **Procedure National Institute Science** 2:49-55.
- Paiva JR and Valois ACC (2001) Espécies selvagens e sua utilização no melhoramento. In: Nass LL, Valois ACC, Melo IS and Valadares-Inglis MC (eds) **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT p.79-100.

Santos Filho LS (1996) Seed production: perspectives from the Brazilian private sector In: Miles JW, Maass BL and Valle CB do (eds). **Brachiaria: Biology, Agronomy, and Improvement**. CIAT/EMBRAPA 259:141-1466.

Shimoya A, Cruz CD, Ferreira RP, Pereira AV and Carneiro CS (2002) Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 37: 971-980.

Souza Sobrinho, F de (2005) Melhoramento de forrageiras no Brasil. In: **SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS**, Anais. Lavras: UFLA, 1:65•120.

Souza Sobrinho F de, Léo FJ da S, Kopp MM, Pereira AV and Souza FF de (2009) Melhoramento de gramíneas forrageiras na Embrapa Gado de Leite. In: **SIMPÓSIO DE FORRAGICULTURA E PASTAGENS**, Anais. Lavras: UFLA, p 98•111.

Valle CB do and Savidan YH (1996) Genetics, sutogenetics and reproductive biology of Brachiaria. In: MILES JW, MAASS BL and VALLE CB do (eds). **Brachiaria: Biology, Agronomy, and improvement**. Cali: CIAT; Brasília, EMBRAPA-CNPQC, p. 147-163.