

## **POOL GÊNICO DE LINHAGENS DE AVEIA BRANCA: MODELOS BIOMÉTRICOS BUSCANDO QUALIFICAR COMBINAÇÕES PROMISSORAS AGREGANDO VARIÁVEIS PARA A SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE CARACTERES**

**ARENHARDT, Emilio Ghisleni<sup>1</sup>; MAZURKIEVICZ, Gustavo<sup>1</sup>; PINTO, Fernando Bilibio<sup>1</sup>; KRÜGER, Cleusa Adriane Menegassi Bianchi<sup>2</sup>; SILVA, José Antonio Gonzalez da<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Bolsista de Iniciação Científica do Departamento de Estudos Agrários, DEAg/UNIJUÍ. <sup>2</sup>Professores Orientadores DEAg/UNIJUÍ. [emilio.arenhardt@unijui.edu.br](mailto:emilio.arenhardt@unijui.edu.br)

### **1 INTRODUÇÃO**

A aveia branca é muito utilizado no esquema de rotação de culturas, quebrando ciclo de moléstias e pragas, além de contribuir com a cobertura do solo na estação fria do ano. Somado a isso, é importante fonte alimentar para os animais, na forma conservada como feno e silagem e no fornecimento de ração, grãos e forragem. Destaca-se ainda na alimentação humana por conter no grão a fibra solúvel beta-glucana, responsável pela redução de problemas cardiovasculares e diminuir o colesterol LDL, por auxiliar na formação do bolo fecal retardando a absorção dos nutrientes (MIRA *et al.*, 2009).

O crescimento da importância econômica desse cereal desafia a pesquisa desenvolver permanente de novos genótipos, com melhor produtividade, mais adaptados e com resistências as principais moléstias que atacam a cultura. A execução dos ensaios em rede visa justamente identificar os genótipos com os melhores desempenhos. Deste modo, o Ensaio Regional de Linhagens de Aveia Branca é a primeira etapa de avaliação em rede, sendo conduzido em diferentes locais e tem a função de identificar às linhagens de maior desempenho agrônomo e adaptabilidade a região de condução do ensaio, para posteriormente, os genótipos elite passarem para o Ensaio Brasileiro de Linhagens de Aveia Branca.

Para a seleção de caracteres de importância no melhoramento, é fundamental o conhecimento da expressão de cada um deles em modificar a planta como um todo. Assim, a contribuição relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos (Sudré *et al.*, 2002). De maneira similar, a variabilidade genética é fundamental para o sucesso de um programa de melhoramento de plantas. Para mensurar essa variabilidade e obter sucesso na seleção dos genitores, várias técnicas podem ser usadas, uma delas é o agrupamento de Tocher, que permite ter informações sobre a dissimilaridade genética que apresenta grande relevância, pois permite prever o desempenho das progênies. Somado a isso, o emprego de modelos matemáticos para a estimativa de correlação permite o entendimento das relações que definem o rendimento final da aveia podendo definir-se técnicas de manejo que propiciem maior contribuição para o rendimento final de grãos. Com isso, objetivou-se estimar por modelos matemáticos a contribuição relativa nos caracteres de importância agrônoma e as correlações entre eles e a distancia genética entre todas as linhagens testadas pelo modelo de agrupamento de Tocher para fins de otimizar e qualificar o melhoramento destas linhagens.

## 2 METODOLOGIA (MATERIAL E MÉTODOS)

O trabalho foi desenvolvido na área experimental do IRDeR (Instituto Regional de Desenvolvimento Rural) pertencente ao DEAg (Departamento de Estudos Agrários) da UNIJUÍ (Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul). O solo da unidade experimental se caracteriza por ser um Latossolo Vermelho distroférico típico (EMBRAPA, 2006), e o clima da região se enquadra na descrição de Cfa (subtropical úmido), com ocorrência de verões quentes e sem ocorrência de estiagens prolongadas (KUINCHTNER, 2001). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por cinco linhas espaçadas 0,20 metros entre si e foram avaliadas 22 linhagens de aveia mais 2 cultivares como testemunha (Barbarasul e URS Taura). A adubação e fertilização por cobertura foram feitos de acordo com a recomendação.

Foram avaliados os caracteres de rendimento de grão (RG), peso hectolitro (PH), massa de mil grãos (MMG), dias de emergência a floração (DEF), dias de floração a maturação (DFM), dias de emergência a maturação (DEM), estatura (EST), acamamento (ACA), ferrugem da folha (FFO), Mancha foliar (MF), ferrugem do colmo (FCO). Foi realizado o teste da contribuição relativa, agrupamento de Tocher e correlação para os caracteres agrônômicos da cultura, utilizando o programa estatístico GENES.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na tabela 1, de contribuição relativa, nota-se que entre os caracteres de interesse agrônômicos avaliados do Ensaio Regional de Linhagens de Aveia os dias de emergência de a maturação (DEM) foi aquele que mostrou maior contribuição a variabilidade genética total observada (s. j=50%) frente a esse conjunto de genes.

**Tabela 1.** Contribuição relativa de caracteres relacionados ao rendimento de grãos e caracteres adaptativos do Ensaio Regional de Linhagens de Aveia branca. IRDeR/DEAg/UNIJUÍ, 2012.

Variável	s. j	s. j (%)
RG	456,84	0
PH	1191,87	0
MMG	1,04	0
DEF	1051211379	19,32
DFM	1669840963	30,68
DEM	2721069264	50
EST	2388,07	0
ACA	2943,75	0
FFO	1875,39	0
MF	1838,31	0
FCO	486,47	0

RG= Rendimento de grãos; PH= Peso hectolitro; MMG= Massa de mil grãos; DEF= Dias de emergência a floração; DFM= Dias de floração a maturação; DEM= Dias de emergência a maturação; EST= Estatura; ACA= Acamamento; FFO= Ferrugem da folha; MF= Mancha foliar; FCO= Ferrugem do colmo.

Ressalta-se que a fase de enchimento de grãos foi a que em segundo plano mostrou maior contribuição na diferenciação entre as linhagens (s.j.=30,68%). E, os dias da emergência a floração (DEF) a que na terceira colocação indicou maior efetividade (s.j.=19,32%). É importante comentar que os demais caracteres avaliados se mostraram praticamente nulos a contribuição para a variabilidade e genética total, o que indiretamente dá indícios da forte pressão sobre esses caracteres e da estreita base genética sobre as linhagens deste ensaio. Tal fato recai da importância de inclusão nos programas do melhoramento brasileiro genótipos que permitam incrementar a base genética, concomitantemente, com valores médios superiores nos caracteres de interesse.

**Tabela 2.** Agrupamento de Tocher do Ensaio Regional de Linhagens de Aveia branca para detecção da variabilidade genética entre os genótipos. IRDeR/DEAg/UNIJUÍ, 2012

GRUPO	Distância Genética de Tocher				
I	UPF 99H21-1-5- 2	UPF 99H21-1-5- 3	CGF 03-006	UFRGS 097032- 2	UFRGS 097021- 2
	UFRGS 097032- 1	URS 21	UFRGS 097084- 2	UFRGS 096070	AL 0958
	UFRGS 0907016-2	URS Taura	AL 0933	AL 0924	AL 0925
			AL 0953		
II	UFRGS 097014-2	UFRGS 098096-1	UFRGS 097092- 4	UPF 29H08	UFRGS 098168-2
	UFRGS 098057-3			UFRGS 098167-1	
III	Barbarasul				

Na tabela 2, pelo método de agrupamento de Tocher, a reduzida variabilidade genética é confirmada pela formação de apenas três grupos, mas sugerindo a combinação de genitores entre genótipos de grupos distintos.

**Tabela 3.** Coeficiente de correlação sobre caracteres de interesse agrônomo do Ensaio Regional de Linhagens de Aveia branca. IRDeR/DEAg/UNIJUÍ, 2012.

Variáveis	r	Variáveis	r	Variáveis	r
RG X PH	0,64*	PH X MMG	0,06	MMG X DEF	0,16
RG X MMG	0,19	PH X DEF	-0,25	MMG X DFM	-0,23
RG X DEF	-0,13	PH X DFM	0,23	MMG X DEM	-0,02
RG X DFM	0,11	PH X DEM	-0,19	MMG X EST	-0,08
RG X DEM	-0,11	PH X EST	0,29	MMG X ACA	-0,2
RG X EST	-0,03	PH X ACA	-0,21	MMG X FFO	-0,39
RG X ACA	0,01	PH X FFO	-0,26	MMG X MF	-0,34
RG X FFO	-0,31	PH X MF	0,08	MMG X FCO	0,12
RG X MF	-0,24	PH X FCO	0,03	DEF X DFM	-0,91
RG X FCO	0,2	DFM X DEM	-0,39*	DEF X DEM	0,74*
DEM X EST	0,04	DFM X EST	0,01	DEF X EST	0,05
DEM X ACA	-0,34	DFM X ACA	-0,02	DEF X ACA	-0,14
DEM X FFO	-0,01	DFM X FFO	0,07	DEF X FFO	-0,05
DEM X MF	-0,53	DFM X MF	-0,53*	DEF X MF	-0,76*
DEM X FCO	0,07	DFM X FCO	-0,09	DEF X FCO	0,09
EST X ACA	0,05	ACA X FFO	0,17	FFO X MF	0,36

EST X FFO	-0,44*	ACA X MF	0,14	FFO X FCO	0,14
EST X MF	-0,08	ACA X FCO	-0,37	-	-
EST X FCO	-0,56*	MF X FCO	-0,09	-	-

RG= Rendimento de grãos; PH= Peso Hectolitro; MMG= Massa de mil grãos; DEF= Dias de emergência ao florescimento; DFM= Dias da floração a maturação; DEM= Dias da emergência a maturação; EST= Estatura; ACA= Acamamento; FFO= Ferrugem da folha; MF= Mancha foliar; FCO= Ferrugem do colmo.

Na tabela 3 de correlações, cabe destacar o efeito positivo e significativo do peso hectolitro (PH) em incrementar a produção final. Além disso, grande parte das associações não foram significativas, possivelmente atrelada a reduzida base genética atribuída neste ensaio. Destaca-se também relações entre EST x FFO ( $r=-0,44$ ), EST x FCO ( $r=-0,56$ ), DFM x DEM ( $r=-0,39$ ), DFM x MF ( $r=-0,53$ ), DEF x DEM ( $r=0,74$ ) e DEF x MF ( $r=-0,76$ ). Ressalta-se que o incremento dos dias da emergência a floração (DEF) favorecem no aumento do ciclo total e a incidência de mancha foliar.

#### 4 CONCLUSÃO

A relação direta e positiva do peso do hectolitro confirmou como única variável de relação direta e positiva com o rendimento de grãos. Além disto, poucas associações foram observadas entre as variáveis deste ensaio, possivelmente, decorrente da reduzida variabilidade genética observada. E, o incremento dos dias da emergência a floração favorecem o ciclo de produção e a incidência da mancha foliar. Além disto, a reduzida variabilidade genética observada reforça a necessidade de introduções de novas constituições genéticas visando alteração do platô em caracteres de interesse agrônomo nesta espécie.

#### 5 REFERÊNCIAS

- CRUZ, C. D. **Programa GENES**: versão windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2. ed. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPSo, 2006. 306 p.
- KUINCHTNER, Angélica; BURIOL, Adeli Galileo. Clima do estado do rio grande do sul segundo a classificação climática de köppen e thornthwaite. **Disciplinarum Scientia**. Série: Ciências Exatas, S. Maria, v.2, n.1, p.171-182, 2001.
- MIRA, G. S.; GRAF, H.; CÂNDIDO, L.M.B. Visão retrospectiva em fibras alimentares com ênfase em betaglucanas no tratamento do diabetes. **Brazilian Journal of Pharmaceutical Sciences** vol. 45, n. 1, jan./mar., 2009.
- SCOTT, A. J., KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, n.3, p.507-12, 1974.
- SUDRÊ, C.P et al. **Contribuição relativa de características quantitativas para a divergência genética em acessos de pimenta e pimentão**. Disponível em: <<http://www.abhorticultura.com.br/biblioteca/arquivos/Download/Biblioteca/olme4031c.pdf>> Acesso em: 02/03/2012.