

# REVISTA CERES

Novembro e Dezembro de 2004

VOL. LI | Nº 298

Viçosa – Minas Gerais

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SOJA AUSENTES DE ENZIMAS LIPOXIGENASES<sup>1</sup>

Patrícia Helena de Azevedo<sup>2</sup>  
Virgínia Helena de Azevedo<sup>3</sup>  
Tuneo Sedyama<sup>4</sup>  
Múcio Silva Reis  
Rita de Cássia Teixeira  
Paulo Roberto Cecon<sup>5</sup>

### RESUMO

Este trabalho objetivou quantificar a divergência genética entre oito linhagens de soja ausentes de enzimas lipoxigenases e duas variedades, por meio de análise de agrupamento, utilizando-se duas medidas de dissimilaridade, e verificar a importância relativa de cada característica para a divergência genética. As linhagens e variedades foram agrupadas de acordo com o método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis e na distância euclidiana. Os agrupamentos diferiram de acordo com as medidas de dissimilaridade. Utilizando-se o método de Tocher e a distância euclidiana, verificou-se a formação de três grupos, comparado com o método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis, em que

<sup>1</sup> Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, como um dos requisitos para a obtenção do título de Doctor Science em Fitotecnia. Aceito para publicação em 12.06.2003.

<sup>2</sup> Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso. pathazevedo@unemat.br

<sup>3</sup> Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso. vhazevedo@unemat.br

<sup>4</sup> Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, 36570-000 Viçosa, MG.

<sup>5</sup> Departamento de Informática, Universidade Federal de Viçosa, 36570-000 Viçosa, MG.

se formaram apenas dois. A característica que mais contribuiu para a divergência genética foi a altura de planta, nas duas metodologias.

Palavras-chave: *Glycine max*, divergência genética, agrupamento.

## ABSTRACT

### GENETIC DIVERGENCE AMONG SOYBEAN LINES AND VARIETIES WITHOUT LIPOXIGENASES

The purpose of this work was to quantify the genetic divergence among eight soybean lines without lipoxigenases and two varieties, by means of grouping analysis using two measures of dissimilarity and to verify the relative importance of each characteristic for genetic divergence. The genotypes were grouped according to the Tocher optimization method, based on the widespread distance of Mahalanobis and the Euclidean distance. It was concluded that the grouping differed according to the dissimilarity measures applied. The Tocher method and the Euclidean distance allowed the formation of three groups, as compared to the Tocher method and the widespread distance of Mahalanobis, which formed only two groups. The characteristic plant height contributed the most to genetic divergence for both methodologies.

Key words: *Glycine max*, genetic divergence, grouping.

## INTRODUÇÃO

O termo análise multivariada refere-se à análise conjunta de diversas características simultaneamente. Em outras palavras, constitui-se em um conjunto de técnicas analíticas que permitem o trato das características em conjunto, possibilitando integrar as múltiplas informações extraídas das avaliações experimentais. Portanto, pode ser considerada uma análise unificadora (1).

A vantagem dos métodos multivariados está em permitir combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um complexo de variáveis (2). Deste modo, é possível avaliar a divergência e selecionar materiais mais promissores, levando em consideração a contribuição e a importância relativa dos caracteres para a variância total entre as populações (7).

Existem grande número de métodos de agrupamento disponíveis. Ao pesquisador compete decidir qual é o mais adequado ao seu trabalho, uma vez que as variadas técnicas podem proporcionar diferentes padrões de agrupamentos.

Grande número de trabalhos têm sido desenvolvidos em diversas culturas, nos quais normalmente se utilizam, como medida de dissimilaridade, a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e, como técnica de agrupamento, o método de Tocher. A grande diversidade de gêneros e espécies utilizados nestes estudos revela a importância deste procedimento multivariado no melhoramento de plantas e indica que a medida de dissimilaridade  $D^2$  e o método de agrupamento proposto por Tocher parecem ser os preferidos pela comunidade científica na avaliação da diversidade genética (3).

As técnicas de análise multivariada têm constituído em ferramentas de grande utilidade em estudos genéticos, por considerar simultaneamente um conjunto de características importantes para os melhoristas. Alguns dos principais objetivos dos procedimentos multivariados são avaliar a similaridade ou dissimilaridade entre genótipos, visando recomendar cruzamentos entre genitores divergentes em programas de hibridação, e administrar informações disponíveis em bancos de germoplasma (5).

Os métodos preditivos de estudo da divergência genética, por dispensarem a obtenção prévia de combinações híbridas, como ocorre nos dialelos, têm merecido considerável ênfase (2).

A diversidade genética entre cultivares-elites de soja foi estudada utilizando-se técnicas preditivas a partir de características agronômicas, sendo importante para monitorar cruzamentos e mesmo para eliminar acessos com conteúdos gênicos semelhantes em bancos de germoplasma (6).

Os objetivos deste trabalho foram avaliar a divergência genética entre dez genótipos de soja, utilizando duas medidas de dissimilaridade, e verificar a contribuição relativa de cada caractere para a divergência genética.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foi avaliada a divergência genética entre oito linhagens ausentes de enzimas lipoxygenases, denominadas de triplo nulas (TN), e duas variedades comerciais de soja. No estudo da divergência genética foram avaliados seis caracteres agronômicos e duas variáveis relacionadas à doença denominada oídio (*Microsphaera diffusa*). Os genótipos estudados foram desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa.

O experimento foi conduzido em casa de vegetação. Cada linhagem e variedade foi semeada em vasos com capacidade de três litros. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com quatro repetições. Cada vaso conteve quatro plantas, cada uma constituindo uma repetição. As variedades UFV-16 (Capinópolis) e FT-Estrela foram utilizadas como padrão de resistência e suscetibilidade ao oídio

(*Microsphaera diffusa*), respectivamente. Os dados foram submetidos à análise de variância e análise multivariada.

Na análise de agrupamento foi utilizado o método de Tocher, com base nas distâncias euclidianas e distância generalizada de Mahalanobis.

Foram utilizados neste trabalho os seguintes materiais:

- |                          |                      |
|--------------------------|----------------------|
| 1 – UFV98-32(3)TN56      | 6 – UFV96-16602TN12  |
| 2 – UFV98-72(3)TN76      | 7 – UFV98-62(3)TN66  |
| 3 – UFV-16 (Capinópolis) | 8 – FT-Estrela       |
| 4 – UFV98-21(3)TN38      | 9 – UFV96-16435TN22  |
| 5 – UFV98-40(3)TN58      | 10 – UFV96-16491TN21 |

As variáveis avaliadas foram: 1 - Altura de planta (AP) - expressa pela distância, em cm, a partir do nível do solo até a extremidade da haste principal; 2 - Altura de inserção da primeira vagem (AIPV) - obtida pela distância, em cm, a partir do nível do solo até a inserção da primeira vagem, no final do ciclo; 3 - Número de nós na haste principal (NN) - obtido pela contagem a partir do nó da folha unifoliolada até o nó de inserção da última vagem; 4 - Número de vagens por planta (NVP) - expresso pelo número total de vagens de cada planta, 5 - Número de sementes por planta (NSP) - obtido pelo número total de sementes de cada planta; e 6 - Peso de sementes por planta (PSP) - obtido pela pesagem de todas as sementes de cada planta.

A avaliação da doença foi feita utilizando-se a seguinte escala de notas visuais:

a) Nota visual do folíolo mais infectado:

- 1 - Ausência de lesão.
- 2 - 1 a 25% do folíolo infectado com oídio.
- 3 - 26 a 50% do folíolo infectado com oídio.
- 4 - 51 a 75% do folíolo infectado com oídio.
- 5 - 76 a 100% do folíolo infectado com oídio.

b) Nota visual da planta (somatório da área foliar infectada):

- 1 - Ausência de lesão.
- 2 - 1 a 25% dos folíolos infectados com oídio.
- 3 - 26 a 50% dos folíolos infectados com oídio.
- 4 - 51 a 75% dos folíolos infectados com oídio.
- 5 - 76 a 100% dos folíolos infectados com oídio.

Na aplicação da metodologia, inicialmente estimou-se a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e a distância euclidiana. As linhagens e variedades foram então reunidas em grupos pelo método de Tocher, utilizando-se os recursos computacionais do Programa GENES (4).

A contribuição relativa de cada característica para a diversidade genética entre os genótipos foi avaliada pela metodologia de SINGH (8), com auxílio do programa computacional GENES (4).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferenças significativas entre as médias das linhagens e variedades nas características altura de planta (AP), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), número de nós na haste principal (NN), avaliação de oídio na planta (AOP) e avaliação de oídio no folíolo mais infectado (AOF). As médias das características número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP) e peso de sementes por planta (PSP) não apresentaram diferenças significativas pelo teste F, a 5% de probabilidade (Quadro 1).

**QUADRO 1 - Resumo da análise de variância das variáveis medidas em 10 genótipos de soja**

| FV      | G.L | · QM <sup>1</sup> |          |        |                      |                      |                     |       |       |
|---------|-----|-------------------|----------|--------|----------------------|----------------------|---------------------|-------|-------|
|         |     | AP                | AIPV     | NN     | NVP                  | NSP                  | PSP                 | AOP   | AOF   |
| Gen     | 9   | 4733,78*          | 4676,79* | 42,11* | 120,69 <sup>ns</sup> | 485,08 <sup>ns</sup> | 10,52 <sup>ns</sup> | 0,37* | 0,43* |
| Resíduo | 30  | 164,73            | 652,61   | 3,66   | 60,79                | 226,54               | 5,21                | 0,04  | 0,09  |

<sup>1</sup>AP=altura de planta; AIPV=altura de inserção da primeira vagem; NN=número de nós na haste principal; NVP=número de vagens por planta; NSP=número de sementes por planta; PSP=peso de sementes por planta; e AOP=avaliação de oídio na planta; AOF=avaliação de oídio no folíolo mais infectado.

O reconhecimento de grupos de materiais com elevada similaridade pela observação do conjunto de distâncias é trabalhoso e pouco eficiente, devido ao elevado número de medidas disponíveis. Deste modo, métodos que, por algum critério de classificação, façam agrupamentos homogêneos são importantes na avaliação e caracterização de bancos de germoplasma.

O método de otimização de Tocher tem por finalidade realizar a partição de um conjunto de genótipos em grupos mutuamente exclusivos. Ele adota como critério que as medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo devem ser menores que as distâncias médias entre quaisquer grupos (6). Por meio deste método, utilizando-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, observou-se a formação de dois grupos, um contendo oito linhagens/variedades e o outro, duas. Todas as linhagens ausentes das enzimas lipoxigenases Lox1, Lox2 e, Lox3 ficaram reunidas num mesmo grupo (Quadro 2).

As variedades UFV-16 (Capinópolis) e FT-Estrela, consideradas padrão de resistência e suscetibilidade ao oídio, respectivamente, foram agrupadas em um mesmo grupo (Quadro 2).

A característica altura de planta foi a variável de maior contribuição para a divergência genética, 41,42%, seguida por número de nós, com 18,76%, e avaliação de oídio na planta, com 16,17% (Quadro 3).

**QUADRO 2 – Padrão de agrupamento de 8 linhagens de soja ausentes e duas variedades comerciais, de acordo com o método de Tocher baseado na distância generalizada de Mahalanobis**

| Grupos | Linhagens/variedades |   |   |   |   |   |   |    |
|--------|----------------------|---|---|---|---|---|---|----|
| I      | 2                    | 4 | 1 | 5 | 6 | 7 | 9 | 10 |
| II     |                      |   |   | 3 | 8 |   |   |    |

**QUADRO 3 – Contribuição relativa de cada característica (S.j) para divergência genética entre as linhagens/variedades, com base na partição do total de  $D^2$**

| Variável | Contribuição relativa (%) |
|----------|---------------------------|
| AP       | 41,42                     |
| NN       | 18,76                     |
| AOP      | 16,17                     |
| AOF      | 11,66                     |
| NSP      | 3,45                      |
| AIPV     | 3,28                      |
| NVP      | 2,86                      |
| PSP      | 2,40                      |

AP=altura de planta; NN=número de nós na haste principal; AOP=avaliação de oídio na planta; AOF=avaliação de oídio no folíolo mais infectado; NSP=número de sementes por planta; AIPV=altura de inserção da primeira vagem; NVP= número de vagens por planta; e PSP=peso de sementes por planta.

Para o método de Tocher, utilizando-se a distância euclidiana (Quadro 4), verificou-se a formação de três grupos, um contendo oito genótipos, e os demais um. Portanto, as linhagens ausentes das enzimas lipoxigenases Lox1, Lox2 e Lox3 também foram reunidas num mesmo grupo (Quadro 4).

Vale salientar que as variedades UFV-16 (Capinópolis) e FT-Estrela, utilizadas como padrão de resistência e suscetibilidade ao oídio, respectivamente, foram por este método, agrupadas em grupos distintos, o que não aconteceu quando se utilizou como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis.

As variáveis AP e AIPV foram as que mais contribuíram para a formação dos grupos, com 47,01 e 46,44%, respectivamente. As variáveis relacionadas à doença tiveram contribuição insignificante para a separação dos grupos (Quadro 5).

No método de Tocher, utilizando-se a distância euclidiana, houve a formação de maior número de grupos, comparado ao método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ). Esta tem sido muito utilizada no estudo da divergência genética em várias espécies, sendo considerada muito eficiente, pois para o cálculo das distâncias considera-se a matriz de variâncias e covariâncias residuais. Mesmo assim, o método de agrupamento de Tocher, utilizando-se as duas medidas de dissimilaridade, possibilitou boa discriminação das linhagens e variedades.

Esses resultados foram importantes, pois permitiram avaliar materiais provenientes do Banco de Germoplasma do Programa de Melhoramento Genético da Soja, facilitando o monitoramento e utilização em futuras estratégias de melhoramento.

**QUADRO 4 – Padrão de agrupamento de oito linhagens de soja ausentes das lipoxigenases Lox1, Lox2 e Lox3 e duas variedades comerciais, de acordo com o método de Tocher, com base na distância euclidiana**

| Grupos | Genótipos        |
|--------|------------------|
| I      | 2 4 5 1 9 10 6 7 |
| II     | 8                |
| III    | 3                |

**QUADRO 5 - Contribuição relativa de cada característica (S.j) para a divergência genética entre as linhagens/variedades, com base na distância euclidiana**

| Variável | Contribuição Relativa (%) |
|----------|---------------------------|
| AP       | 47,01                     |
| AIPV     | 46,44                     |
| NSP      | 4,83                      |
| NVP      | 1,19                      |
| NN       | 0,42                      |
| PSP      | 0,10                      |
| AOP      | 0,003                     |
| AOF      | 0,004                     |

AP= altura de planta; AIPV= altura de inserção da primeira vagem; NSP=número de sementes por planta; NVP= número de vagens por planta; NN=número de nós na haste principal; PSP=peso de sementes por planta; AOP= avaliação de oídio na planta e AOF=avaliação de oídio no folíolo mais infectado.

## CONCLUSÕES

1) Os agrupamentos diferiram de acordo com as medidas de dissimilaridade. Com o método de Tocher e a distância euclidiana,

verificou-se a formação de três grupos, enquanto que com base na distância generalizada de Mahalanobis apenas dois grupos foram formados.

2) A característica que mais contribui para a divergência genética foi altura de planta, nas duas metodologias.

3) Os resultados permitiram melhor discriminação dos materiais de bancos de germoplasmas, para futuro uso em estratégias de melhoramento.

## REFERÊNCIAS

1. AMARAL JUNIOR, A. T. do. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. *Horticultura Brasileira*, 17: 3-6, 1999.
2. CRUZ, C. D. & REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ª ed. Viçosa, Editora UFV, 1997. 390p.
3. CRUZ, C. D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1990. 188 p. (Dissertação de doutorado).
4. CRUZ, C. D. Programa GENES: Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, 2ª ed. Viçosa, Editora UFV, 2001. 648p.
5. CRUZ, C. D. A informática no melhoramento genético. In: Nass, L.L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S. de. & Valadares-Inglis, M. C. (eds). In: Recursos genéticos e melhoramento de Plantas. Rondonópolis, Fundação MT, 2001 p. 1085-118.
6. MIRANDA, G. V.; SEDIYAMA, C. S; REIS, M. S. & CRUZ, C. D. Genetic diversity among elite Brazilian soybean cultivars with narrow genetic base. *Crop Breeding and Applied Biotenhnology*, 1: 115-23, 2001.
7. OLIVEIRA, V. R.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, P. R. G. & BRACCINI, A. de. L. e. Avaliação da diversidade genética em pimentão através da análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, 17: 19-24, 1999.
8. SINGH, D. The relative importance of characters affeting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41: 237-45, 1981.