



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA**  
**FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR, MORFOAGRONÔMICA E DE  
QUALIDADE DE GRÃOS DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA  
IRRIGADA NO CERRADO**

**RENATO FERNANDO AMABILE**

**TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA**

**BRASÍLIA/DF**  
**MARÇO/2013**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA**  
**FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR, MORFOAGRONÔMICA E DE  
QUALIDADE DE GRÃOS DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA  
IRRIGADA NO CERRADO**

**RENATO FERNANDO AMABILE**

**ORIENTADOR: FÁBIO GELAPE FALEIRO**  
**CO-ORIENTADOR: JOSÉ RICARDO PEIXOTO**

**TESE DE DOUTORADO EM AGRONOMIA**

**PUBLICAÇÃO: 10/2013**

**BRASÍLIA/DF**  
**MARÇO/2013**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA**  
**FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR, MORFOAGRONÔMICA E DE  
QUALIDADE DE GRÃOS DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA  
IRRIGADA NO CERRADO**

**RENATO FERNANDO AMABILE**

**TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA AO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO  
EM AGRONOMIA DA FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA  
VETERINÁRIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, COMO PARTE DOS  
REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE DOUTOR EM  
AGRONOMIA, LINHA DE PESQUISA EM MELHORAMENTO VEGETAL.**

**APROVADA POR:**

---

Fábio Gelape Faleiro, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 739.634.706-82,  
fabio.faleiro@embrapa.br (Orientador)

---

Eduardo Alano Vieira, D.Sc., Embrapa Cerrados, CPF: 999.533.669-34,  
eduardo.alano@embrapa.br (Examinador externo)

---

Keize Pereira Junqueira, D.Sc., Embrapa Produtos e Mercado, CPF: 717.667.741-72,  
keize.junqueira@embrapa.br (Examinadora externa)

---

Marcelo Fagioli, D.Sc., Universidade de Brasília, CPF: 729.409.306-78, mfaoli@unb.br  
(Examinador interno)

---

Walter Quadros Ribeiro Júnior, Ph. D., Embrapa Cerrados, CPF: 906.075.388-72,  
walter.quadros@embrapa.br (Examinador externo)

**BRASÍLIA/DF, 13 de março de 2013.**

## FICHA CATALOGRÁFICA

---

A479c Amabile, Renato Fernando.  
Caracterização molecular, morfoagronômica e de  
qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada  
no Cerrado / Renato Fernando Amabile. – Brasília, 2013.  
220 p. : il.  
Orientação de Fábio Gelape Faleiro; co-orientação de  
José Ricardo Peixoto.  
Tese (Doutorado) – Universidade de Brasília / Faculdade  
de Agronomia e Medicina Veterinária, 2013.

1. *Hordeum vulgare* L. 2. Diversidade genética.  
3. Qualidade malteira. 4. Herdabilidade. 5. Parâmetro  
genético. 6. Correlação genética. I. Faleiro, Fábio  
Gelape. II. Peixoto, José Ricardo. III. Título.

633.16 CDD 21

---

Catálogo na fonte: Marilaine Schaun Pelufê (CRB 1/2045)

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

AMABILE, R. F. **Caracterização molecular, morfoagronômica e de qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada no Cerrado**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2013, 220 p. Tese de Doutorado.

## CESSÃO DE DIREITOS

NOME DO AUTOR: Renato Fernando Amabile

TÍTULO DA TESE DE DOUTORADO: Caracterização molecular, morfoagronômica e de  
qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada no Cerrado.

GRAU: Doutor ANO: 2013

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado para única e exclusivamente propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta tese de doutorado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor. Citações são estimuladas, desde que citada a fonte.

---

**Renato Fernando Amabile**

CPF: 239.382.421-91

renato.amabile@embrapa.br

A DEUS,  
OFEREÇO.

Aos meus Guias,  
MINHA ETERNA GRATIDÃO.

À Laura e a minha família,  
DEDICO.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo que me deu na vida e por sempre estar presente nos seus degraus, cuidando do seu filho. Deus, muito obrigado!

À minha família, aqui e ali, pelo incessante apoio e compreensão neste meu caminho. Obrigado papai e mamãe! Obrigado Laura, meus filhos Rafael e Sofia e minha irmã Paula.

Ao Orientador e amigo Fábio Faleiro Gelape pela sua amizade sincera, atenção, pelos profundos ensinamentos adquiridos, pelas palavras encorajadoras e inestimável orientação. Muito obrigado, meu amigo, pelo incansável incentivo e dedicação dispensada!

Ao co-orientador, amigo e grande mestre Professor José Ricardo, pela doutrina acadêmica ministrada, absoluta amizade construída, pelas muitas e verdadeiras oportunidades oferecidas e conhecimentos transmitidos. Obrigado, Prof. Zé Ricardo!

Ao meu amigo eterno e irmão Amilton da Silva Pires, pela amizade incondicional, pois sem ele esta tese não existiria. Não tenho palavras a agradecer você, meu irmão!

Ao meu grande amigo Walmir Dantas, pela amizade eterna e divina!

Aos amigos, para a vida toda, Vitor Monteiro e Ricardo Sayd, pela ajuda, paciência, imprescindíveis sugestões ao longo dos anos de convivência e, principalmente, pela nossa amizade. Muito obrigado, meus amigos!

Aos amigos Arminda Carvalho, Leide Andrade, Solange Andrade, Eduardo Alano, Flávio Capettini e Walter Quadros pelas críticas, sugestões, correções, apoio sincero e amizade prestada. Obrigado pelas amizades!

Às bibliotecárias Marilaine Pelufe, Paloma Oliveira e Shirley Araujo pela incessante ajuda nas revisões das referências bibliográficas e nos ensinamentos ofertados; e também à Maria da Conceição Araújo pelo apoio constante junto à biblioteca da Embrapa Cerrados.

Ao Levi Botelho, Antônio Oliveira, Walduir Siqueira e Pedro Cruz pelo valioso apoio durante e após a condução dos ensaios de campo e generosidade de sempre.

A toda equipe do Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados e, em especial ao João Batista dos Santos e, aos amigos Bernardo Coutinho de Almeida e João Gilberto Alves Villela pela ajuda com as análises dos marcadores genético-moleculares.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA e, em especial, a Embrapa Cerrados pela possibilidade da realização deste treinamento.

À Universidade de Brasília, através da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, pela acolhida amiga durante o curso.

Ao Santos Futebol Clube pelas alegrias e emoções vividas!

À Malteria do Vale, em especial a Rosana Ferrari e Cássio Ciulla, pelas análises de micromalteiro e orientação nas interpretações desses dados.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação da Agronomia da UnB pelos conhecimentos compartilhados.

À banca, nos nomes da Keize, Fagioli, Alano, Walter e Fábio, pelas sugestões e tempo que dispuseram para melhorá-la.

A todos aqueles que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

## SUMÁRIO

1. RESUMO .....	1
2. ABSTRACT .....	3
3. INTRODUÇÃO .....	5
4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	7
4.1 A Cevada .....	7
4.2 O Cerrado .....	9
4.3 Potencialidades da cevada no Cerrado .....	12
4.4 Breve histórico da cevada no Brasil e no Cerrado .....	13
4.5 Situações mundial e brasileira .....	14
4.6 A pesquisa da Cevada irrigada no Cerrado brasileiro com enfoque no melhoramento genético .....	15
4.7 Variabilidade genética da cevada .....	20
4.8 Aspectos da interferência ambiental sobre caracteres de cevada .....	23
4.9 Análises multivariadas no estudo da diversidade e do melhoramento genético .....	24
4.10 Genética quantitativa aplicada à caracterização de recursos genéticos e ao melhoramento genético da cevada .....	29
4.11 Marcadores moleculares aplicados à caracterização de recursos genéticos e ao melhoramento genético de cevada .....	39
4.12 Indicadores malteiros .....	43
4.12.1 Extrato .....	46
4.12.2 Proteína .....	47
4.12.3 $\beta$ -glucanas .....	48
4.12.4 Índice de Kolbach .....	49
4.12.5 Nitrogênio Solúvel .....	50
4.12.6 Índice de Hartong .....	50
4.12.7 Viscosidade .....	51
4.12.8 Friabilidade .....	51
4.12.9 Cor após fervura .....	52
5. OBJETIVO GERAL .....	53
6. OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	53
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	54
CAPÍTULO I - VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA PARA SISTEMAS IRRIGADOS NO CERRADO COM BASE EM MARCADORES RAPD .....	81
1.1 RESUMO .....	82
1.2 ABSTRACT .....	83
1.3 INTRODUÇÃO .....	84
1.4 MATERIAL E MÉTODOS .....	86
1.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	88
1.6 CONCLUSÕES .....	91
1.7 TABELAS E FIGURAS .....	92
1.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	98



CAPÍTULO II - CARACTERIZAÇÃO E VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA COM BASE EM CARACTERES DE QUALIDADE INDUSTRIAL MALTEIRA AVALIADAS EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO.....	102
2.1 RESUMO.....	103
2.2 ABSTRACT .....	104
2.3 INTRODUÇÃO .....	105
2.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	107
2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	109
2.6 CONCLUSÕES .....	118
2.7 TABELAS E FIGURAS.....	119
2.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	127
CAPÍTULO III - VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS AVALIADAS EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO .....	135
3.1 RESUMO.....	136
3.2 ABSTRACT .....	137
3.3 INTRODUÇÃO .....	138
3.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	140
3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	142
3.6 CONCLUSÕES .....	150
3.7 TABELAS E FIGURAS.....	151
3.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	159
CAPÍTULO IV - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM CEVADA IRRIGADA NO CERRADO.....	167
4.1 RESUMO.....	168
4.2 ABSTRACT .....	169
4.3 INTRODUÇÃO .....	170
4.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	172
4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	175
4.6 CONCLUSÕES .....	182
4.7 TABELAS E FIGURAS.....	183
4.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	186
CAPÍTULO V - DIVERSIDADE GENÉTICA DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO BASEADA EM DADOS MOLECULARES, QUANTITATIVOS E QUALIDADE MALTEIRA .....	192
5.1 RESUMO.....	193
5.2 ABSTRACT .....	194
5.3 INTRODUÇÃO .....	195
5.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	196
5.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	199
5.6 CONCLUSÕES .....	204
5.7 TABELAS E FIGURAS.....	205

5.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	208
CAPÍTULO VI - BRS SAVANNA: NOVA CULTIVAR DE CEVADA HEXÁSTICA MALTEIRA PARA SISTEMAS DE PRODUÇÃO IRRIGADOS NO CERRADO .....	211
6.1 RESUMO.....	212
6.2 ABSTRACT .....	213
6.3 INTRODUÇÃO .....	214
6.4 ORIGEM DA CULTIVAR E DESENVOLVIMENTO .....	215
6.5 PERFORMANCE .....	215
6.6 OUTRAS CARACTERÍSTICAS .....	216
6.7 PRODUÇÃO DE SEMENTES .....	217
6.8 TABELAS E FIGURAS.....	218
6.9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	220

## 1. RESUMO

A versatilidade da cevada (*Hordeum vulgare* L.) em adaptar-se a diversos ambientes e a sua importância econômica proporcionou sua introdução no Cerrado, como cultura irrigada de inverno, na década de 70. Contudo, o êxito da sua inserção dentro do sistema de produção no Cerrado necessita de estudos contínuos e direcionados ao desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com maior qualidade malteira e mais adaptadas. A caracterização e avaliação dos recursos genéticos da cevada, mediante caracterização agrônômica e de qualidade e aliando o emprego de técnicas moleculares é a base do sucesso dos programas de melhoramento genético. Neste trabalho, objetivou-se gerar informações moleculares, morfoagronômicas e de qualidade de grãos, por meio da caracterização de genótipos elite de cevada irrigada e de estimativas de parâmetros genéticos, visando explorar mais eficientemente a variabilidade genética existente e permitir o desenvolvimento de variedades mais produtivas, com maior qualidade malteira e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas sob irrigação no Cerrado. Conduziu-se o ensaio na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, sob sistema de irrigação convencional. Foram avaliados 39 genótipos elite de cevada, hexástica e dística, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, de origens diversas, adotando-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. A variabilidade genética foi estimada utilizando 12 caracteres morfoagronômicos quantitativos, 10 caracteres de qualidade malteira e com base em 160 marcadores moleculares RAPD. Foram obtidos 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos encontrando-se elevada variabilidade genética, passível de ser utilizada no melhoramento genético. Observou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos de cevada avaliados para caracteres qualitativos malteiros, sendo que os caracteres qualitativos que mais contribuíram para a divergência genética foram o nitrogênio solúvel e  $\beta$ -glucanas. A dissimilaridade genética de acessos elite de cevada com base em características morfoagronômicas foi estimada com base na distância generalizada de Mahalanobis e as análises de agrupamento foram realizadas utilizando como critério o método do UPGMA e o método das coordenadas principais. Foram observadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características avaliadas. As características que mais contribuíram para a variabilidade foram a área foliar da folha bandeira e o espigamento, enquanto o teor de proteína e o acamamento foram as que menos contribuíram. Foi verificada uma tendência de agrupamento dos materiais dísticos e hexásticos. As correlações genotípicas encontradas foram, para todos os caracteres, em valores absolutos, superiores às suas

correspondentes correlações fenotípicas e ambientais. Houve grande contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres e a acurácia seletiva foi alta para todos os caracteres. As elevadas magnitudes dos coeficientes de variação genética e das estimativas da herdabilidade ampla indicaram a existência de variabilidade genética apontando a possibilidade de obterem-se ganhos genéticos com a seleção para todos os caracteres. As distâncias genéticas estimadas com base em marcadores moleculares, características quantitativas e qualitativas foram fracamente correlacionadas, evidenciando a complementaridade dos diferentes grupos de características no estudo da diversidade genética. A utilização de índices de seleção e a análise da dispersão gráfica dos genótipos permitiram a seleção de genótipos promissores e indicação de cruzamentos para maximizar efeitos heteróticos e complementaridade gênica no programa de melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado. Como resultado finalístico desse trabalho, foi selecionada a BRS Savanna, para o cultivo em Goiás, Minas Gerais e do Distrito Federal.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., variabilidade, recursos genéticos, parâmetros genéticos, melhoramento genético.

## 2. ABSTRACT

The economic importance of barley (*Hordeum vulgare* L.) and its versatility to adapt to diverse environments afforded its introduction in the Savanna in the 70s as an irrigated winter crop. However, the success of the integration of barley within the production system in the Savanna requires continuous research and directed the development of more productive cultivars with higher malt quality and better adapted to the environment. The agronomical and quality characterization and evaluation of genetic resources of barley combining the use of molecular techniques is the basis for success of breeding programs. This work aimed to generate agronomic, grain quality and molecular information, through the characterization and the estimation of genetic parameters using a collection of elite genotypes. This information would allow to explore more efficiently the genetic variability and to enable the development of more productive varieties with higher malt quality and adapted to different soil and climatic conditions under irrigation in the Savanna. The experiments were conducted at the Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, Brazil, located at 15°35'30" S latitude, 47°42'30" E longitude and 1.007 m located at 15°35'30", under conventional sprinkling irrigation system. Thirty-nine elite, two and six-rowed barley genotypes from a Working Collection of Embrapa Cerrados from various origins, were evaluated, in a randomized complete block design with four replications. Genetic variability was estimated using 12 quantitative morphological characteristics, 10 parameters of malt quality and based on 160 RAPD markers. From the 160 RAPD markers, 141 (88.12%) were polymorphic indicating high genetic variability, which can be used in breeding. It was observed that there is genetic variability for the malting qualitative traits among the barley genotypes evaluated, and the qualitative traits that contributed the most to the genetic diversity were soluble nitrogen and  $\beta$ -glucans. The genetic diversity of elite barley accessions based on agro-morphological traits was estimated based on the Mahalanobis distance and cluster analyses were performed using as criteria the UPGMA method and the method of principal coordinates. Highly significant differences were found among the genotypes for all traits evaluated. The traits that most contributed to the variability were the flag leaf area and silking, while the protein content and lodging were the traits that contributed the least. A cluster tendency of two and six-rowed samples was observed. The genotypic correlations found for all traits were greater than their corresponding phenotypic and environmental correlations. A significant influence of genetic factors on the traits expression was observed and it could be concluded that the phenotypic expression is decreased depending on the environment conditions. The selection accuracy was rated high for all traits. The high values found in the estimation of the coefficients of genetic variation

and broad sense heritability indicated the existence of large genetic variability, allowing the possibility of obtaining genetic gains through the selection for all characters. The genetic distances estimated by molecular markers on quantitative and qualitative traits were weakly correlated, showing the complementarity of different groups of features in the study of genetic diversity. The use of selection indices and graphical analysis of the dispersion of genotypes allowed the selection of promising genotypes and directing crosses to maximize complementarity and heterosis effects on a genetic breeding program of irrigated barley in the Savanna. As a result of this advanced work the variety Savanna BRS was selected for cultivation in the Brazilian States of Goiás, Minas Gerais and Federal District.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., variability, genetic resources, genetic parameters, crop breeding.

### 3. INTRODUÇÃO

O sistema de produção agrícola do Cerrado tem agregado inovações tecnológicas provenientes das necessidades crescentes de diversificação de cultivos, tanto em condições de sequeiro como irrigado. Espécies anteriormente consideradas inaptas ou marginais estão plenamente adaptadas à região, como a soja, o trigo, o girassol, a quinoa, entre outras - hoje uma realidade na região. O sucesso da introdução dessas novas espécies foi possível devido às pesquisas que visaram à sua adaptação ao ambiente muito distinto dos seus centros de origem. Boa parte dessas pesquisas foi embasada no melhoramento genético voltado à introdução e à adaptação de genótipos para promover o crescimento, o desenvolvimento e a sustentabilidade agrícola da cultura.

A cultura da cevada (*Hordeum vulgare* L.) – quarto cereal mais semeado no mundo (FAOSTAT, 2012) – tem se mostrado com alto potencial para integrar sistemas de produção na região. O mercado consumidor demanda grãos de cevada para alimentação animal (7%), para a produção de malte (86%) e outros fins (7%) (MINELLA et al., 2007). A demanda por essa *commodity* é crescente e a produção nas regiões tradicionais, como nos estados do Sul, está longe de atender às necessidades do mercado, cujo déficit é suprido com importações que oneram a balança comercial nacional. Resultados de pesquisa indicam que o Cerrado tem potencial para suprir essa demanda por grãos de cevada, dando oportunidade e oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais (AMABILE et al., 2007a).

Na busca por mais opções de rotação de culturas no Cerrado, a cevada tem se mostrado uma alternativa competitiva para compor os sistemas irrigados cuja área é estimada em 478 mil hectares (LIMA et al., 2009), contemplando os aspectos de sustentabilidade e competitividade que norteiam os princípios da economicidade.

Essa cultura, devido às suas características fisiológicas, necessita de temperaturas do ar amenas e solos corrigidos, condições geralmente presentes nos cultivos de inverno no Cerrado, sob irrigação (AMABILE et al., 2007a). Entretanto, sua inserção no sistema agrícola em questão requer estudos direcionados à sua adaptação a esse ambiente, na busca de estratégias agronômicas que visem explorar, com maior eficiência, a produção dessa cultura.

O volume de informações sobre a tecnologia de produção da cevada no Cerrado exige, ainda, estudos em diversas áreas de conhecimento técnico-científico, principalmente, em relação ao melhoramento vegetal. Cultivares de melhor qualidade industrial e agronômica, mais produtivas e adaptadas ao sistema irrigado (ciclo, resistência ao acamamento e teor de

proteína dos grãos adequado) são demandas prementes, tanto no que concerne à inovação tecnológica quanto na busca dos produtores.

Nesse contexto, a caracterização dos recursos genéticos, com vistas à utilização em programas de melhoramento genético, tem contribuído significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos da agricultura brasileira. Por isso, torna-se fundamental mais conhecimento sobre os recursos genéticos de cevada, sobretudo considerando genótipos elite com boas características agronômicas desenvolvidos em programas de melhoramento genético de várias regiões do mundo. Neste trabalho, as ações de pesquisa e desenvolvimento visaram à caracterização e ao estudo da diversidade genética de genótipos elite de cevada por meio de marcadores moleculares, caracteres quantitativos e de qualidade malteira. Como consequência, as informações obtidas vão contribuir para os programas de avaliação, seleção e melhoramento genético da cevada, possibilitando o desenvolvimento de materiais genéticos que atendam às exigências do sistema produtivo irrigado do Cerrado, fixando a cevada como alternativa agronômica e econômica para essa região.



## 4. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 4.1 A Cevada

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é uma gramínea pertencente à família *Poaceae*, da tribo *Triticeae* e do gênero *Hordeum*, sendo constituída pelas subespécies *Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell e *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* L. O gênero *Hordeum* é formado por 32 espécies, incluindo diplóides, tetraplóides e hexaplóides, com sete cromossomas básicos (BOTHMER et al., 1995). Esse gênero contém espécies anuais, perenes, autógamas e alógamas largamente distribuídas em áreas temperadas, mas que também se encontram em regiões subtropicais, árticas e subárticas, desde o nível do mar a mais de 4.500 m de altitude (BOTHMER, 1991; BOTHMER et al., 1995) e é considerado o cereal em cultivo mais antigo do mundo (BORÉM, 2009).

A *H. vulgare* L. originou-se de uma forma ancestral da cevada selvagem dística, a subespécie *spontaneum*, sendo considerada como uma espécie que teve uma rápida evolução em relação às demais (SMITH, 1995). Única espécie cultivada do gênero, ela é diplóide ( $2n = 14$  cromossomos), cleistogâmica, hermafrodita e preferencialmente autógama (REID & WIEBE, 1979). A alogamia pode ocorrer quando a planta é exposta a temperaturas mais amenas do ar, umidade do ar adequada e muita luminosidade (GILES, 1989; ABDEL-GHANI et al., 2004).

Discriminam-se, por sua vez, duas covariedades da *H. vulgare* L.: a *distichum*, de duas fileiras de grãos ou dística; e a *vulgare*, de seis fileiras de grãos ou hexástica, sendo esta forma resultante de mutações das espiguetas laterais da covariedade dística (BOTHMER & JACOBSEN, 1985). Nas hexásticas, todas as flores de cada nó do ráquis são férteis, enquanto nas dísticas somente a flor da espiguetas central é fértil, e as laterais são estéreis.

Achados arqueológicos recuperados no Oriente Médio (região do Crescente Fértil - “*Fertile Crescent*”), mais precisamente nos sítios de Bus Mordeh fase de Ali Kosh, perto de Deh Luran, no Irã, e em Tell Mureybat, na Síria, evidenciam que a espécie foi domesticada há cerca de 7.900 a.C., sendo esta uma cevada dística (HARLAN, 1979; ZOHARY & HOPF 2001; DIAMOND, 2008). Sementes de cevada selvagem foram encontradas em campos pré-históricos da costa sudoeste do Mar da Galileia, em Israel, datados de 23 mil anos (NADEL et al., 2004). Por volta de 6.000 a.C. aparecem relatos da cevada hexástica e de cevada nua (cujo grão não é aderido a pálea e a lema) (SMITH, 1995). Segundo Covas (1949), a cevada hexástica resultou de mutação na fertilidade das espiguetas laterais da cevada dística. Vavilov (1951, 1957) (apud HARLAN, 1979) descreveu dois centros de origem da cevada: um centro principal compreendendo a península da Ásia Menor, Síria, Palestina, a antiga Transjordânia e

Mesopotâmia e áreas adjacentes do oeste do Irã e um centro secundário, abrangendo o norte da África, a Etiópia e a China e outro na Ásia (“*Hither Asia*”). Entretanto, centros de diversidade para *Hordeum*, com base em áreas que contêm o maior número de espécies, são encontrados em quatro áreas do globo terrestre: o sudoeste da Ásia, a Ásia Central, oeste da América do Norte e sul da América do Sul, recebendo, esta, o maior número de espécies nativas (BOTHMER et al., 1995).

A cevada é uma planta herbácea de ciclo anual, com altura variável e raiz capilar, seminal e permanente. O colmo é cilíndrico com internódios ocos, intercalados de 5 a 7 nós, nos quais surgem as folhas. Estas são alternadas, paralelinérveas, invaginantes, opostas de cada lado do caule decorrendo da inserção de cada nó, incluindo a lígula e a aurícula (REID & WIEBE, 1979). A lígula é fina e não possui função definida, no entanto, é encontrada na maioria das cultivares de cevada. A aurícula consiste de duas pinças acessórias que abraçam o pecíolo, sendo na cevada bem proeminente ao contrário da encontrada em demais gramíneas (SMITH, 1995).

As flores estão dispostas em inflorescências tipo espiga terminal constituída de flores arrançadas em espiguetas. Estas, por sua vez, estão dispostas alternadamente em nós da ráquis. A disposição das espiguetas no eixo dá à inflorescência um aspecto quadrangular, estando alinhado em duas ou seis fileiras. Na cevada hexástica, todas as três espiguetas são férteis, ao passo que na dística, apenas a central é fértil enquanto as laterais são estéreis (STARLING, 1980; SMITH, 1995). Cada espiguetas é constituída de duas glumelas (pálea e lema) e um florete que é uma flor completa com três estames e um pistilo (REID & WIEBE, 1979). A terminação da lema pode ser em capuz ou em arista, com ou sem pilosidade. A cevada nua não apresenta a lema e a pálea aderida à semente. O fruto é uma cariopse, amarelada, sulcada longitudinalmente (REID & WIEBE, 1979).

A vasta distribuição geográfica atingida pela cevada ocorreu por causa de sua extensa adaptação ecológica e a sua grande dispersão (CHAPMAN & CARTER, 1976). Por ter um ciclo de produção mais precoce e ser menos exigente em água, a cevada é mais bem adaptada a regiões com temperaturas do ar mais baixas que outros cereais. Assim, tornou-se importante alternativa para sistemas de produção nas regiões de verão muito frio ou curto nas regiões frias e regiões semiáridas onde o trigo, o arroz, o centeio e a aveia não se adaptam bem, além de ser uma alternativa para regiões de latitudes e altitudes extremas (CHAPMAN & CARTER, 1976; MINELLA, 1999b).

Desde os primórdios da civilização, a cevada foi considerada uma das "Sete Espécies" que caracterizaram a fertilidade da Terra Prometida de Canaã (Deuteronômio 8.8 apud BÍBLIA, 1950). Diamond (2008) destacou que, no sudoeste da Eurásia, a disponibilidade de

cevada contribuiu significativamente para que as civilizações daquela região tivessem sobrevivido e conquistado outras civilizações de outras regiões. Na América, a cevada cultivada foi introduzida, oficialmente, na segunda viagem de Colombo que recomendou que ela fosse semeada no “Novo Mundo” (WIEBE, 1979). Não obstante ter sido em sua origem domesticada para a alimentação humana, adquiriu enorme gama de usos ao longo dos séculos. Aponta-se seu emprego desde a alimentação humana – considerada como “o pão do homem pobre” (ZOHARY & HOPF 2001), uso na alimentação animal seja na forma de grãos, pastagem, feno ou silagem (ZHOU, 2009), em rituais religiosos e celebrações (NEWMAN & NEWMAN, 2006) até como moeda (PELLECHIA, 2006). A utilização do grão para o consumo humano e industrial é feita nas formas integral e malteada (OSCARSSON et al., 1996; BHATTY, 1999a; YALÇIN et al., 2007). Devido à potencialidade de uso para consumo humano, a cevada é inserida na categoria de alimento funcional, e seus grãos são estudados e desenvolvidos para cumprir sua função nutricional básica (FERNANDES et al., 2006). Em forma de malte, o grão é empregado na fabricação de bebidas alcoólicas, produtos farmacêuticos e alimentos (AMABILE et al., 2007a). Além disso, o óleo extraído da cevada apresenta altos níveis de tocoferóis e tocotrienóis (até 0,4%) (BABU et al., 1992), especialmente o  $\alpha$ -tocotrienol (MOREAU, 2012), que por sua ação antioxidante, reduzem o colesterol LDL sérico.

## **4.2 O Cerrado**

O Cerrado é a segunda maior formação vegetal brasileira, depois da Amazônia, sendo considerada a Savana tropical mais rica do mundo em biodiversidade. Distribui-se de forma descontínua e heterogênea pelas regiões Centro-Oeste, Sudeste, Norte e Nordeste, entendendo-se por uma área de 2.036.448 km<sup>2</sup>, representando 23,92% do território brasileiro (EITEN, 1993; RIBEIRO & WALTER, 1998; IBGE, 2004). A área nuclear do Cerrado distribui-se, principalmente, pelo Planalto Central Brasileiro, abrangendo os Estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Bahia, Maranhão, Ceará, Piauí, Pará, Rondônia, Roraima, Amapá e São Paulo e, ainda, o Distrito Federal (EMBRAPA, 2011).

Dos sete domínios morfoclimáticos e fitogeográficos brasileiros, o Cerrado constitui o ponto de equilíbrio, devido à sua posição geográfica e características florística, faunística e geomorfológica, visto que se conecta com os demais biomas regionais e com outros continentais através de corredores hidrográficos. Ecologicamente relaciona-se às savanas, constituindo-se em uma de suas configurações regionais (BIOMA CERRADO, 1991).

O Cerrado possui diversas formações ecossistêmicas. Fisionomicamente é classificado em ordem crescente de biomassa vegetal e altura das plantas, em: Campo Limpo, Campo Sujo de Cerrado, Campo Cerrado, Cerrado típico e Cerradão (EMBRAPA, 2011; IBAMA, 2011). É o mais brasileiro de todos os biomas sul-americanos, pois está totalmente inserido no território nacional, à exceção de pequenas parcelas na Bolívia e Paraguai (PROENÇA et al., 2002). Nele, originam-se três das maiores bacias hidrográficas da América do Sul: Tocantins-Araguaia, Prata e São Francisco. Os demais biomas brasileiros (os Pampas, o Pantanal, a Floresta Amazônica, a Caatinga e a Mata Atlântica) recebem alguma fração da água proveniente do Cerrado (EMBRAPA, 2011).

Em relação ao clima, é caracterizado pelo regime climático bimodal: um período chuvoso bem definido, de outubro a abril, com precipitações entre 1.200 mm e 1.800 mm e outro período de seca, que se inicia em maio e termina em setembro (ADÁMOLI et al., 1987). Variações das precipitações ocorrem no limite de outros biomas, registrando-se de 600 mm a 800 mm, no limite com a Caatinga e de 2.000 mm a 2.200 mm na interface com a Amazônia (SCARIOT et al., 2005). No decurso da estação chuvosa, relata-se o aparecimento de um fenômeno climático denominado de veranico - caracterizado pela interrupção das chuvas por um período que, geralmente, compromete o desenvolvimento de culturas - fator que acarreta inúmeros prejuízos à agropecuária do Cerrado (ASSAD, 1994). Mais de 60% da área do Cerrado é afetada pelo veranico, e cerca de 28% é muito susceptível ao fenômeno (COCHRANE et al., 1988).

De acordo com a classificação de Köppen, o clima predominante do bioma é do tipo Aw (tropical úmido de savana, com inverno seco e verão chuvoso), apesar de ocorrerem os tipos climáticos Cwa (tropical de altitude, com semestre de inverno seco e verões quentes) e Cwb (tropical de altitude, com semestre de inverno seco e verões brandos) (BRASIL & ALVARENGA, 1989). Os tipos Cwa e Cwb ocorrem em zonas de altitude mais elevadas, possibilitando a adaptação e a introdução de diversas espécies vegetais. Em decorrência das diferentes altitudes e latitudes, há grande diversidade térmica no Cerrado. As temperaturas médias do ar variam, em média, de 22 °C a 27 °C. Estas são mais baixas devido à latitude e também pela influência das massas de ar provenientes do sul do Brasil (ADÁMOLI et al., 1987; NIMER, 1989).

Entre as diversas classes de solo existentes no Cerrado, os Latossolos são as unidades dominantes (46%) sendo os solos mais encontrados nas áreas utilizadas com sistemas agrícolas irrigados, ocupando amplos chapadões e áreas de topografia suave. No Cerrado, ainda ocorrem os Cambissolos, os Neossolos Quartzarênicos, os Neossolos Flúvicos e os Hidromórficos (MACEDO, 1996; RESENDE et. al., 2002). Ao longo do seu processo de

formação, os Latossolos sofreram intensa lixiviação de bases e sílica, com consequente concentração de argilo-minerais do tipo 1:1, principalmente caulinita e óxidos, particularmente os de ferro e de alumínio. Portanto, são solos com elevado grau de intemperismo, baixa capacidade de troca catiônica, acidez elevada, alta capacidade de adsorção de fósforo e, conseqüentemente, baixa fertilidade natural. O teor de matéria orgânica nesses solos sob condição natural situa-se entre 2,0% e 3,0% (LOPES, 1983; MALAVOLTA & KLIEMANN, 1985; SOUSA & RITCHEY, 1988; KER et al., 1992; HARIDASAN, 1993).

Em áreas sob vegetação natural e bem manejadas, observam-se, para os Latossolos, características físicas favoráveis como profundidade, friabilidade, elevada porosidade, boa aeração e drenagem, média susceptibilidade à erosão e, como característica principal, uma agregação forte e estável (KER et al., 1992). Esses atributos físicos, associados aos relevos plano e suave-ondulado da região, conferem elevada potencialidade para os sistemas irrigados, desde que devidamente corrigidas as limitações químicas e levada em consideração a baixa capacidade de retenção de água desses solos. Entretanto, a partir da sua incorporação ao processo produtivo, iniciam-se alterações que podem provocar sérios problemas de degradação os quais se acentuam com o manejo inadequado, resultando em compactação, elevada densidade do solo, erosão, baixa infiltração da água, o que por vezes pode ocasionar adversidades ou limitações às culturas irrigadas.

Nas últimas décadas, ocorreram mudanças na aptidão agrícola dos solos de Cerrado, devido às tecnologias para eliminar restrições ao cultivo como baixa fertilidade natural e elevada acidez, utilizando-se técnicas que têm proporcionado a manutenção ou a melhoria do potencial produtivo dos sistemas agrícolas, intensificando o dinamismo da agricultura no Cerrado (SOUSA, 2009). Dentre as tecnologias adotadas ao processo produtivo que contribuíram para essas mudanças, destacam-se o manejo e o uso adequado do sistema de irrigação. Pela facilidade de operacionalização, racionalidade de uso, adaptabilidade do sistema às condições topográficas e solos sob Cerrado e por estabelecer aporte financeiro e alternativas de cultivos agrícolas, a irrigação é intensivamente empregada na região. O uso da irrigação via pivô-central cuja área estimada é de cerca de 478 mil hectares (0,235% da área total do bioma) (LIMA et al., 2009), limita-se às culturas com maior retorno econômico, por causa, principalmente, do alto custo de instalação inicial do equipamento por unidade de área. Essa restrição não é desejável para a sustentabilidade e a competitividade do sistema, pois cultivos sucessivos da mesma espécie podem inviabilizá-lo.

Sabe-se que a ocupação intensiva e racional do Cerrado pode fornecer ao País cerca de 150 milhões de toneladas de grãos ao ano. O tempo necessário para que essa previsão se torne realidade, depende, além de fatores econômicos e políticos, de tecnologias e de processos que

garantam ganhos representativos de eficiência nos sistemas de produção (AMABILE & BARCELLOS, 2009).

O agronegócio brasileiro responde por cerca de 1/3 do Produto Interno Bruto (PIB), sendo que a região do Cerrado contribui com aproximadamente 33% desse PIB, empregando aproximadamente 40% da população economicamente ativa. Considerando toda essa importância macroeconômica, são grandes os desafios das ações de pesquisa e desenvolvimento na busca do equilíbrio entre agronegócio, sociedade e uso racional dos recursos naturais (FALEIRO et al., 2008). Encontrar a melhor forma para esse equilíbrio é uma preocupação, não só econômica, como também uma exigência política, social e ambiental. O agronegócio do Cerrado deve considerar desde a produção de matéria-prima até a transformação e a distribuição do produto para o consumidor final. Os mercados e os segmentos devem ser priorizados e atingidos, observando tanto a demanda interna como a exportação. Para isso, no planejamento estratégico devem-se considerar as novas oportunidades de produtos agrícolas utilizando aqueles que tenham penetração no mercado, possibilidade de transformação e agregação de valor, oportunidade de conquista de novos mercados e diversificação do próprio agronegócio. Deve-se levar em conta o nível estratégico, definindo-se os objetivos da propriedade agrícola em relação ao mercado e o nível operacional, com vistas a implementar a melhor gestão dentro da propriedade.

### **4.3 Potencialidades da cevada no Cerrado**

A diversificação no sistema irrigado no Cerrado, com a inserção de novas alternativas agrícolas, como a cevada foi e é sem dúvida conveniente, pois torna o negócio agrícola mais equilibrado e consolidado (AMABILE & BARCELLOS, 2009). A cadeia produtiva de outras culturas, como a do trigo, serve como plataforma de tecnologias e da organização estrutural e pode ser extrapolável para as novas modalidades de produção, como a cevada. O aproveitamento dessa estrutura, aliada às condições favoráveis de produção do Cerrado, deve ser considerada como premissa para que os novos cultivos, matérias-primas obtidas no Cerrado e aproveitamento de coprodutos seja preconizado e aproveitado para compor essa nova oportunidade mercadológica.

Das 124,1 milhões de toneladas de cevada produzidas anualmente no mundo, o Brasil contribui com menos de 1% do total (FAOSTAT, 2012), sendo cultivada apenas nos estados do Sul do Brasil, São Paulo e Goiás (CONAB, 2012). A demanda nacional por essa *commodity* é crescente, e a produção nas regiões tradicionais, como nos estados do Sul, está aquém das necessidades do mercado cujo déficit é suprido com importações que oneram a

balança comercial nacional. Para a autossuficiência do produto importado, seria necessária a consolidação de uma área mínima de 560 mil hectares (MINELLA, 2010). No sistema irrigado do Cerrado, há potencial para suprir grande parte dessa demanda. Nesse contexto, o cultivo da cevada irrigada – como forma de inovação e reorganização tecnológica – mostra-se como alternativa viável, uma vez que ela tem ótima adaptação às condições edafoclimáticas desse bioma (AMABILE, 2007). Essa cultura oferece inúmeras vantagens, tanto do ponto de vista agrônomo (eficiência no uso da água, menor uso de defensivos, maior produção de palhada que outras gramíneas inseridas no sistema e controle de plantas daninhas por supressão), quanto socioeconômico (economia de energia elétrica, menor custo de produção, maior rentabilidade para o produtor, maior estabilização e geração de emprego na cadeia produtiva da cevada).

Do ponto de vista industrial, a cevada produzida no Cerrado apresenta sementes limpas e sem período de dormência, podendo ser malteada logo depois da colheita, dispensando longos períodos de armazenagem para completar a maturação dos grãos (AMABILE, 2007).

De maneira geral, podem-se recomendar as regiões irrigadas do Cerrado situadas acima de 800 m de altitude em Goiás, Minas Gerais, São Paulo e Distrito Federal como as mais apropriadas para a produção de cevada com alta qualidade cervejeira. Em altitudes mais baixas, é possível obter resultados satisfatórios e competitivos, contudo há maior variação e menor estabilidade, principalmente, quanto à classificação comercial, ao teor de proteínas e ao maior potencial de ocorrência de doenças, como a brusone e a mancha-marrom (AMABILE et al., 2007a).

#### **4.4 Breve histórico da cevada no Brasil e no Cerrado**

O primeiro relato da cevada no Brasil data do século XVI, mais precisamente, em 1583, em São Paulo e, posteriormente no Rio Grande do Sul, em 1854, mencionada como “um cultivo estabelecido nas colônias alemãs” (ARIAS, 1999). A cevada adquiriu importância econômica no Brasil a partir de 1930, quando começou a ser cultivada comercialmente na região Sul do País, para a produção de malte cervejeiro (ARIAS, 1995). Tradicionalmente, a cultura tem ficado restrita às áreas mais temperadas, como os planaltos do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná e, recentemente, no Cerrado brasileiro (AMABILE et al., 2007a). Desde o início, a produção ocorre em resposta à demanda da indústria de malte cervejeiro, e os primeiros ensaios com cevada malteira foram conduzidos na Estação Experimental Alfredo Chaves, em Veranópolis-RS e por Zdenco Gayer, em

Araucária-PR (ARIAS, 1995). Historicamente, a produção brasileira de cevada caracteriza-se por ter sido sempre realizada mediante contrato firmado entre empresas fornecedoras de semente e os produtores, das quais provêm orientação técnica (MINELLA, 1999a). Atualmente, a indústria doméstica tem capacidade de suprir apenas um terço do consumo atual de cerca de 1 milhão de toneladas de malte/ano, colocando o Brasil entre os maiores importadores de malte do mundo (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012).

No Cerrado, o cultivo da cevada foi iniciado em 1976, sob sistema irrigado, com o lançamento do Plano Nacional de Auto-suficiência de Cevada e Malte-PLANACEM pelo governo brasileiro, visando acabar com a dependência de importação do malte e de cevada (EMBRAPA, 1987). As primeiras ações de pesquisa e desenvolvimento foram realizadas com o apoio da Embrapa e de algumas companhias cervejeiras (MINELLA, 1999b). O objetivo da inserção da cevada nesse novo bioma foi aumentar a produção nacional, diminuindo assim a vulnerabilidade do Brasil quanto à produção de malte. Essa nova opção de cultivo tem-se mostrado economicamente viável, servindo como alternativa para a rotação com o feijão e a soja. Essa cultura, por causa de suas características fisiológicas, necessita de temperaturas amenas e de solos corrigidos, condições geralmente presentes nos cultivos de inverno no Cerrado, sob irrigação (AMABILE et al., 2007a). Embora o PLANACEM não tenha atingido a meta da autossuficiência até 1984, os incentivos propiciaram ampliação significativa da capacidade interna de malteação e armazenagem, além da intensificação e diversificação de pesquisa realizada até então pela Embrapa em parceria com a iniciativa privada (MINELLA, 1999b).

#### **4.5 Situações mundial e brasileira**

A versatilidade de a cevada adaptar-se a diversos ambientes e sua importância econômica proporcionou sua disseminação por vários países, ocupando, atualmente, o posto de quarto cereal mais produzido no mundo, sendo suplantado apenas pelo milho, arroz e trigo, respectivamente (FAOSTAT, 2012). Segundo a FAO – *Food and Agriculture Organization of the United Nations* –, a produção mundial de cevada em 2010 foi de aproximadamente 124,1 milhões de toneladas colhidas em uma área de 47,5 milhões de hectares, conferindo um rendimento mundial médio de aproximadamente 2.600 kg ha<sup>-1</sup>. Os maiores produtores mundiais são a Alemanha (10,41 milhões de toneladas em 1,65 milhões de hectares), França (10,1 milhões de toneladas em 1,58 milhões de hectares), Ucrânia (8,85 milhões de toneladas em 4,32 milhões de hectares), Rússia (8,50 milhões de toneladas em 4,94 milhões de hectares), Espanha (8,16 milhões de toneladas em 2,88 milhões de hectares) e o Canadá (7,61



milhões de toneladas em 2,39 milhões de hectares). Dessa produção mundial, 68% destinam-se à alimentação animal, 16% ao processamento, 5% à alimentação humana direta, 7% à reserva de sementes, 1% a outros usos e 3% são perdidos (FAOSTAT, 2012).

O Brasil é o segundo maior importador de cevada da América, atrás do México, sendo ainda, o 12º importador mundial, enquanto França, Ucrânia, Austrália, Rússia e Canadá são os maiores exportadores. Na América Latina, o maior exportador é a Argentina, comercializando aproximadamente 41% do total das exportações para o Brasil, que importa, ainda, do Canadá e do Uruguai (FAOSTAT, 2012). O dispêndio das divisas econômicas brasileiras, com importação de cevada, é da ordem de US\$ 96 milhões de dólares/ano, num montante estimado em mais de 300 mil toneladas/ano. Quando aditado ao malte – segundo produto da pauta de importação da carteira brasileira relacionada à atividade agrícola -, os recursos direcionados à importação oneram, anualmente, a balança comercial brasileira em mais de US\$ 450 milhões, para um montante de 725 mil toneladas de malte importado (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012). Segundo o Sindicato Nacional da Indústria Cervejeira (SINDICERV, 2012<sup>1</sup>) 1/3 do malte é proveniente da importação do Mercosul, 1/3 da Europa e o terço restante é de produção nacional.

Quanto à produção nacional, o Brasil encontra-se em quarto lugar na América Latina, ficando atrás da Argentina, Peru e Bolívia, contribuindo com menos de 1% da produção mundial (FAOSTAT, 2012). Em 2011, a área colhida foi de aproximadamente 87,9 mil hectares com uma produção de 283,9 mil toneladas. A produtividade nacional foi de 3.230 kg ha<sup>-1</sup> (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012), superando a produtividade da Argentina (FAOSTAT, 2012). No Brasil, 86% da produção de cevada destina-se à elaboração de malte, 7% à alimentação animal na forma de grão, feno e silagem e 7% à produção de sementes (MINELLA et al., 2007). Como mencionado acima a produção brasileira não tem sido suficiente para suprir as necessidades nacionais, o que obriga o País a importar cerca de 84% do total que consome (AMABILE et al., 2007a; MINELLA, 2010).

#### **4.6 A pesquisa da Cevada irrigada no Cerrado brasileiro com enfoque no melhoramento genético**

A inserção da cevada irrigada no sistema agrícola do Cerrado necessitou de ações de pesquisa e desenvolvimento direcionadas à sua adaptação, caracterização e avaliação nesse ambiente, buscando estratégias agronômicas para viabilizar o sistema de produção e

---

<sup>1</sup>SINDICERV. Comunicação pessoal, janeiro de 2012.

consolidar a cadeia produtiva de forma econômica e sustentável (AMABILE & MINELLA, 2008).

Um dos primeiros relatos sobre o desempenho de variedades de cevada no Cerrado foi realizado por Andrade et al. (1977). Nesse trabalho, apresentado na IX Reunião Anual Conjunta de Pesquisa de Trigo, os autores demonstraram que, mesmo com o plantio tardio e em condições anormais de clima, os ensaios irrigados conduzidos no Distrito Federal foram satisfatórios para a produção de malte, com rendimentos superiores aos alcançados com trigo, sob as mesmas condições.

Em 1983, a Embrapa formalizou com as companhias cervejeiras Kaiser, Brahma, Antarctica e com a empresa de desenvolvimento rural “A Campo”, um convênio de cooperação técnica e financeira para conduzir pesquisas de viabilidade agrônômica e qualitativa da cevada no Cerrado, finalizado em 1986. Entretanto a Kaiser manteve-o até o início de 1990, disponibilizando um técnico à Embrapa Cerrados para apoiar a condução dos trabalhos remanescentes (MINELLA, 2004<sup>1</sup>). A partir desse acordo, foram conduzidos na região ensaios cooperativos de competição de cultivares e linhagens, manejo da irrigação, épocas de semeadura, adubação, densidade e arranjo de plantas que vêm sendo planejados e coordenados pela Embrapa Trigo e Embrapa Cerrados em parceria com as empresas conveniadas e outras instituições, entre elas a Cooperativa de Produtores do Plano de Assentamento Dirigido do Alto Paranaíba (COOPADAP), de São Gotardo-MG.

Campos pilotos (pequenas lavouras) foram conduzidos, por três anos, em áreas de produtores irrigantes do Distrito Federal, Goiás e Minas Gerais, sendo a sua produção absorvida pelas companhias cervejeiras. Essas empresas, através de seus laboratórios, analisavam a qualidade de centenas de amostras de cevada e de malte produzidas nos experimentos executados anualmente na região. Foram conduzidas, também em cooperação, lavouras comerciais em nível experimental no Cerrado, com linhagens que haviam se destacado nos ensaios de rendimento (PFC 8299, atual BRS Deméter, e PFC 8413, atual BRS 180), sendo a produção malteada e depois transformada em cerveja. A cooperação entre as partes já se mostrava bem presente na época, uma vez que, de forma integrada, o trinômio pesquisa/produtor/indústria realizou atividades de difusão, como dias de campo e visitas técnicas aos experimentos/lavouras/campos pilotos instalados na Embrapa Cerrados e em áreas de produtores e cooperativas na região. Esses eventos contavam com a presença de pesquisadores da Embrapa Trigo, Embrapa Cerrados, Embrapa Produtos e Mercado e das companhias cervejeiras Antarctica, Brahma e Kaiser e de técnicos da extensão rural, além dos produtores rurais, agentes financeiros e empresários do setor cervejeiro. Nessas

---

<sup>1</sup>MINELLA, Euclides. Histórico das parcerias na cevada no Brasil. Comunicação por e-mail, agosto de 2004.

oportunidades, a cevada era apresentada como cultura alternativa para compor os sistemas de produção irrigados da região (AMABILE & MINELLA, 2008).

Dando continuidade à cooperação, em 1994 foi formalizado um convênio entre a Embrapa Trigo e Cooperativa Agrária e as companhias cervejeiras Antarctica, Brahma e Kaiser, finalizado em 1999. Em 2000, outro convênio foi firmado entre a Embrapa Cerrados e a Malteria do Vale. Em 2002, um novo contrato entre a Embrapa Trigo, AmBev e Cooperativa Agrária (MINELLA, 2004<sup>2</sup>) foi firmado, com o objetivo principal de gerar novas cultivares observando o disposto na lei de proteção de cultivares. Atualmente, essa parceria conta também com a Malteria do Vale.

Em 2002, uma parceria internacional entre a Embrapa Cerrados e o *International Center for Agricultural Research in the Dry Areas* – ICARDA foi estabelecida pela ação denominada “Projeto Colaborativo”. Por meio dessa parceria foi realizada a avaliação de diversas coleções e de genótipos gerados pelo ICARDA exclusivamente para o Brasil, visando gerar subsídios técnicos para o processo do melhoramento da cevada para o Cerrado, bem como cruzamentos direcionados pela pesquisa da Embrapa Cerrados com genitores brasileiros e exóticos e entre as novas introduções realizadas através desse acordo. Os genótipos avaliados na região foram fundamentais e oportunos para a sustentação tecnológica e econômica da cultura, além de estratégica para alavancar qualquer intenção de expansão da produção.

Recentemente, em 2012, nova parceria foi firmada, entre a Embrapa Cerrados e empresários agrícolas, com o objetivo de gerar conhecimentos técnico-científicos que venham viabilizar a implantação e expansão da cultura da cevada, para diferentes sistemas de produção, no Cerrado do Oeste da Bahia e região.

Esses convênios e parcerias nacionais e internacionais promoveram a integração de esforços entre as partes para a execução de ações de pesquisa e de transferência de tecnologia. Dessa forma, foram obtidos avanços significativos na busca de um melhor sistema de produção para a cevada cervejeira no Cerrado. Ações de pesquisa e desenvolvimento que envolvem a introdução e a avaliação de recursos genéticos, melhoramento genético, ajustes no sistema de produção e divulgação e transferência de tecnologia vêm fortalecendo a expansão da cevada sob irrigação. As parcerias da Embrapa com o setor industrial permitiram a realização de análises industriais referentes à qualidade do malte, fornecendo subsídios para ações de pesquisa direcionadas para o sistema de produção e para o desenvolvimento de cultivares com alto desempenho agrônomico e com alta qualidade de malte que atendessem as

---

<sup>2</sup>Minella, E., Ibid.

exigências da indústria e tivessem, dessa forma, mais competitividade de mercado (AMABILE & MINELLA, 2008).

O melhoramento da cevada irrigada no Cerrado teve como marco referencial o lançamento, em 1999, da cultivar hexástica BRS 180 - a primeira cultivar de cevada cervejeira recomendada para o sistema de produção irrigado da região do Cerrado (SILVA et al., 2000). Essa cultivar é a única registrada no Brasil a apresentar, devido às suas características genéticas, teor proteico constantemente abaixo dos 12% requerido pela indústria malteira. Em experimentos conduzidos na Embrapa Cerrados, em Planaltina (DF), a 'BRS 180' atingiu rendimento de grãos de até 8.920 kg ha<sup>-1</sup>. Em lavoura comercial, essa cultivar rendeu 7.200 kg ha<sup>-1</sup> no Município de Unaí (MG), em 2001, rendimento de grãos bem superior aos obtidos na região Sul (AMABILE et al., 2007a).

Após esse período, diversos trabalhos realizados nesse ambiente mostraram a viabilidade da cevada nesse sistema de produção (AMABILE et al., 2001; AMABILE et al., 2002a, b; AMABILE et al., 2003a, b; AMABILE et al., 2005a, b; AMABILE et al., 2007b; AMABILE et al., 2009a, b, c, d; AMABILE et al., 2011). Esses trabalhos, conduzidos em diversas áreas do Cerrado, demonstraram a elevada capacidade produtiva da cevada em muitas regiões, com linhagens alcançando 6.000 kg ha<sup>-1</sup> e uma classificação comercial acima de 85% dos grãos de primeira (diâmetro 2,5 mm). Em Minas Gerais, a cultivar BRS 180 foi o genótipo mais produtivo com 5.890 kg ha<sup>-1</sup> e classificação de primeira alcançando 94,5%, confirmando a região como adequada à produção de cevada industrial. O teor de proteína de diversos materiais genéticos selecionados atendeu plenamente aos critérios estabelecidos para a indústria (AMABILE et al., 2003).

Em relação à alimentação humana, Silva et al. (2000) identificaram linhagens promissoras de cevada nua para o Cerrado, com alto potencial de rendimento, acima de 5.000 kg ha<sup>-1</sup> e teor de proteína adequado a este fim (20,8%), além de características de descascamento excelentes.

As introduções de acessos exóticos durante o programa cooperativo internacional entre a Embrapa e o ICARDA/CIMMYT, com o objetivo de identificar os que apresentavam maior adaptação e estabilidade para o Cerrado, revelaram resultados promissores. As linhagens CMM 681, CMM 348 e CMM 374 detiveram rendimentos de grãos acima de 9.000 kg ha<sup>-1</sup> e teor de proteína inferior a 10%, indicando boa perspectiva para introdução desses genótipos em ambiente de Cerrado irrigado (AMABILE et al., 2007b). Monteiro (2012), avaliando uma coleção base no sistema de produção irrigado no Cerrado do Planalto Central Brasileiro, obteve rendimento de grãos também elevado, com o genótipo colombiano e hexástico CI 10022 (9.108,3 kg ha<sup>-1</sup>).

Fruto da pesquisa direcionada para o ambiente irrigado do Cerrado, a Embrapa proporcionou ao produtor irrigante cinco cultivares de cevada cervejeira:

- BRS 180, registrada em 1999 (SILVA et al., 2000);
- BRS 195, recomendação estendida para o Cerrado em 2005 (BRS 195, 2006);
- BRS Deméter, registrada em 2007 (AMABILE et al., 2008);
- BRS Sampa, registrada em 2008 (MINELLA et al., 2009);
- BRS Manduri, lançada em 2011 (MINELLA et al., 2011).

A cevada produzida sob irrigação no Cerrado brasileiro apresenta sementes limpas, sem a presença de fungos como o *Fusarium graminearum*, uma vez que o sistema controla a lâmina de água a ser aplicada nos estádios próximos a colheita, evitando a presença desse fungo. Além dos danos à produção no sul do País, resultante de abortamento e deformação de grãos, esse fungo produz micotoxinas durante o processo de infecção e colonização as quais ficam acumuladas nos grãos. As implicações toxicológicas em humanos e em animais representam elevado risco à população consumidora de cevada e seus subprodutos. A presença de micotoxinas causa aos animais e ao homem hemorragias, aleucia tóxica alimentar (ATA), redução do ganho de peso, da produção de ovos e leite, interferência no sistema imunológico, deficiência hepática, câncer e morte (SILVA, 2008). Outra vantagem da cevada irrigada no Cerrado é a ausência de período de dormência das sementes, podendo ser malteadas logo após a colheita, dispensando longos períodos de armazenagem para completar a maturação dos grãos. Como cultura alternativa, a cevada vem se destacando por sua adaptação às condições edafoclimáticas do Cerrado, pela baixa incidência de doenças e seu elevado potencial produtivo e qualidade malteira (AMABILE, 2007).

Em âmbito nacional, a maior safra de cevada ocorreu em 1981, com cerca de 160 mil hectares. Entretanto, as condições climáticas desfavoráveis à cultura da cevada na região Sul do Brasil e também a conjuntura econômica ainda não permitiram que a área cultivada fosse maior. Em 2001, a área plantada foi de 154,1 mil hectares, observando-se decréscimo constante até chegar ao valor de apenas 87,9 mil hectares em 2011 (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012). Essa área atende apenas a aproximadamente 16% da demanda da indústria nacional, sendo essa diferença completada pela importação. A cevada irrigada vem sendo plantada desde o final da década de 1990, contribuindo, em parte, para a diversificação do sistema agrícola do Cerrado e diminuição da importação desse cereal pelo Brasil (AMABILE et al., 2007a). O Cerrado tem potencial para suprir a demanda nacional por grãos de cevada, dando possibilidade de oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais (AMABILE et al., 2009a, b, c, d), principalmente como alternativa para compor os sistemas irrigados da região.

#### 4.7 Variabilidade genética da cevada

A obtenção de fontes de variabilidade genética para caracteres considerados de interesse é uma das premissas básicas na estratégia do melhoramento vegetal. O conhecimento dessa variabilidade possibilita a identificação de combinações híbridas de maior efeito heterótico, produzindo, nas gerações segregantes, as maiores variâncias genéticas para as características de interesse, o que pode aumentar a probabilidade de obtenção de genótipos superiores (CRUZ et al., 2004). O principal efeito da diminuição da variabilidade é a redução das possibilidades de ganhos adicionais na seleção, uma vez que o melhorista passa a manejar um conjunto gênico de tamanho limitado (HANSON, 1959). Portanto, é determinante a seleção de genótipos divergentes para características agronômicas de interesse.

A representatividade de uma dada coleção de germoplasma pode ser conseguida através de coleções de tamanho grande (FRANKEL & BENNETT, 1970), entretanto, sua acessibilidade, uso e aplicabilidade são inversamente relacionados ao seu tamanho (FRANKEL & SOULÉ, 1981). Para minimizar essas limitações, tem sido proposta a construção de coleções nucleares com base nos conceitos formulados inicialmente por Frankel & Brown (1984) e, a partir destas, o uso de coleções de trabalho corretamente estabelecidas e provenientes das coleções nucleares. A coleção de trabalho ou de melhorista (NASS, 2001), dentro dos vários tipos de coleções utilizadas na conservação *ex situ* de germoplasma, fornece material genético para o melhorista ou para instituições de pesquisa que fazem melhoramento, sempre de tamanho limitado e, geralmente, composta de germoplasma elite.

As coleções de trabalho são muito utilizadas para obtenção de informações: acerca da caracterização morfológica e molecular, avaliação agronômica preliminar, estudos básicos da variabilidade e de todas as informações relativamente aos acessos (NASS, 2001). Para Valois (1998), a caracterização e o uso dos recursos genéticos vegetais passam obrigatoriamente pela avaliação da variabilidade genética existente. Segundo Faleiro et al. (2005), pesquisas que envolvem prospecção, conservação, caracterização e uso do germoplasma são fundamentais para subsidiar a incorporação de novos materiais com características agronômicas de interesse em programas de melhoramento genético.

A variabilidade genética é premissa básica para que se tenham ganhos qualitativos e quantitativos na agricultura brasileira, através do melhoramento genético, tornando-se fundamental um conhecimento mais aprofundado dos recursos genéticos da cevada. Esse conhecimento impacta positivamente os programas de avaliação, seleção e melhoramento genético da cultura, possibilitando gerar materiais genéticos que atendam as exigências do

sistema produtivo irrigado do Cerrado, fixando a cevada como alternativa agrônômica e econômica nessa região. Diante disso, os programas de melhoramento genético devem ser dinâmicos e representar uma oportunidade de ofertar novos genótipos às exigências prementes dos sistemas agrícolas, auxiliando a pluralização desses sistemas, além de favorecer o regime técnico-econômico das *commodities* agrícolas.

Adiciona-se que, apesar dos progressos obtidos do trabalho da Embrapa com a introdução da cevada malteira no Cerrado irrigado, até o presente momento, no Brasil, e, especificamente no Cerrado, pouco se conhece da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma no que tange a aspectos industriais do malte, tanto das coleções de trabalho existentes no País como do desempenho desses materiais nesse ambiente.

O conhecimento mais profundo da variabilidade genética de genótipos de cevada no ambiente Cerrado só será obtido mediante adequada caracterização deles. Nesse contexto, o estudo da variabilidade genética dos acessos de cevada no Cerrado e das possíveis correlações entre os caracteres relacionados à qualidade industrial torna-se estratégico, pois é pela caracterização que ocorrerá o conhecimento das coleções de germoplasma (VALLS, 2007) e a identificação de genótipos superiores que poderão ser utilizados como progenitores em hibridações (CRUZ & CARNEIRO, 2003). O progresso genético nos programas de melhoramento depende da amplitude da variabilidade genética disponível no germoplasma utilizado (POEHLMAN & SLEPER, 1995) e da taxa em que os caracteres desejáveis são herdáveis para a aplicação dos mais eficientes procedimentos de melhoramento (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003). Dessa forma, são essenciais a caracterização e a avaliação da diversidade genética, objetivando a organização do germoplasma, a identificação de genitores, a recomendação de cultivares para determinadas regiões, tanto para a obtenção de populações com ampla variabilidade genética como para buscar as melhores combinações gênicas nas progênies (CRUZ et al., 1994a; MOHAMMADI & PRASANNA, 2003; CRUZ et al., 2004), uma vez que a diversidade expressa a diferença entre as frequências alélicas das populações (FALCONER & MACKAY, 1996). O estudo da diversidade genética apóia-se, necessariamente, na caracterização e na avaliação da variabilidade morfológica de caracteres qualitativos e quantitativos (MOREIRA et al., 1994; VALOIS, 1998; WETZEL & FERREIRA, 2007). Diversos autores (KNÜPFER & HINTUM, 1995; BAUM et al., 2000; AHMAD et al., 2008) consideram a caracterização da diversidade genética da cevada um componente importante de informação para a conservação e a utilização dos recursos genéticos existentes.

Para Rasmusson (2001), a leitura sobre o melhoramento genético em cevada passa obrigatoriamente pela valoração dos recursos genéticos, por meio da caracterização do

germoplasma quanto à qualidade malteira. Nesse contexto, o conhecimento da variabilidade de acessos de cevada tem sido baseado em diferenças fenológicas capazes de quantificar a divergência genética disponível e utilizá-la em programas de melhoramento genético (KNÜPFER & HINTUM, 2003; BOCKELMAN & VALKOUN, 2011). Žáková & Benkov (2006) avaliaram 109 coleções europeias de cevada, formadas desde 1900 até 2003, e verificaram o impacto e o progresso do melhoramento vegetal através de diversas características fenológicas estudadas. Descritores morfológicos e marcadores moleculares RAPD também mostraram a diversidade genética de acessos de cevada na Índia (MANJUNATHA et al., 2007). Ahmad et al. (2008) citaram que características morfogenéticas forneceram um conjunto abrangente de dados para o estudo da diversidade genética da cevada paquistanesa. Variação genética entre acessos de cevada selvagem (*Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell.) foi observada em estudos de caracteres morfológicos e agronômicos (SHAKHATREH et al., 2010). Eticha et al. (2010) caracterizaram uma coleção mundial de cevada nua e identificaram grande variabilidade entre genótipos, tanto para produção de grãos quanto para outras características físicas e químicas dos grãos. Igartua et al. (1998) criaram uma coleção nuclear de cevada espanhola, baseada em diversas características agronômicas. Setotaw et al. (2010) observaram a diversidade genética entre coleções de cevada etíopes e provenientes do ICARDA com base em características agronômicas dos acessos investigados. Monteiro (2012) estimou parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de componentes de produção e caracteres morfoagronômicos de 435 acessos de cevada sob irrigação no Cerrado. Encontrou grande diversidade genética entre os acessos de cevada testados, identificando genótipos que podem ser utilizados em programa de melhoramento genético de cevada irrigada do Cerrado.

Existe divergência quanto à magnitude da variabilidade genética dos acessos utilizados em programas de melhoramento genético de cevada malteira. Wych & Rasmusson (1983), Manninen, (2000) e Matus & Hayes (2002) indicaram o uso de uma base genética estreita nos programas devido às restrições ao uso de novas cultivares pela indústria malteira (HAYES et al., 1993), enquanto outros estudos apontam grande variabilidade existente no germoplasma mundial (OSTER, 1987; BOTHMER, 1991; TSUCHIYA et al., 1995; MOLINA-CANO et al., 1997; BHATTY, 1999b; LASA et al., 2001; CANCI et al., 2003; FOX et al., 2006; MANJUNATHA et al., 2007; VERMA & SARKAR, 2010) e também nas coleções de germoplasma no Brasil (ARIAS, 1995; MINELLA, 1999b). Diversos outros estudos evidenciam a variabilidade de acessos para caracteres de qualidade malteira (HORSLEY et al., 1995; BHATTY & ROSSNAGEL, 1998; KOWALSKA et al., 2000; BICHOŃSKI &



ŚMIAŁOWSKI, 2004; AMABILE et al., 2007c; EVANS et al., 2010; VERMA & SARKAR, 2010).

Considerando a existência de grande variabilidade genética, Wright (2001) sustentou que o germoplasma de cevada com qualidade industrial deve ser amplamente testado para selecionar genótipos superiores em ambientes específicos, a fim de servir à indústria e às novas áreas potencialmente favoráveis à produção de cevada, uma vez que a composição e as características da cevada têm grandes influências sobre as propriedades de processamento e a qualidade dos produtos industriais gerados (BAIK & ULLRICH, 2008). Para iniciar um sistemático programa de melhoramento com ênfase, no rendimento de grãos e na qualidade malteira, há necessidade explícita do estudo sobre a variabilidade genética existente, principalmente considerando genótipos elite, uma vez que, no Brasil, são escassos os estudos sobre a variabilidade dos caracteres industriais relacionados à cevada cervejeira.

#### **4.8 Aspectos da interferência ambiental sobre caracteres de cevada**

A necessidade de alternativas agrícolas no sistema irrigante, no Cerrado e demais áreas irrigadas e de matéria-prima para indústria brasileira, suprimindo importações, exigem esforços para viabilizar o cultivo de cevada nesse novo conceito de produção. Com o avanço da cultura em áreas anteriormente tidas como marginais, torna-se indispensável encontrar genótipos adaptados ao sistema agrícola em questão.

Dessa forma, a introdução de plantas exóticas em uma dada região tem como finalidade não só estudo do comportamento agrônomico da espécie como também a recomendação e o emprego dessas plantas nos sistemas agrícolas regionais. Para Rocha (1971), o fundamental na introdução de plantas não é, em sua essência, limitar-se ao plantio de determinada espécie, mas verificar sua adaptabilidade às condições locais para melhor manejar a interação entre o genótipo e o ambiente. Nas espécies vegetais, existe larga diferença entre a taxa de desenvolvimento atual e o potencial dessas espécies (McWILLIAM & DILLON, 1987), diferença essa promovida pela não otimização da interação genótipo x ambiente (LAWN & WILLIAMS, 1987).

A inserção de uma espécie em um sistema agrícola necessita de estudos direcionados a esse ambiente, pois os componentes de produção agrícola e de qualidade estão diretamente relacionados com a melhoria do rendimento e da qualidade da cultura. As oportunidades de apurar o desempenho de uma espécie ocorrem mediante outras possibilidades, a partir de estratégias agronômicas que busquem introduzir, aprimorar ou adaptar genótipos a esse ambiente.

Segundo a definição de Shelbourne (1972), a interação genótipo x ambiente é a variação entre genótipos em resposta a diferentes condições ambientais. A interação do genótipo com as condições ambientais resulta nas manifestações fenotípicas de uma dada espécie (CRUZ, 1990; BORÉM & MIRANDA, 2005). Felício et al. (2005) afirmaram que os genótipos se desenvolvem em um sistema dinâmico, desde a semeadura até a maturação, sendo que os fatores fisiológicos e bioquímicos estão envolvidos nesse sistema. Isso resulta em uma diferenciação que ocorre entre genótipos em um mesmo ambiente. Dois genótipos, inseridos no mesmo contexto, podem apresentar desempenho distinto, em função de fatores ambientais previsíveis e imprevisíveis (BORÉM & MIRANDA, 2005). Amabile et al. (2008) observaram essa interação, observando a influência do efeito ambiental (ano) sobre o desempenho de BRS Deméter sob ambiente irrigado no Cerrado. O rendimento de grãos, em ensaios entre 2001 a 2006, variou de 5.035 kg ha<sup>-1</sup>, em 2002, a 8.924,3 kg ha<sup>-1</sup>, em 2004. Esse último valor foi superior em 8% em relação ao máximo de produtividade encontrada para a outra cultivar dística indicada para o Cerrado, a BRS 195, cujo rendimento foi de 8.246 kg ha<sup>-1</sup>. A classificação comercial de primeira também foi influenciada pelo efeito ambiental, variando de 84,7% (2004) a 96,7% (2006).

A qualidade malteira da cevada é bastante complexa, tendo herança multigênica e fortemente afetada pelo ambiente (MATHER et al., 1997; FOX et al., 2003), em especial por altas temperaturas do ar e déficit de água durante o enchimento dos grãos (PASSARELLA et al., 2005). No Cerrado, Amabile et al. (2007c) observaram que o fator ambiental influenciou, de forma intensa, os resultados de qualidade do malte em condições de cultivo irrigado, da mesma forma que o observado por Kaczmarek et al. (1999, 2002), em diversos ambientes. Molina-Cano et al. (1997) concluíram que a interação genótipo x ambiente causa variação imprevisível em características quantitativas, como a qualidade malteira. Sayd (2011) encontrou relação similar nessa interação, em que as épocas de semeio promoveram uma acentuada influência nas características malteiras e no teor de proteína dos grãos da cevada irrigada no Cerrado.

#### **4.9 Análises multivariadas no estudo da diversidade e do melhoramento genético**

A divergência genética é comumente avaliada por meio de técnicas biométricas multivariadas, baseada em métodos quantitativos visando à quantificação da heterose por análises dialélicas e por métodos multivariados preditivos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; CRUZ et al., 1994b; CRUZ et al., 2004). A análise multivariada refere-se à avaliação simultânea de medidas múltiplas de cada objeto do estudo, permitindo a análise

simultânea de duas ou mais variáveis (FERREIRA, 2008). É um conjunto de técnicas analíticas que possibilitam o exame das variáveis agrupadas, integrando as informações obtidas das estimativas experimentais e/ou amostrais (AMARAL JÚNIOR, 1999). Diferentes grupos de características são usados para estudar a diversidade genética intra e interespecífica, dentre esses os dados de *pedigree*, morfológicos, bioquímicos e marcadores moleculares isoenzimáticos e baseados no DNA (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003, FALEIRO, 2007).

A partir do estudo de diversidade genética, é possível avaliar: (1) a medida de divergência intergrupar; (2) o comportamento genotípico em ambientes diversos; (3) a preponderância ou inferioridade genotípica alicerçada na combinação linear de caracteres econômicos; (4) a identificação de acessos divergentes que possam ser usados como progenitores; (5) além de estudos de correlação entre a divergência genética, e a heterose e a diversidade de origem geográfica (PIASSI et al., 1995).

A análise de divergência genética em qualquer espécie vegetal pode ser simplificada e dividida em seis fases: (i) seleção dos genótipos a serem avaliados; (ii) obtenção e sistematização dos dados; (iii) definição da medida de similaridade ou dissimilaridade; (iv) escolha do método de agrupamento e/ou de dispersão gráfica; (v) verificação do grau de distorção provocado pelo método de agrupamento ou dispersão gráfica; e (vi) interpretação dos resultados (BERTAN et al., 2006). Segundo Davis (1986), a análise de agrupamentos segmenta-se em quatro tipos: (i) métodos de partição; (ii) métodos com origem arbitrária; (iii) métodos por similaridade mútua; e (iv) métodos por agrupamentos hierárquicos.

No conhecimento da divergência genética, diversos métodos preditivos podem ser aplicados, entre eles o da análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ et al., 2004). Por dispensarem a obtenção de combinações híbridas, os métodos preditivos têm merecido considerável destaque. Esses métodos baseiam-se em diferenças morfológicas, fisiológicas e moleculares apresentadas pelos genótipos na determinação da divergência genética, quantificada, geralmente, por uma medida de similaridade ou de dissimilaridade (RAO, 1952; CRUZ, 1990).

O emprego de técnicas de análise de agrupamento ou aglomerativa inclui fundamentalmente um critério que estima a distância entre dois caracteres ou que quantifica o quanto eles são análogos ou dessemelhantes. Essa medida é chamada coeficiente de aparência, sendo dividida em duas categorias: medidas de dissimilaridade (ou medida de distância, quanto maior o valor, mais diferentes são caracteres) e de similaridade ou proximidade (quanto maior o valor, maior a semelhança entre os caracteres). Após o cálculo de uma matriz de distâncias entre as variáveis, aplica-se um algoritmo de agrupamento na

matriz, de tal forma que identifique e ligue grupos homogêneos que podem ser representados graficamente por um diagrama denominado dendograma. Grande parte dos algoritmos utilizados na formação dos agrupamentos pode ser classificada como métodos hierárquicos ou de partição (BUSSAB et al., 1990; REGAZZI, 2001). Assim, o processo de agrupamento abrange basicamente duas etapas: a primeira relaciona-se com a estimação de um coeficiente de parença entre os indivíduos a serem agrupados e a segunda com a adoção de uma técnica de aglomeração para a formação dos grupos (CRUZ et al., 2004).

Diversos coeficientes de parença já foram definidos e são comumente utilizados para a estimação da similaridade ou da dissimilaridade por ocasião do estudo de características quantitativas (MARDIA et al., 1979) como a distância euclidiana, distância euclidiana média, distância euclidiana padronizada, distância euclidiana média padronizada, quadrado da distância euclidiana, quadrado da distância euclidiana padronizada, distância generalizada de Mahalanobis  $D^2$  e Mahalanobis padronizada (CRUZ, 2006), distância de Minkowski, de Manhattan (LINDEN, 2009), coeficiente de Pearson (VICINI, 2005) e o coeficiente de similaridade de Nei & Li (NEI & LI, 1979). De modo geral, as medidas de similaridade e de dissimilaridade são inter-relacionadas e facilmente transformadas entre si (BUSSAB et al., 1990), podendo assim utilizar umas ou outras.

Dentre as medidas estatísticas mais usadas para estimar a distância genética, com base em caracteres morfológicos, ressaltam-se a distância generalizada de Mahalanobis  $D^2$  e a distância euclidiana padronizada. Segundo Manly (2008), a distância euclidiana, quando estimada a partir de variáveis originais, mostra-se inapropriada por ser influenciada pela escala, pela unidade das grandezas somadas e pela correlação existente entre elas. Contudo, o emprego dessa medida em determinações analíticas de amostras laboratoriais de malte, que são onerosas, é apropriado e foi utilizado por Ahmad et al. (2008), Sarkar et al. (2008) e Verma & Sarkar (2010) para avaliar coleções de cevada. Ainda, Abebe et al. (2010) usaram essa medida de dissimilaridade em estudo de diversidade morfológica desse cereal, Vanhala et al. (2004) na determinação da distância fenotípica de cevada selvagem e Al-Yassin et al. (2005) para a estimativa de herdabilidade em uma coleção de recombinantes híbridos dessa espécie. Bussab et al. (1990), entretanto, recomendaram para contornar o influxo do número de variáveis sobre as estimativas da distância euclidiana, a utilização da distância euclidiana média padronizada. Por sua vez, a distância generalizada  $D^2$  de Mahalanobis oferece a vantagem em relação à euclidiana por levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados e as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas. Contudo, para utilizar essa medida de dissimilaridade é necessária a avaliação de características em experimentos com repetições (CRUZ & REGAZZI, 2001;

CRUZ & CARNEIRO, 2006), sendo uma alternativa apropriada para o estudo de divergência genética (ARUNACHALAM, 1981). A distância generalizada  $D^2$  de Mahalanobis tem sido atestada, com propriedade, nos estudos de divergência genética em cevada (SHEKHAWAT et al., 2001; JARADAT et al., 2005; SOLEIMANI et al., 2005; ALAM et al., 2007; KUCZYŃSKA et al., 2007; KARIM et al., 2010; SETOTAW et al., 2010), pois considera as correlações residuais entre os caracteres analisados, sendo, portanto, mais robusta (ARUNACHALAM, 1981).

Em variáveis dicotômicas, como por exemplo dados moleculares, utilizam-se os coeficientes de Nei e Li, o de Jaccard e o de coincidência simples, dentre outros. Esses coeficientes empregam várias razões de semelhança ou diferenças por comparações totais, e seus valores variam de 0 a 1 (SKROCH et al., 1992).

Há vários métodos de agrupamento (SNEATH & SOKAL, 1973), sendo os hierárquicos e os de otimização os mais utilizados no melhoramento vegetal. Conforme Malhotra (2001), a aglomeração hierárquica caracteriza-se pelo estabelecimento de uma hierarquia ou estrutura em forma de árvore, sendo esta a mais utilizada, podendo, ainda, ser dividida em divisivos (otimização) e aglomerativos. Nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos otimizando-se determinado critério de agrupamento, e difere dos métodos hierárquicos pelo fato de os grupos formados serem mutuamente exclusivos (RIBOLDI, 1986; CRUZ, 1987). Nos métodos de agrupamento hierárquicos, tem-se por finalidade a separação de um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a se obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos e, assim, conhecer a estrutura genética da população (SNEATH & SOKAL, 1973; MARDIA et al., 1979; JOHNSON & WICHERN, 1982), resultando em maior probabilidade de sucesso nos cruzamentos (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008). Neste, os genótipos são aglomerados por um processo repetitivo por diversos níveis, estabelecendo um dendrograma sem preocupação com o número ótimo de grupos (RIBOLDI, 1986; CRUZ, 1987). Para este caso, Cruz & Regazzi (2001) expuseram três formas de apresentar a estrutura de agrupamento baseada na distância entre os pares de genótipos: (i) aplicando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, método UPGMA (*Unweighted pair-group method arithmetic average* - agrupamento pareado não ponderado baseado na média aritmética (SNEATH & SOKAL, 1973); (ii) empregando a menor distância existente entre um par de genótipos (método do vizinho mais próximo ou da ligação simples) e (iii) utilizando a maior distância encontrada entre um par de genótipos, denominado método do vizinho mais distante ou ligação completa.

O método UPGMA foi inicialmente concebido para uso em estudos de eletroforese de proteínas, mas é também empregado na obtenção dos mais sofisticados algoritmos de reconstrução filogenética (WIKIPÉDIA, 2012b). O UPGMA é um método de agrupamento sequencial, aglomerativo, hierárquico, sem superposição. Esse algoritmo não considera a subdivisão do grupo e tem como vantagem sobre outros métodos considerar o cálculo das médias aritméticas das variáveis e atribuir pesos iguais aos dois elementos que estão sendo integrados, evitando, dessa forma, caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

De acordo com Mohammadi & Prasanna (2003) e Landim (2001), entre os vários métodos hierárquicos aglomerativos, o UPGMA é o algoritmo de agrupamento mais comumente adotado em diversidade genética, seguido pelo método de Ward, também denominado de Variância Mínima. Sokal (1986) e Rohlf & Wooten (1988) afirmaram que o UPGMA geralmente produz resultados que são os mais precisos para fins de classificação. Esse algoritmo apresenta maior estimativa do coeficiente de correlação cogenética, interpondo boas associações entre os genótipos avaliados, quando comparado com outros critérios de agrupamento (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003).

O método UPGMA tem sido muito usado como critério de agrupamento. Karp et al. (1996) utilizaram-no para avaliar a diversidade botânica empregando técnicas moleculares, envolvendo marcadores moleculares RAPD. Esse critério de agrupamento também foi utilizado por Dakir et al. (2002) e Hou et al. (2005) no estudo de coleções de cevada avaliadas com base em marcadores RAPD. Diversos outros autores (YU et al., 2002; VANHALA et al., 2004; KROTH et al., 2005; ABDELLAOUI et al., 2007; KARIM et al., 2009; ESHGHI, R. & AKHUNDOVA, 2010; KARIM et al., 2010) empregaram o UPGMA, com sucesso, no agrupamento de genótipos de cevada, com base em medidas de dissimilaridade calculadas usando marcadores RAPD e caracteres morfofisiológicos. Um estudo sobre a diversidade da qualidade malteira, numa coleção de trabalho de cevada industrial, aplicando a distância euclidiana e o método UPGMA, foi relatado por Verma & Sarkar (2010). O estudo revelou que existe grande variabilidade entre os acessos para cada característica de qualidade de malte avaliado. A análise de cluster indicou que os genótipos com boa qualidade de malte foram reunidos basicamente em apenas dois grupos. Semelhante trabalho sobre a diversidade malteira da cevada chinesa foi descrito por Mei et al. (2012), em que na análise de agrupamento por esse método identificou-se uma correlação significativa por origem ecogeográfica, dispersando os acessos em quatro subgrupos.

Uma forma de comparar a eficiência de diferentes algoritmos de agrupamento é por meio da estimativa do "coeficiente de correlação cogenética". A análise de correlação

cofenética (SOKAL & ROHLF, 1962) associada à análise de agrupamento, pode ser aplicada para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação dos dendrogramas. Assim, o coeficiente de correlação linear de Pearson obtido dos elementos da matriz de dissimilaridade ou similaridade - matriz de distâncias original - e os elementos da matriz cofenética - matriz de distâncias gerada do dendrograma disponibilizada pelo método de agrupamento - são denominados coeficiente de correlação cofenética. No cálculo desse coeficiente avaliam-se o grau de deformação originada pela construção do dendrograma e a consistência do padrão de agrupamento (BARROSO & ARTES, 2003; CRUZ & CARNEIRO, 2006), permitindo, dessa forma, medir o nível de ajuste entre os valores da matriz de distância original e os da matriz cofenética. Quanto menor o grau de distorção derivado da construção, maior será o coeficiente cofenético, fornecido pela matriz fenética  $F$  (VICINI, 2005), sendo que valores próximos à unidade determinam melhor representação (SOKAL & ROHLF, 1962).

#### **4.10 Genética quantitativa aplicada à caracterização de recursos genéticos e ao melhoramento genético da cevada**

A estimação de parâmetros genéticos e a quantificação da variabilidade genética são fundamentais para o planejamento e para a execução de um programa de melhoramento genético. Parâmetro, segundo Ramalho et al. (2000), é uma constante inerente a uma população cujo valor real é desconhecido. É pela estimação de parâmetros genéticos que se conhece a estrutura genética e se avalia a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento, mantendo uma base genética apropriada e promovendo uma seleção adequada de genótipos, além de estipular o peso que deve ser atribuído a cada característica, separadamente ou em conjunto, na seleção (CRUZ & CARNEIRO, 2006). A obtenção dessas avaliações é essencial para quantificar a magnitude da variabilidade e a extensão em que os caracteres desejáveis são herdados, a fim de promover o planejamento e o avanço de um programa eficiente de melhoramento genético (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

As estimativas podem ser obtidas utilizando componentes das médias (estatísticas de primeira ordem) ou das variâncias (estatísticas de segunda ordem), variâncias estas associadas aos efeitos de um modelo estatístico. As provenientes das variâncias dos dados podem ser categorizadas em genotípica e fenotípica, de acordo com os delineamentos genéticos e experimentais utilizados (RAMALHO et al., 2000; CRUZ et al., 2004). Delineamento genético é qualquer sistema planejado de cruzamento no qual se conhece a relação de parentesco entre indivíduos ou grupos, para o desenvolvimento de progênes, como por

exemplo, o teste de progênie e os dialelos. O delineamento experimental é definido como o plano que é dado na experimentação e também a forma como são organizadas as unidades experimentais, permitindo identificar as fontes de variação (RAMALHO et al., 2000; CRUZ & CARNEIRO, 2006). As estimativas dos parâmetros genéticos só são válidas para determinada amostra experimental e ambiental da população em questão. Na estimação das variâncias genéticas, tanto os ambientes como os genótipos devem representar amostras válidas da área geográfica de estudo e da população respectivamente (COCKERHAM, 1956; ROBINSON & COCKERHAM, 1965).

Para uma característica quantitativa, a base genética ou controle genético abrange os mecanismos genéticos responsáveis pela sua herança, tais como o conhecimento da magnitude das estimativas de herdabilidade, das associações genéticas entre caracteres – através da covariância, interações genéticas com o ambiente, entre outros (RESENDE, 2002). A covariância é uma estatística de interesse no melhoramento uma vez que estima a correlação entre caracteres, tendo em vista a seleção indireta e as consequências da seleção direta de uma característica sobre outra (RAMALHO et al., 2000).

Brewbaker (1964) apregoou que a variabilidade de uma característica biológica é medida mais frequentemente na estatística genética, através da variância. Para ele, a variação biológica total de uma dada característica é descrita estatisticamente como a variação fenotípica total, sendo esta composta da variação ambiental e da variação genética. A variação ambiental incorpora estatisticamente a variabilidade que não é devida a genes em segregação e é também chamada variação não genética, e a variância genética é aquela originada da segregação e interação gênica.

Deve-se ao biólogo Johanssen a comprovação de que a variação fenotípica observável decorre da ação conjunta do ambiente e do genótipo (ALLARD, 1999). Sabe-se que a eficiência do melhoramento genético subordina-se ao conhecimento da base genética dos caracteres a serem melhorados, sendo fundamental o estudo do componente genético da variância. Para Borém (2009), a variância genética pode ser entendida como sendo a variação de natureza herdável que se perpetua nas gerações subsequentes. Fisher, estudando em 1918 a covariância e a correlação genética entre parentes, segmentou a variância genotípica de uma população em três componentes: (1) uma parte aditiva, em razão do efeito médio dos alelos; (2) um componente dominante, devido à interação entre os alelos do mesmo loco; e (3) uma parte epistática ou interativa, proveniente das interações entre alelos de locos distintos (ALLARD, 1999). É citada, ainda, a existência de um componente sobredominante em caracteres quantitativos (BORÉM, 2009).



A eficiência da seleção em programas de melhoramento passa necessariamente pela predição dos valores genéticos que dependem e podem ser obtidos das estimativas dos componentes de variância genética e fenotípica (RAMALHO et al., 2000; SMITH et al., 2001; CRUZ et al., 2004). Por meio da relação entre as variâncias genéticas e fenotípicas pode-se estimar a herdabilidade e a acurácia que quantificam a precisão nas inferências das médias genotípicas a partir das médias fenotípicas (RESENDE & DUARTE, 2007; CARGNELUTTI FILHO & STORCK, 2009; STORCK et al., 2010). Rossmann (2001) afirmou que a variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, das variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos que refletem a natureza do material genético e a ação do ambiente.

Segundo Resende & Duarte (2007), os estudos de avaliação de genótipos devem ser abordados não apenas sob a perspectiva estatística, mas também pela ótica genética, considerando-se a acurácia seletiva, uma vez que essa estatística considera as proporções entre as variações de natureza genética e residual, associadas à característica em avaliação, além da amplitude da variação residual. Para Henderson (1984), no contexto da avaliação genotípica, o parâmetro estatístico mais importante é a acurácia seletiva. Sendo assim, a utilização dessa estatística associada contribui para que o melhorista possa maximizar seus ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos.

No caso da cevada brasileira, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos tem sido muito pequena, sendo que praticamente inexistem estudos e informações sobre tais estimativas de populações, coleções e acessos úteis para programas de melhoramento da cultura, avaliados no Cerrado em sistemas de produção irrigada.

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o trabalho do melhorista na avaliação de uma característica métrica e na seleção dos indivíduos visando à obtenção dos ganhos genéticos. Num programa de melhoramento, é muito importante prever o quanto das diferenças fenotípicas se deve à constituição gênica ou à interferência ambiental. A herdabilidade mede esse grau de correspondência e foi Lush o primeiro a estimá-la, definindo-a como sendo a proporção genética da variância fenotípica total (LUSH, 1940). Para ele, após a escolha do método de melhoramento e do objetivo a ser alcançado, a herdabilidade é o parâmetro genético mais importante a ser estimado. Dessa forma, a herdabilidade possui um papel preditivo, prognosticando o sucesso com a seleção (RAMALHO et al., 2008), sendo possível orientar de maneira mais efetiva um programa de melhoramento, prever o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base científica, as técnicas alternativas que podem ser mais eficazes (CRUZ & REGAZZI, 2001), uma vez

que expressa a confiança do valor fenotípico como um indicador do valor genético, ou seja, separando as diferenças genéticas e não genéticas entre indivíduos (FALCONER & MACKAY, 1996).

A herdabilidade não é uma estimativa imutável, e ela não é uma propriedade apenas da característica, sendo igualmente da população e do ambiente imposto aos indivíduos ou famílias. A sua estimativa sofre interferência, dentre diversos fatores, pelo efeito ambiental, tipo de propagação da espécie, grau de endogamia e a diversidade da população *per se*, unidade seletiva (indivíduo ou família), tamanho da amostra avaliada e com a unidade experimental e, finalmente, pela precisão na condução do ensaio e coleta dos dados (BORÉM & MIRANDA, 2005).

Jacquard (1983) apresentou três princípios para definição de herdabilidade: (1) como medida de semelhança entre pai e filho; (2) porção genética no sentido amplo; e (3) porção genética no sentido restrito, e ainda ressaltou que a herdabilidade não é específica da característica, mas sim da estrutura da população estudada.

A herdabilidade pode ser de dois tipos: no sentido amplo e no sentido restrito. Herdabilidade no sentido amplo é definida como sendo a proporção entre a variância genotípica ( $V_g$ ) e a variância fenotípica ( $V_p$ ). Representa toda a variância genética, ou seja, variância genética aditiva somada à variância genética dominante e epistática, onde a relação entre a  $V_g$  e  $V_p$  corresponde a um coeficiente de regressão linear ( $b_{xy}$ ). Herdabilidade no sentido restrito é a razão da variabilidade observada ocasionada somente por efeitos aditivos dos genes pela variância fenotípica e é tida como a mais importante para o melhorista, uma vez que representa toda a genética efetivamente fixada na seleção (ALLARD, 1999; FALCONER & MACKAY, 1996). Em espécies autógamas, são necessárias apenas poucas gerações para que os efeitos não aditivos (epistasia e dominância) tenham reduzida contribuição na variação fenotípica, e a ação gênica de aditividade passe a ser responsável pela regressão linear ( $b_{xy}$ ) (GRAFIUS et al., 1952). Assim, Borém & Miranda (2005) relataram que a escolha do método da estimativa da herdabilidade depende dos recursos genéticos disponíveis e da finalidade da estimativa.

Há essencialmente duas escolas de pensamento sobre a estimativa de herdabilidade. Uma desenvolvida por Sewall Wright e mais popularizada por Li e por Lush, que é fundamentada na análise de correlações e, por extensão, de regressão. Outra desenvolvida por Fisher que se baseia na análise de variância, utilizando-se a correlação intraclasses parental (WIKIPÉDIA, 2012a). A partir de então, surgiram vários métodos para a estimação da herdabilidade e entre os principais estão: (i) da herdabilidade realizada; (ii) da regressão pai-filho; (iii) dos componentes de variância - sendo mais usual em testes finais de avaliação; (iv)

de estimação indireta da variação de ambiente; e (v) de estimativa por retrocruzamento (BORÉM & MIRANDA, 2005).

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como no sentido restrito, pode variar de 0 a 1. No caso de  $h^2 = 0$ , a variabilidade da característica não tem origem genética, não existindo correlação alguma entre o valor genético e o valor fenotípico da unidade de seleção. Quando  $h^2 = 1$ , o fenótipo é determinado integralmente pelo genótipo, não tendo influência ambiental na característica (ALLARD, 1999).

Deve-se ter o cuidado ao comparar a estimativa da herdabilidade de uma mesma característica, pois em função da amostragem, repetição e tamanho da parcela, das diferenças populacionais e ambientais, a estimação pode apresentar grande diferença (VENCOVSKY, 1970). Comparações podem ser feitas desde que as condições experimentais sejam equivalentes (ROBINSON, 1963).

É importante destacar que, em cevada, devido ao alto grau de homozigose dos genótipos, parte expressiva da herdabilidade ocorre pela presença dos efeitos dos genes aditivos, conferindo, para diversas características alta herdabilidade. Para a característica espigamento, Marquez-Cedillo et al. (2001) obtiveram estimativa da ordem de 92% e Manzjuk & Barsukov (1974) de 83,1%. Frey (1954) referiu valores considerados elevados de 47% a 92% em populações distintas, enquanto Delogu et al. (1988) revelaram valores de herdabilidade de espigamento de 65% a 79% e Gut et al. (2004) de 62,5% a 79,5%. Monteiro (2012) encontrou, sob sistema de produção irrigado no Cerrado do Planalto Central Brasileiro, herdabilidade de 97,84%.

Assim como o espigamento, o peso de mil sementes é uma característica de herdabilidade elevada. Chand et al. (2008) encontraram elevada herdabilidade (99,9%) para PMS em uma coleção de genótipos elite em três ambientes diversos. Jalata et al. (2011) e Kole (2006) apresentaram valores de herdabilidade ampla para PMS, de 85,6% e 78,4%, respectivamente. Monteiro (2012) relatou, para essa característica, uma herdabilidade de 82,08%. Valores inferiores, mas considerados ainda altos, foram citados por Therrien (2006), em que, avaliando mais de 32 ambientes e 120 genótipos de cevada, apontou herdabilidade ampla de 63,7% a 75,2%, com uma média de 68,5%. Esse valor foi próximo aos dados de Delogu et al. (1988), de 66% e 68%, para duas populações, e de Manzjuk & Barsukov (1974) de 78,5%. Os valores de Lu et al. (1999) oscilaram entre 27% e 55%, mostrando grande variação de acordo com os materiais genéticos e com os ambientes empregados. Tinker et al. (1996) certificaram que a estimativa da herdabilidade, para a característica peso de mil grãos, divergiu de acordo com o ambiente (49% a 82%), com média de 71%, sugerindo que a variação entre as herdabilidades encontradas pode ser explicada pela considerável

heterocedasticidade (diferenças na quantidade de variância não genética) entre os ambientes. O elevado nível de herdabilidade observado fornece uma indicação de que o peso de grãos de cevada, *per se*, ou dos componentes que contribuem para esse peso, pode ser introgridido em novos genótipos, com grande possibilidade de sucesso.

A produção de grãos, de modo geral, é uma característica que apresenta baixa herdabilidade e pode ser atribuída ao comportamento quantitativo dessa característica, permitindo maior efeito ambiental e, conseqüentemente, redução da relação entre a variância genética e a fenotípica. No entanto, diversos autores confirmaram elevada herdabilidade para essa característica em cevada. Marquez-Cedillo et al. (2001) encontraram alta herdabilidade para o rendimento de grãos de cevada (83%), na média de nove ambientes, enquanto Hayes et al. (1993), analisando 16 ambientes, evidenciaram uma herdabilidade de 77% e Jalata et al. (2011), uma herdabilidade ampla de 71,4%. Gut et al. (2004) confirmaram valores de até 88%. Monteiro (2012), sob sistema irrigado no Cerrado, obteve um cômputo de 80,57%. Em contraste, estimativas de menores amplitudes têm sido verificadas (RUTGER, 1966; DELOGU et al., 1988; NADZIAK et al., 1994). Segundo Al-Yassin et al. (2005), as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, para rendimento de grãos, variam consideravelmente na literatura dentro da mesma espécie, como uma provável consequência da diferença no tipo de material genético e dos ambientes em que estudos foram realizados. Esses autores descreveram que a herdabilidade variou para um mesmo cruzamento em função da relação genótipo x local e genótipo x ano. Para certo cruzamento, o valor oscilou de 0% a 68,1%. Enfatizaram que, para determinado cruzamento de cevada, a média da estimativa da herdabilidade no sentido amplo variou de 17,3% (quando o rendimento foi de 29 kg ha<sup>-1</sup>) a 75,8%, quando a produtividade foi de 3.923 kg ha<sup>-1</sup>. Similar amplitude da herdabilidade para rendimento de grãos foi registrada por Delogu et al. (1988) e Gut et al. (2004). Tinker et al. (1996) também averiguaram que a estimativa da herdabilidade dessa característica divergiu de acordo com o ambiente imposto (de 0% a 66%). Da mesma forma, Bouzerzour & Dekhili (1995) observaram que, em contraste com o ambiente, a herdabilidade para rendimento de grãos de cevada variou de 0% a 93%, mostrando o grande efeito do ambiente sobre a herdabilidade, devendo-se considerar esse fato para prever uma melhor resposta e método de seleção.

Para a característica classificação de grãos, Fox (2008) obteve uma estimativa da herdabilidade da ordem de 88% a 95% para sementes entre 2,5 e 2,8 mm e de 89% a 98% para sementes maiores que 2,8 mm. Monteiro (2012) relatou uma herdabilidade, tanto para a classificação comercial de primeira (> 2,8 mm) quanto de segunda (2,5 a 2,8 mm) de 73,04% e 76,46%, respectivamente.

A altura da planta da cevada tem um alto grau de herdabilidade e pode ser herdado de uma geração para outra, assim como já tinha sido determinado por Frey (1954) que obteve um índice de até 92%. Do mesmo modo, Hayes et al. (1993) anotaram uma herdabilidade de 96% em 16 ambientes avaliados, enquanto Marquez-Cedillo et al. (2001) de 95%, Manzjuk & Barsukov (1974) de 74,2%, Delogu et al. (1988) entre 64% e 78%. De modo geral, a herdabilidade para essa característica em cevada é alta. Chand et al. (2008) obtiveram uma herdabilidade no sentido amplo de até 95,2% e Eshghi & Akhundova (2010), referenciando a herdabilidade ampla, constataram índices de 80% e de 87%, considerados altos pelos autores. Porém, Monteiro (2012) reportou um valor de apenas 44,4%.

Para proteína, Fox (2008) reportou uma estimativa entre 60% e 80%, Olsen (1974) de 73%; Bichoński & Burek (2000b) de 72% e Therrien (2006) de 53,4% a 94%, quando testou cerca de 120 genótipos em 32 ambientes. Vale ressaltar que, para Therrien (2006), a porcentagem de proteína é altamente herdável e passível de melhoramento genético. No que se refere ao acamamento, Tinker et al. (1996) constataram valores extremamente baixos, variando de 3% a 52% e Gut et al. (2004), entre 11% e 54,8%.

Para outras características de qualidade malteira, Bichoński & Burek (2000b) relataram uma herdabilidade de 75% para nitrogênio solúvel e para o extrato de malte de 78%, enquanto para o indicador de qualidade Kolbach obtiveram uma herdabilidade ampla de apenas 39%. Semelhante cômputo foi verificado por Molina-Cano et al. (1997), como herdabilidade de 36%. Esses autores também descreveram baixa estimativa da herdabilidade para a viscosidade de 43%. Eshghi & Akhundova (2010) computaram índices de 80% quando estudaram a herdabilidade ampla em  $\beta$ -glucanas. Burton et al. (2009) apresentaram uma compilação mostrando grande variação dos resultados da herdabilidade ampla em qualidade malteira.

Outro parâmetro genético importante em programas de melhoramento genético é a correlação que é uma medida do grau de associação entre duas características ou uma medida da intensidade de variação conjunta entre essas características, podendo ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento nas duas características ou acréscimo de uma e decréscimo de outra, respectivamente (STEEL & TORRIE, 1980). O conhecimento do grau da associação entre características é de grande valor nas estratégias do melhoramento genético, pois esclarecem e quantificam as relações entre eles, principalmente, quando a seleção de uma característica promove modificações em outras características correlacionadas (RAMALHO et al., 1979; KHALIQ et al., 2004; RAMALHO et al., 2008). Johnson et al. (1955) afirmaram que o conhecimento de correlações existentes entre importantes caracteres favorece a interpretação dos resultados já obtidos e proveem a base para o planejamento de programas de

melhoramento genético mais eficiente. A correlação é uma importante ferramenta que permite a seleção indireta usada para a seleção de uma característica de interesse que apresenta baixa herdabilidade ou problemas de mensuração, utilizando uma característica de alta herdabilidade e de fácil aferição altamente correlacionada com a característica de interesse (FALCONER & MACKAY, 1996; CRUZ et al., 2004). Outra importante aplicação das correlações é contribuir para a eficiência na seleção simultânea de características de interesse (SANTOS & VENCOVSKY, 1986). Esta pode ser avaliada no seu modo mais simples, através das correlações fenotípica, genética e ambiental (FALCONER & MACKAY, 1996) e estas mediante procedimentos semelhantes àqueles utilizados para a estimativa da covariância (RAMALHO et al., 1993). Para esses autores, apenas o estudo da correlação fenotípica tem pouca aplicabilidade, podendo, por vezes, ocasionar erros, tornando-se essencial individualizar as causas genéticas e ambientais que, associadas, resultam na correlação fenotípica. Desta forma é fundamental o desdobramento das correlações e a avaliação da correlação genética.

A existência de correlação genética entre dois caracteres é devida, principalmente, a pleiotropia ou a ligação gênica responsáveis por essas características (FALCONER & MACKAY, 1996). A correlação genética proveniente do efeito pleiotrópico dos genes é permanente e é responsável pela fração herdável dos genitores para a progênie. Já a correlação advinda da ligação entre os genes, que se manifesta especialmente nas primeiras gerações de populações obtidas do inter cruzamento de progenitores geneticamente divergentes e vai se perdendo à medida que ocorrem permutas entre os genes ligados (recombinações), é transitória. Se dois caracteres apresentam correlação genética significativa, torna-se possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta. Em determinados casos, a seleção indireta, baseada na resposta correlacionada, pode conduzir a progressos mais rápidos do que a seleção direta da característica desejada (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Apesar de o coeficiente significativamente diferente de zero ser suficiente para indicar que as características são correlacionadas, ele é inadequado para calcular o quanto da variação total é comum aos elementos que constituem os pares analisados. Essa avaliação é medida através da estimativa  $r$  do coeficiente de correlação  $\rho$ , que é um número que pode variar entre -1 a +1, pronunciando se a correlação é negativa ( $r < 0$ ), positiva ( $r > 0$ ) ou se não existe correlação ( $r = 0$ ) (BEIGUELMAN, 2002). Assim sendo, valores positivos indicam que os caracteres correlacionados são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais e valores negativos que o ambiente favorece uma característica em detrimento de outra. Segundo Carvalho et al. (2004), os coeficientes de correlação ( $r$ ) podem ser classificados em função de suas magnitudes onde as suas intensidades são tidas como:

perfeita ( $|r| = 1$ ); fortíssima ( $0,90 \leq |r| < 1$ ); forte ( $0,60 \leq |r| < 0,90$ ); média ( $0,30 \leq |r| < 0,60$ ); fraca ( $0,00 < |r| < 0,30$ ) e nula ( $r = 0$ ). Baixos valores significam que grande parte da variação da característica é em razão do efeito ambiental entre os indivíduos, e valores altos expressam que as diferenças genéticas entre indivíduos são devidas à variação da característica determinada (CRUZ, 2005). Ausências de associações entre as estimativas não devem ser julgadas como uma limitação dessas ferramentas de acesso à variabilidade genética, mas sim como um indicativo da complementaridade entre as mesmas (LEFEBVRE et al., 2001; RANA et al., 2005; LI et al., 2008; SILVA et al., 2009), podendo ser explicada pelas diferentes propriedades dos marcadores moleculares e dos caracteres qualitativos e quantitativos. Neste caso, a integração e uso complementar de informações moleculares e dos caracteres qualitativos e quantitativos assumem grande importância na seleção de genótipos elite e também de potenciais genitores para avanços em programas de melhoramento.

De acordo com N’Goran et al. (1994), a possibilidade de concordância entre a dissimilaridade genética e a fenotípica varia com o tamanho da amostra avaliada, sendo baixa quando a amostra é estreita, e pelas diferentes propriedades dos marcadores moleculares e dos caracteres morfológicos (COLLIGNON et al., 2002; NAVARRO et al., 2005). Dessa forma, uma variação em nível de DNA nem sempre é reflexo de variações fenotípicas, e a ausência de variação fenotípica nem sempre é sinal de ausência de variação em nível de DNA, uma vez que diferentes genes podem levar à expressão de um mesmo fenótipo (RANA et al., 2005). Além disso, tal correlação fraca implica provavelmente as diferenças no grau de cobertura genômico entre marcadores moleculares e caracteres morfológicos (VETELÄINEN et al., 2005, LUND et al., 2012).

Poucas estimativas das correlações genotípicas entre caracteres de cevada têm sido relatadas. Shoufu et al. (1996), Bhutta et al. (2005) e Kole (2006) verificaram que as correlações genotípicas foram, para diversas características avaliadas, tanto para um grupo de cevada dística como hexástica, em valores absolutos, superiores aos coeficientes de correlações fenotípicas e ambientais. Lund et al. (2012) encontraram boas correlações, ao avaliar a associação entre microssatélites e descritores morfoagronômicos, em cevada. Shoufu et al. (1996) estimaram os coeficientes de correlação genética entre produção de grãos com altura da planta, comprimento da espiga, número de grãos por espiga, número total de grãos por espiga e peso de mil grãos. Observaram que todas essas características, exceto o peso de mil grãos, tiveram notável influência sobre o rendimento, especialmente, as características comprimento e peso de espigas. Bhutta et al. (2005) verificaram correlação positiva significativa entre a produção de grãos com peso de 1000 grãos e número de espiguetas por espiga. Porém, a produção de grãos foi de correlação negativa com os dias para floração

plena. Gut et al. (2004) relataram correlações genóticas e fenóticas entre altura e rendimento, revelando que a seleção de genótipos mais altos resultaria em genótipos com melhores rendimentos, sendo importante no processo de seleção. Associações semelhantes, porém com uma grandeza menor, foram constatadas por Bhutta et al. (1991). Significativa e positiva correlação genótica também foi observada entre o teor de clorofila e produtividade de grãos por espiga, peso de mil grãos, rendimento biológico e índice de colheita (KUMAR & PRASAD, 2002). Kole (2006) apontou correlações positivas e significativas genóticas e fenóticas entre o rendimento de grãos por planta com o número de perfilhos, o número de espiguetas e grãos por espiga e o peso de 100 sementes. Destacou que diversas características, da cevada, foram significativamente correlacionadas fenotipicamente, porém o valor e o significado dos coeficientes de correlação genótica diferiram e foram menos frequentes. Citou que a resistência ao gelo foi fenotípica e genotipicamente correlacionada com o peso de grãos e tamanho dos grãos apenas em determinado ambiente. Al-Tabbal & Al-Fraihat (2012) averiguaram que o rendimento de grãos por planta apresentou alta correlação, positiva e significativa, tanto genética como fenotípica, com o número de grãos da espiga principal. O número de perfilhos produtivos por planta teve alta correlação genótica significativa com o rendimento de grãos, contudo com correlação fenotípica baixa. Monteiro (2012) encontrou correlações negativas entre rendimento estimado de grãos e dias para o espigamento e teor de proteína, quando estudou 433 acessos de cevada, sob sistema de produção irrigado no Cerrado do Planalto Central Brasileiro. Esse autor afirmou que esses resultados são interessantes para o melhoramento de cevada irrigada no Cerrado, evidenciando que as cevadas mais produtivas são também mais precoces e possuem menor teor de proteína.

Em relação a caracteres analíticos de malte, Molina-Cano et al. (1997) e Wang & Zhang (2009) anotaram a existência de uma correlação altamente significativa e negativa entre  $\beta$ -glucanas e o índice Kolbach. O que também foi verificado por Swanston (1997) e Savin et al. (1997) em relação de dependência entre  $\beta$ -glucanas e nitrogênio. Esses autores propuseram que baixos valores de  $\beta$ -glucanas estão relacionados com os altos níveis de nitrogênio e que proteína densa pode limitar a atividade de  $\beta$ -glucanases na parede celular do endosperma, favorecendo essa correlação negativa. Fox (2008) verificou uma correlação significativa e negativa entre friabilidade e  $\beta$ -glucanas. Swanston & Ellis (1995) e Molina-Cano et al. (1997) observaram uma correlação significativa e positiva entre o extrato e índice Kolbach.  $\beta$ -glucanas foi correlacionada positiva e significativamente com a viscosidade (MOLINA-CANO et al., 1997; BHATTY, 1999b; WANG & ZHANG, 2009), fato este que pode ser explicado porque as  $\beta$ -glucanas são uma das causas do incremento da viscosidade (MATHER et al., 1997).



Há décadas, procura-se entender a relação entre proteína e extrato, sendo Bishop (1930) um dos pioneiros nesses estudos. Acredita-se que efeitos indiretos de um grupo de proteína ou de específicos componentes proteicos atuam sobre o extrato, entre elas, a hordeína que é a fração mais importante de proteínas de endosperma (BULMAN et al., 1994; FOX, 2008). Diversos autores obtiveram uma correlação negativa e significativa entre esses dois fatores (EAGLES et al., 1995; MOLINA-CANO et al., 1997; BICHOŃSKI & BUREK, 2000b; OGUSHI et al., 2002b; EMEBIRI et al., 2004 e 2005; QI et al., 2005; CHEN et al., 2006).

Um ponto a ser relatado é a dificuldade no processo seletivo de genótipos malteiros. As correlações genóticas podem variar entre as populações dentro de uma mesma população, bem como entre os ambientes. Para as características malteiras, essa situação promove grande variação no grau e no tipo de associação, o que dificulta o trabalho de seleção do melhorista (PIEPHO & WILLIAMS, 2006). Certo número de trabalhos tem sido publicado na literatura internacional sobre correlações genóticas de malte (FOSTER et al., 1967; EAGLES et al., 1995; GOBLIRSCH et al., 1996; EMEBIRI et al., 2004), mas, no Brasil, há carência desses estudos. Recentemente, Sayd (2011) encontrou fortes correlações genóticas positivas quando a friabilidade foi confrontada com o índice de Kolbach (0,845), N solúvel (0,971), extrato (0,797), cor após fervura (1,0), índice de Hartong (0,971) e negativas, todavia fortes, entre friabilidade x  $\beta$ -glucanas (-1,0) e friabilidade x viscosidade (-0,707).

#### **4.11 Marcadores moleculares aplicados à caracterização de recursos genéticos e ao melhoramento genético de cevada**

A inovação tecnológica apresentada no processo de seleção via análise genética de características de interesse para o melhoramento da espécie é essencial ao estabelecimento da cevada no ambiente Cerrado. Uma das melhores estratégias para a obtenção de genótipos superiores é pela recombinação gênica entre o germoplasma local adaptado e exótico de qualidade e tipo agrônomico superiores. Para o sucesso da recombinação, é importante identificar e separar geneticamente os acessos que compõem a coleção de trabalho e, a partir dela, realizar cruzamentos direcionados entre os genitores relacionados, ampliando a variabilidade genética (RASMUSSEN & PHILLIPS, 1997; NASS, 2001). Nesse contexto, no melhoramento genético tem-se utilizado, cada vez mais, da ferramenta dos marcadores moleculares para aumentar a eficiência na obtenção de informações de interesse e orientar novas ações de pesquisa nos programas de caracterização e uso de germoplasma e no

melhoramento genético (FALEIRO, 2011). O uso de marcadores moleculares mostrou-se viável a partir do desenvolvimento de novas técnicas, pela rapidez na obtenção de resultados, estabilidade e neutralidade, redução dos custos reagentes e dos equipamentos, tornando-se importante ferramenta para o estudo da variabilidade genética, aumentando o poder da análise genética das plantas (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996; FERREIRA & FALEIRO, 2008), além de ampliar a eficiência do processo de seleção dos indivíduos desejados (HULLI, 1987). Para a caracterização da variabilidade genética, os métodos convencionais de avaliação fenotípica foram complementados pelos métodos bioquímicos e moleculares. Isto porque os dados morfológicos, apesar de importantes, nem sempre são facilmente entendidos no nível molecular (SIMPSON & WITHERS, 1986). Contudo, essas técnicas não são excludentes, pois as abordagens morfológicas e moleculares apresentam vantagens distintas, e sua complementação resulta na produção de benefícios que não seriam obtidos em análises separadas (HULLI, 1987).

Foi a partir da década de 1970, com o advento de técnicas bioquímicas e moleculares, que o estudo de aspectos básicos da genética vegetal teve grande evolução. Os marcadores de proteínas, principalmente os isoenzimáticos, foram utilizados com sucesso aumentando, assim significativamente, o número de marcadores genéticos, passando a ser aplicada a diversas espécies de plantas (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996). Ramalho et al. (2008) citaram que o largo emprego desses marcadores ocorreu em função do seu baixo custo. Por exemplo, em cevada a inzoenzima esterase tem sido utilizada para selecionar, de forma indireta, indivíduos resistentes ao vírus do mosaico amarelo, devido à presença do alelo dominante Ym. Posteriormente, surgiram marcadores moleculares baseados em polimorfismo ao nível de sequência de DNA, favorecendo o estudo dos recursos genéticos, especialmente no entendimento da estrutura e da organização da diversidade genética das populações e seu monitoramento ao longo do tempo (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996; FALEIRO, 2007).

Um marcador de DNA é tipicamente uma pequena região do DNA capaz de mostrar polimorfismo (ou diferença) entre indivíduos (LIU, 1998). Dois enfoques metodológicos são usados para detectar tais diferenças: hibridação e amplificação. No primeiro, uma pequena sequência é marcada radioativamente e ligada ao DNA dos indivíduos, baseado em princípios de pareamento das bases do DNA. No segundo, ocorrem reações para aumento de sequências específicas (MEYER, 2002). Inicialmente, permeando a metodologia de hibridação, adveio o procedimento RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) que emprega enzimas de restrição permitindo a análise de polimorfismo de comprimento de fragmento de DNA. Em seguida, o desenvolvimento do processo de amplificação em cadeia utilizando um DNA

polimerase (PCR - *Polymerase Chain Reaction*), desenvolvida por Mullis & Faloona (1987), permitiu a síntese enzimática de milhões de cópias de um seguimento específico de DNA. Isto levou ao surgimento de outras classes de marcadores moleculares, tais como o RAPD (*Random Amplification of Polymorphic DNA*), SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou microssatélites, minissatélites, marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), entre outros (FALEIRO, 2007).

A PCR é uma técnica que permite a síntese enzimática *in vitro* de milhões de cópias de um seguimento específico de DNA, na presença da enzima DNA polimerase. Baseia-se no anelamento e na extensão enzimática de um par de oligonucleotídeos (pequenas moléculas de DNA de fita simples) utilizados como iniciadores (*primers*) que delimitam a sequência de DNA de fita dupla, alvo da amplificação. Esses *primers* são sintetizados artificialmente de maneira que suas sequências de nucleotídeos sejam complementares às específicas que flanqueiam a região-alvo. Essa técnica é constituída de vários ciclos de desnaturação, anelamento e extensão. Obtêm-se, desta forma, segmentos específicos de DNA do genoma, em grande quantidade, os quais podem ser facilmente detectados (MULLIS & FALOONA, 1987). Contudo, para a construção dos iniciadores era preciso o conhecimento prévio das sequências de nucleotídeos que flanqueiam a sequência de interesse, sendo necessários a clonagem e o sequenciamento da região (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996). Na década de 1990, a PCR foi modificada pela utilização de iniciadores pequenos e baixa temperatura de anelamento, e o procedimento passou a ser chamado RAPD. Este tipo de marcador, desenvolvido por Williams et al. (1990) e Welsh & Mc Clelland (1990), baseia-se na detecção de polimorfismo de DNA amplificado ao acaso, usando-se oligonucleotídeos decâmeros de sequência aleatória.

Essa técnica tem demonstrado eficiência na identificação da variabilidade genética em diversos grupos de plantas, motivo pelo qual vem sendo utilizada como importante ferramenta em programas de melhoramento, construção de mapas genéticos, estudos de ecologia molecular e de taxonomia (KARP et al., 1996; FALEIRO, 2007; FERREIRA et al., 2007). O RAPD é também aplicado na identificação de marcadores moleculares úteis na seleção (MILACH, 1998), embora nesse caso apresente algumas limitações. Faleiro (2007) registrou, como vantagens do marcador RAPD, além do uso de iniciadores de sequência arbitrária e mais curtos, excluindo, assim, a necessidade do conhecimento prévio da sequência, a facilidade e a rapidez para obtenção dos marcadores, a demanda de mínimas quantidades de DNA e a universalização das análises, pois é aplicável a qualquer espécie, além da sua simplicidade, rapidez e baixo custo. Como principais limitações, são citadas o baixo conteúdo de informação por loco, não diferenciação dos locos em heterozigose dos em homozigose

(marcador dominante); a competição entre os diferentes sítios de amplificação por substrato e enzimas; e a baixa reprodutibilidade das marcas devido à falta de padronização de condições de amplificação (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996). Estudos realizados por Williams et al. (1990), em diferentes iniciadores com sequência arbitrária, estabeleceram que, para produzir níveis detectáveis de amplificação em iniciadores decâmeros, a proporção de guanina e de citosina deve ser de pelo menos 40%.

O marcador RAPD tem sido muito utilizado em cevada e tem se mostrado útil como marcador genético no caso de espécies autógamas com um número relativamente baixo de nível de polimorfismo intraespecífico, como a cevada cultivada (BARUA et al., 1993; CHALMERS et al., 1993; TINKER et al., 1993). Matsui et al. (2001) usaram com êxito esse marcador para estudo de macho-esterelidade em cevada através de retrocruzamentos. Estudos moleculares ou *fingerprints*, por meio de marcadores RAPD, permitiram descobrir diferenças entre ecótipos desse cereal (KARIM et al., 2010) e entre genótipos de cevada cultivada e selvagem tolerantes à sanilidade (PAKNIYAT & NAMAYANDEH, 2007). Segundo esses autores, a robustez apresentada deveu-se à boa escolha dos iniciadores e essa ferramenta molecular deve ser usada para complementar e clarear as ambiguidades em estudos morfofisiológicos em questão.

A diversidade genética de genótipos com diferentes respostas ao estresse hídrico foi investigada por Nazari & Pakniyat (2008). Os resultados da análise de RAPD indicaram a sua aptidão para a determinação de polimorfismo entre as amostras e, conseqüentemente, apontar a variabilidade genética intraespecífica. Tanyolac (2003), averiguando a diversidade genética em cevada selvagem, atestou que o marcador dominante RAPD é eficaz e continua sendo um marcador promissor para a avaliação da diversidade genética, uma vez que o procedimento adotado nessa técnica é relativamente simples, e o polimorfismo detectado, neste estudo, foi reprodutível. Hou et al. (2005), avaliando cevada selvagem no Oeste da China, obtiveram cerca de 77% de polimorfismo com o uso desses marcadores, interseccionando com os dados de Abdellaoui et al. (2010) que encontraram uma taxa de 82,8% de polimorfismo em outra coleção selvagem. Pu et al. (2009) também identificaram diversidade genética entre populações dessa espécie no Oeste da China, obtendo 91% de bandas polimórficas.

Selbach & Cavalli-Molina (2000) caracterizaram variedades e linhas avançadas de cevada brasileira para produção de malte, através de marcadores RAPD e encontraram variabilidade varietal e intravarietal, obtendo 93% de bandas polimórficas. Alta variabilidade genética também foi verificada por Abdellaoui et al. (2007) no estudo molecular com o RAPD o qual permitiu identificar diferenças entre ecótipos de cevada com uma taxa de polimorfismo de 79%. Essa ferramenta molecular foi eficiente para esclarecer as

ambiguidades em estudos morfofisiológicos. Valores similares foram descritos por Karim et al. (2009), da ordem de 74%. Diaz-Perales et al. (2002) provaram a eficiência do uso de RAPD na verificação da genealogia e na determinação de variabilidade genética de uma coleção nuclear de cevada malteira, onde obtiveram 76% de polimorfismo. Ciulca et al. (2010), avaliando uma coleção de trabalho de cevada malteira, identificaram variabilidade genética, considerando o fato de que a taxa média de polimorfismo foi de 88,23%, com 10 bandas polimórficas/*primer*, o que pode ser explorada de forma eficaz nos programas de melhoramento de cevada de inverno.

Em melhoramento genético assistido, Kuczyńska et al. (2007) verificaram a associação entre a similaridade e distância genética entre os pais de diversas combinações de cruzamento de cevada e a variabilidade genotípica das progênes obtidas, reafirmando a robustez desse marcador para esse tipo de estudo. Kuczyńska et al. (2001) detectaram divergência genética num estudo de avaliação de genótipos de cevada industrial romena com RAPD, sendo este suficiente para avaliar as distâncias genéticas entre elas. Todorovska et al. (2003) constataram a ocorrência de expressiva variabilidade intraespecífica utilizando cultivares elite búlgaras de cevada através desses marcadores e confirmaram que o polimorfismo baseado em RAPD é útil na divulgação de relações genéticas entre cultivares de cevada. Kroth et al. (2005), estudando a similaridade genética de variedades brasileiras de cevada nua e cevada cervejeira, afirmaram que esse procedimento é capaz de separar as variedades de cevada em vários grupos de similaridade. Pourmohammad et al. (2010), examinando uma coleção de cevada nua, observaram que os resultados da análise de agrupamento corresponderam ao *pedigree* dos genótipos, sugerindo a eficiência do RAPD na detecção de diversidade genética do germoplasma. Eshghi & Akhundova (2010), estimando a variabilidade genética de uma coleção de cevada nua com RAPD, identificaram uma banda especial que, segundo os autores, poderia ser utilizada na identificação e na separação de variedades de cevada nua com baixo ou alto teor de  $\beta$ -glucanas.

Recentemente, marcadores RAPD foram usados com sucesso por Sipahi et al. (2010), Bakht et al. (2011), Guasmi et al. (2012), entre outros autores, com a finalidade de detectar variabilidade genética entre grupos genômicos de *Hordeum vulgare* L.

#### **4.12 Indicadores malteiros**

O desenvolvimento de novas cultivares de cevada cervejeira requer dos programas de melhoramento genético o atendimento não somente ao bom desempenho agrônomico, como alto rendimento de grãos, resistência a doenças, adaptabilidade, estabilidade mas também com

adequada relação entre os caracteres de qualidade de malte, atendendo as exigências da indústria cervejeira que é a principal demandadora da cevada no Brasil.

Maltagem ou malteação é o processo controlado da germinação e da secagem de uma semente que transforma o amido em açúcares fermentáveis (HOSENEY, 1994), sendo que, no caso da cevada, o amido dos grãos é transformado em açúcar maltose. Com esse processo obtém-se a degradação do endosperma dos grãos de cevada, além da acumulação de enzimas ativas nesses grãos. De acordo com Brasil (1977) malte cervejeiro é definido como:

“...produto resultante da germinação forçada e controlada, sob condições especiais de umidade e temperatura da cevada *Hordeum* sp., cujos característicos se enquadram nos limites constantes da portaria em questão”.

O malteamento é obtido basicamente em três etapas: (i) maceração, que tem por finalidade fornecer às sementes o grau de umidade necessário para induzir a germinação. A hidratação do grão supre a camada de aleurona com água, de modo que esta sintetiza enzimas necessárias e disponibiliza as reservas nutritivas do endosperma para o processo de germinação, promovendo a migração dessas enzimas para o endosperma; (ii) germinação, que tem por objetivo desenvolver enzimas e modificar o endosperma, principalmente em mudanças físico-químicas e estruturais, como hidrólises das proteínas e do amido, tornando-o solúvel; e (iii) secagem, quando a produção de enzimas e as modificações no endosperma atingem seu nível ótimo, a atividade biológica deve ser paralisada por meio de secagem (UFRGS, 2012a). Em todas essas etapas, é imprescindível o controle da temperatura, umidade e vazão de ar, por um período específico (CHAVAN & KADAN, 1989).

Considerando a necessidade de adequação dos padrões de qualidade da cevada para fins cervejeiros, o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento estabeleceu, por meio da Portaria 691/96, a Norma de Identidade e Qualidade da Cevada, para comercialização interna. Em relação à classificação do tamanho dos grãos a cevada para malteação é classificada nas seguintes classes:

“Primeira: A cevada cujos grãos inteiros e sadios fiquem retidos na peneira de crivos oblongos de 2,5 mm de largura;

Segunda: A cevada cujos grãos inteiros e sadios vazem na peneira de 2,5 mm de largura, mas fiquem retidos na peneira de crivos oblongos de 2,2 mm de largura;

Terceira: A cevada cujos grãos inteiros e sadios vazem na peneira de crivos oblongos de 2,2 mm de largura.” (BRASIL, 1996).

Sementes de cevada grandes são desejadas para a malteação por terem teores de amido mais altos, fornecendo maior quantidade de extrato. Posteriormente, já na fabricação da cerveja, o tamanho homogêneo dos grãos adquire importância no processo de moagem do malte, para que o produto resultante dessa etapa tenha uma granulometria homogênea. Desta

forma, o malte triturado terá um adequado comportamento na fase posterior de preparo da massa, da qual será extraído o mosto. No processo de brassagem ou mosturação o malte é hidratado e as enzimas presentes nele são ativadas. Nessa etapa, ocorre o desdobramento do amido principalmente pelo complexo enzimático que é fornecido pelo malte, sobretudo as enzimas  $\alpha$ -amilase e  $\beta$ -amilase. Com esta transformação ocorre a formação de açúcares fermentescíveis (principalmente maltose e glucose) e dextrinas de baixo e/ou alto peso molecular.

Para que haja uniformidade no processo de malteação, o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento regulamentou, por meio da Portaria 166 (BRASIL, 1977), as especificações para padronização, classificação e comercialização do malte cervejeiro ou cevada malteada para fins cervejeiros. Em relação à qualidade do malte, aprovou valores específicos, denominados de característicos intrínsecos, baseados nos métodos apregoados pela EUROPEAN BREWERY CONVENTION (1997).

Na fabricação da cerveja, a qualidade da cevada exige dos mestres cervejeiros a observação de normas muito rigorosas da qualidade dos grãos e dos maltes (BICHOŃSKI & ŚMIAŁOWSKI, 2004). Análises das características industriais dos grãos e dos maltes são importantes para balizar o processo cervejeiro, sendo essas características investigadas por comitês específicos. O comitê australiano “*Malting and Brewing Industry Barley Technical Committee*” (MBIBTC) destaca os seis parâmetros mais importantes para definir a qualidade do malte:  $\beta$ -glucanas, teor de extrato, índice Kolbach, viscosidade, poder diastático e fermentabilidade (FOX, 2009). A moagem do grão, a friabilidade, a proteína do malte são outras análises essenciais na qualidade do malte (BICHOŃSKI & ŚMIAŁOWSKI, 2004). Bichoński & Burek (2000b) agregaram a proteína solúvel total do malte e a dos grãos como características importantes. Outros consideram ainda a  $\alpha$ -amilase, o nitrogênio livre, a friabilidade e a  $\alpha$ -glucanase (FOX, 2008, 2009).

Nesse sentido, características de qualidade industrial do malte como o teor de proteínas totais, o extrato, o índice de Hartong, a viscosidade, a cor após fervura, o teor de nitrogênio solúvel, o índice de Kolbach, a friabilidade e a  $\beta$ -glucanas devem ser mensurados, estudados e utilizados como critério de seleção em um programa de melhoramento de cevada. Esses componentes da qualidade da cevada industrial representam uma grande contribuição na determinação do uso industrial. No entanto, um dilema importante surge no caso de qualidade de malte. O valor dos parâmetros, atualmente utilizados para medir a qualidade do malte, tem sido questionado por vários grupos ao longo dos anos e apresentam certa variabilidade (AXCELL, 1998; MacGREGOR, 1996). Um exemplo pode ser visto nas normas brasileiras: apesar de a Portaria 691 (BRASIL, 1996) indicar um teor de proteína máximo de

12%, a Portaria 161 (BRASIL, 1977) prevê o uso de malte com teor proteico mais elevado e, segundo Ferrari (2012<sup>1</sup>), cada cervejaria possui um nível de exigência diferente das normas brasileiras.

A qualidade malteira da cevada é extremamente complexa sendo controlada por muitos loci gênicos e/ou QTLs e influenciada fortemente pelo ambiente (BRIGGS, 1978; MATHER et al., 1997; FOX et al., 2003), em especial, por altas temperaturas do ar e pelo déficit de água durante o enchimento dos grãos (PASSARELLA et al., 2005). No Cerrado, Amabile et al. (2007c) descreveram que o fator ambiente influenciou, de forma intensa, nos resultados de malte, em condições de cultivo irrigado. Desta forma, genótipos respondem diferentemente em ambientes diversos (KACZMAREK et al., 1999), o que foi verificado com os genótipos elite testados no Cerrado. Adicionalmente, Molina-Cano et al. (1997) concluíram que a interação genótipo x ambiente causa variação imprevisível em características quantitativas da qualidade malteira.

#### **4.12.1 Extrato**

O extrato de água quente do mosto, comumente denominado de extrato de malte, é a mais importante característica qualitativa do malte, tanto no processo de seleção genética em função das características malteiras - apesar de ser difícil selecionar um genótipo quanto a esta variável - como indicativo da qualidade do malte para comercialização (FOX, 2009). Ele é um indicador fundamental, pois reflete a quantidade de álcool e de cerveja que pode ser produzida a partir de uma dada quantidade de malte (MATHER et al., 1997). Segundo a legislação brasileira (BRASIL, 1997), extrato de malte é:

“o resultado da desidratação total ou parcial do mosto de malte até o estado sólido ou pastoso, devendo apresentar as propriedades do mosto de malte, quando reconstituído.”

Durante a mosturação, o amido presente no malte é solubilizado em açúcares fermentescíveis que darão origem ao CO<sub>2</sub> e ao álcool durante a fermentação (JIN et al., 2011). A quantidade de açúcares formada é determinada pelo extrato que, juntamente com o teor proteico e sua dissolução, formam o “corpo” da cerveja.

A qualidade do extrato é controlada por quatro fatores: (i) qualidade do grão da cevada que é afetada por fatores ambientais. Esse fator não afeta diretamente o extrato de malte, mas o conteúdo e as composições que afetam o extrato, particularmente as proteínas e o amido; (ii) a composição física da cevada – cevada dística, hexástica, nua, espessura da casca, tamanho do grão e as características bioquímicas do grão; (iii) processo de maltagem; e (iv) processo

---

<sup>1</sup>FERRARI, R. Índices técnicos de malte – Malteria do Vale. Comunicação por email, dezembro 2010.



de trituração do grão (FOX, 2009). Em relação ao efeito ambiental, Amabile et al. (2008) obtiveram um índice de extrato, com variação anual, porém superior a 79%, para a cultivar BRS Deméter. A mesma variação anual foi identificada por Silva et al. (2000) para a cultivar BRS 180. Esses resultados revelam que, mesmo um material genético já lançado como cevada cervejeira, pode não manter os índices de lançamento, sendo, portanto influenciados pelas condições ambientais (GRAUSGRUBER et al., 2002; PSOTA et al., 2009; VERMA & SARKAR, 2010). Resultados similares foram relatados por Bichoński & Burek (2000a), em que diversas cultivares malteiras variaram o extrato de ano para ano, com índices abaixo do esperado, o que não descaracteriza a qualidade industrial do material genético. O mesmo fato foi citado por Kowalska et al. (2000), Grausgruber et al. (2002) e Lapitan et al. (2009), que encontraram grande variabilidade no extrato em cultivares malteiras em situações temporais.

#### **4.12.2 Proteína**

As proteínas são polímeros de alto peso molecular e com grande número de alfa-aminoácidos unidos uns aos outros através de ligações peptídicas, isto é, da junção do grupo carboxila de um com o grupo amina de outro, e com a perda de uma molécula de água (ROSSETTI, 2003). Elas formam uma matriz em torno de grânulos de amido no endosperma, sendo fonte de nitrogênio para o embrião na germinação. Em cevada, a principal proteína de armazenamento é chamada hordeína, e esta compreende 40%-50% de proteína total de grãos (FOX, 2008). As proteínas do malte têm um papel significativo, pois afetam a qualidade (QI, 2005). Excesso de proteína nos grãos produz menor teor de amido, o que leva à redução do estoque de carboidratos fermentescíveis, em nível do extrato (BISHOP, 1930). A maior quantidade de proteína e, conseqüentemente, a menor quantidade de carboidratos, aumenta o tempo de maltagem para que ocorram as modificações necessárias nesse processo. O maior teor proteico eleva as quantidades de proteínas solúveis e albuminas no malte e no mosto, resultando em cerveja de baixa estabilidade, com formação de depósito (UFRGS, 2012a). As proteínas do malte têm um papel significativo, porque desempenham influências múltiplas no processo tecnológico e na qualidade da cerveja, como: a nutrição do fermento, a formação da espuma e do “corpo” da cerveja e as estabilidades físico-químicas e organolépticas dela (FOX, 2009).

A instabilidade do teor de proteína dos grãos, apontada por Silva & Andrade (1985) e Eagles et al. (2005), é desencadeada além da quantidade de nitrogênio aplicada, pelas condições de estresse hídrico, por outros fatores ambientais impostos aos genótipos e pela resposta de cada genótipo as essas influências (CORRELL et al., 1994; MOLINA-CANO et

al., 1997; TAMM, 2003; PASSARELLA et al., 2005; QI et al., 2005; AMABILE et al., 2009a). Esses fatores promovem grandes oscilações no teor de proteína dos grãos, desde valores muito baixos, em torno de 7% a 8% até valores extremos acima de 12% - nível máximo fixado por Brasil (1996), podendo, entretanto, atingir valores de até 12,5% (FOX et al., 2003; BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011).

Relatos de Molina-Cano et al. (1997) atestam a presença marcante da interação genótipo x ambiente sobre essa variável. No Cerrado, provavelmente, as altas temperaturas do ar e as baixas umidades relativas do ar, que ocorrem no período de enchimento dos grãos, promovem um acréscimo no teor de proteína (AMABILE et al., 2009a), corroborando os resultados de Chapman & Carter (1976) que descreveram que, em ambientes secos e quentes, os grãos de cevada acusaram elevados teores de proteína. Isto também foi constatado por Correll et al. (1994) e Passarella et al. (2005) ao afirmarem que altas temperaturas durante o enchimento dos grãos resultam numa diminuição em tamanho de grão e no aumento da proteína. Variação no teor proteico da cultivar BRS 195 foi observada no Cerrado, sob sistema de irrigação, por Amabile et al. (2005, 2007d e 2009a) e por Amabile et al. (2009c) para o genótipo PFC 2001090 (10,9% a 13%). A oscilação da proteína é tida como um dos grandes problemas da cevada cultivada no Cerrado brasileiro (GUERRA, 1995). Contudo, salienta-se que altas concentrações de proteína podem ser úteis quando aquelas disponíveis no mercado brasileiro forem baixas, porque se tornam um banco de proteína a ser utilizado para uma blendagem.

#### **4.12.3 $\beta$ -glucanas**

As fibras alimentares são classificadas quanto a sua solubilidade em água, em solúveis e insolúveis. As fibras solúveis são formadas por pectinas,  $\beta$ -glucanas, gomas, mucilagens e algumas hemiceluloses. Os componentes insolúveis são lignina, pectinas insolúveis, celulose e outras hemiceluloses (WALKER, 1993). As solúveis têm a capacidade de se ligar à água e formar géis e é constituída principalmente por  $\beta$ -glucanas. Esse grupo diversificado de moléculas que pode variar em relação à massa molecular, solubilidade, viscosidade e em sua configuração tridimensional são polissacarídeos não amiláceos encontrados nas paredes celulares do endosperma de cereais, como a cevada (GENÇ et al., 2001), no qual as moléculas lineares são compostas de ligações  $\beta$  (1 $\rightarrow$ 3) e (1 $\rightarrow$ 4), entre as unidades  $\beta$ -D-glicopiranosil (ASPINAL & CARPENTER, 1984). Na cevada, elas representam apenas pequena fração do conteúdo total de carboidratos dos grãos, mas respondem por cerca de 75% dos carboidratos totais nas paredes celulares do endosperma (BAMFORTH, 1982).

A degradação de paredes celulares do endosperma e subsequentes alterações nos níveis de  $\beta$ -glucanas, em função da boa disponibilidade das enzimas hidrolíticas durante a maltagem, está fortemente relacionada a uma produção de malte bem-sucedida (BOURNE & WHEELER, 1984; ETOKAKPAN, 1993). Degradação incompleta das paredes celulares durante a maltagem leva a uma débil modificação do endosperma, o que resulta em níveis baixos de extrato e em níveis elevados de  $\beta$ -glucanas no mosto (BRENNAN et al., 1997).

O nível de  $\beta$ -glucanas tem forte relação com outras características ligadas à qualidade malteira (FOX, 2009). Registra-se, contudo, que altas quantidades de  $\beta$ -glucanas, não obrigatoriamente resultam em alto ou baixo nível de extrato, mas afetam outras características, como o índice de Kolbach, a viscosidade e a velocidade de filtração (EVANS et al., 2010) e a estabilidade da espuma (LUSK et al., 2001). Matther et al. (1997) afirmaram que  $\beta$ -glucanas possuem propriedade de formação de colóides, sendo que altos níveis desse polissacarídeo causam aumento da viscosidade, podendo dificultar o processo de fabricação de cerveja, mais precisamente a etapa de filtração. Essa diminuição da viscosidade deve-se à formação de géis, em virtude do tamanho da molécula das  $\beta$ -glucanas (BAMFORTH, 1982). Entretanto, é consenso que a cevada malteira deve apresentar teores baixos de  $\beta$ -glucanas (AASTRUP & ERDAL, 1980; GALLANT et al., 1991; BRENNAN et al., 1996).

Sabe-se que  $\beta$ -glucanas são altamente influenciadas pelo fator genético (POWELL et al., 1985; HENRY, 1986; MOLINA-CANO et al., 1997; OGUSHI et al., 2002b) mesmo que outros trabalhos considerem o efeito ambiental sobre essa variável (NARASIMHALU et al., 1995; FASTNAUGHT et al., 1996; ZHANG et al., 2001; YALÇIN et al., 2007).

Cevadas malteiras são obtidas com baixo nível de  $\beta$ -glucanas e, como tal, geralmente esse fator não é um problema na maltagem. Todavia, os problemas ocorrem quando as variedades têm nível elevado, por causa das influências ambientais ou há uma expressão muito baixa de  $\beta$ -glucanase, a enzima responsável pela degradação das  $\beta$ -glucanas (FOX, 1998).

#### **4.12.4 Índice de Kolbach**

O índice de Kolbach é importante para informar a modificação da proteína e é fornecido pela relação entre o nitrogênio solúvel e o nitrogênio total, estando relacionado com a solubilização proteica do malte (EUROPEAN BREWERY CONVENTION, 1997). Notifica o nível de modificação das proteínas (decomposição) que ocorreu durante o processo de maltagem (FOX, 2008). Brasil (1977) prescreve um valor máximo de 45, tanto para variedades dísticas como hexásticas, embora valores entre 39 e 45,9, como os indicados pelo

“*Malting and Brewing Industry Barley Technical Committee*” (MBIBTC) são aceitos em função do tipo de cerveja a ser produzida e do tipo de adjunto utilizado (FOX, 2008). Esse índice sofre interferências do ambiente, do processo de trituração, de maltagem e da mosturação, influenciando nas propriedades da espuma (FOX, 2009).

#### **4.12.5 Nitrogênio Solúvel**

O índice Nitrogênio Solúvel também está relacionado com a solubilização proteica do malte (EUROPEAN BREWERY CONVENTION, 1997). Durante a mosturação, a porção solúvel de nitrogênio é desmembrada. Quanto maior a atividade das enzimas proteolíticas durante a malteação, maior será o valor do nitrogênio solúvel (FERRARI, 2010<sup>2</sup>). Brasil (1977) expressa valores de 510 mg 100g<sup>-1</sup> a 960 mg 100g<sup>-1</sup>, sendo o valor de 690 mg 100g<sup>-1</sup>, tido como ideal.

Passarella et al. (2003) afirmaram que a quantidade de nitrogênio solúvel no mosto é importante para a sustentação do crescimento das leveduras e para o metabolismo. Entretanto, elevado índice de nitrogênio solúvel promove um efeito negativo na estabilidade físico-química da cerveja.

#### **4.12.6 Índice de Hartong**

O índice de Hartong VZ (45 °C) avalia a atividade enzimática, exceção feita às  $\alpha$ -amilases e à solubilização proteica do malte. Outra função atribuída é de informar sobre o trabalho de molhamento e moagem (FERRARI, 2010<sup>2</sup>). Brasil (1977) indica, tanto para material de duas como de seis fileiras de grãos, um valor de no mínimo 38, para malte Pilsen. Alto índice Hartong reflete uma boa modificação do malte (FUKUDA et al., 1999). Amabile et al. (2008) obtiveram para a cultivar BRS Deméter um índice de Hartong altivo. Silva et al. (2000) registraram, nas condições irrigadas do Cerrado, valores elevados para a cultivar hexástica BRS 180, porém estes variaram de acordo com o micromalteio realizado. Valores elevados de Hartong podem ser explicados pelo estágio de modificação do malte, pelo processo de malteação usado ou, ainda, parcialmente elucidado pelo maior nível da degradação do amido, em conjugação com a maior termoestabilidade da  $\beta$ -amilase, conforme Ogushi (2002a) e pela variedade de cevada da qual o malte foi produzido (E-MALT.COM, 2012).

---

<sup>2</sup> Ferrari, R., Ibid.

#### 4.12.7 Viscosidade

A viscosidade é uma característica importante que tem impacto sobre a qualidade da cerveja (FOX, 2008), intervindo na taxa de filtração em várias partes do processo. A determinação da viscosidade do mosto é utilizada como mais uma fonte de informação na avaliação do grau de dissolução citolítica do malte. É controlada grandemente pelo nível de degradação das celulosas, hemicelulosas e demais substâncias viscosas presentes nas paredes celulares dos grãos, uma vez que esses polissacarídeos podem conter elevado peso molecular e extrema assimetria (FOX, 2009). Os principais polissacarídeos que influenciam a viscosidade são as  $\beta$ -glucanas e um polissacarídeo não amídico solúvel denominado arabinoxilano. Altos valores de  $\beta$ -glucanas podem aumentar os índices da viscosidade (AASTRUP, 1979; MATHER et al., 1997). No malte, o fato de arabinoxilanos não poderem ser degradados suficientemente faz com que a viscosidade do mosto seja alta (COOTE & KIRSOP, 1976; SADOSKY & SCHWARZ, 2002). Henry (1986) apontou que os teores de ambos os polissacarídeos são influenciados tanto pela variedade como pelo ambiente. Todavia, Ogushi et al. (2002b) afirmaram que a viscosidade é mais fortemente influenciada por componentes genéticos do que por efeitos ambientais. Elevados valores da viscosidade podem estar relacionados ao alto teor proteico nos grãos conforme afirmação de Mather et al. (1997). Bhatti & Rosnagel (1998) atestaram que as proteínas podem sofrer desnaturação ou se complexar com o amido e/ou com as  $\beta$ -glucanas, contribuindo assim para o aumento da viscosidade.

Uma germinação e mosturação eficientes são determinantes para que a viscosidade seja adequada (FOX, 2009). Em geral, viscosidade alta causa maior tempo de clarificação e dificuldades de filtração, enquanto viscosidade baixa dificulta a dissolução de gás carbônico (FERRARI, 2010<sup>2</sup>). Brasil (1977) ordena que 1,60 mPa.s deve ser o teor máximo de viscosidade.

#### 4.12.8 Friabilidade

A friabilidade é uma medida de modificação da parede celular do endosperma do grão de malte (OGUSHI et al., 2002b). Sua determinação física é de significativa importância, pois dela podem se estabelecer conclusões sobre: (i) viscosidade: quanto maior a friabilidade, mais baixa será a viscosidade; (ii) filtrabilidade: quanto maior a friabilidade, mais rápida será a filtrabilidade do mosto; (iii) homogeneidade do malte: quanto maior a friabilidade, mais

---

<sup>2</sup> Ferrari, R., Ibid.

homogêneo é o malte; e (iv) casca: quanto maior a friabilidade, mais elástica será a casca (FERRARI, 2010<sup>2</sup>). Maltes mal modificados acarretam grande quantidade de material não friável (BATHGATE & PALMER, 1973; BRENNAN et al., 1996). Sadosky & Schwarz (2002) indicaram os efeitos equivalentemente importantes da arabinosilanos sobre a filtrabilidade, o mesmo que ocorre com a viscosidade.

O comitê australiano MBIBTC (FOX, 2008) e o E-MALT.COM (2012) assinalam um valor de 70% de friabilidade para que o malte seja considerado bom. Em estudos no Cerrado sob irrigação Amabile et al. (2007d) revelaram a influência ambiental sobre essa característica, o mesmo verificado por Ogushi et al. (2002b).

#### 4.12.9 Cor após fervura

O indicador de qualidade cor após fervura está diretamente relacionado com a cor do produto final. A formação da cor do mosto é dependente das temperaturas de secagem e torrefação do malte, quanto menor a temperatura, mais claro será o mosto. Os aminoácidos e os açúcares presentes no mosto, sob efeito da temperatura, transformam-se em compostos melanoidínicos cuja intensidade caracteriza a cor final (FERRARI, 2010<sup>2</sup>). Brasil (1977) fornece uma ampla variação da cor, em função do tipo de malte, sendo que, para o malte pilsen o valor máximo permitido é de 6,0. Atualmente, existe a tendência de obter baixos níveis de cor, para atender a demanda expressa da indústria malteira (SPIEL, 2010). Contudo, as cervejarias aceitam uma cor de cocção entre uma faixa de 6,0 a 7,5, para o malte pilsen (REINOLD, 1995). Silva et al. (2000), analisando o malte produzido sob condições irrigadas do Cerrado, descreveram valores, em duas malteações diferentes, acima de 6,0. Semelhante resultado foi encontrado para a cultivar BRS Deméter por Amabile (2008). Elevados valores da cor (EBC) são por vezes desejados, considerando outros maltes além do pilsen (CASTLE MALTING, 2010; CRYER MALT, 2010).

---

<sup>2</sup> Ferrari, R., Ibid.

## **5. OBJETIVO GERAL**

Gerar informações moleculares, morfoagronômicas e de qualidade de grãos de genótipos elite de cevada irrigada visando explorar mais eficientemente a variabilidade genética existente e facilitar o desenvolvimento de variedades mais produtivas e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas sob irrigação no Cerrado.

## **6. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

1) Caracterizar a variabilidade genética de acessos da coleção de trabalho de cevada, utilizando marcadores moleculares RAPD;

2) Determinar a variabilidade genética e caracterizar os acessos de cevada com base em características relacionadas à qualidade de grãos;

3) Analisar a variabilidade genética e caracterizar os acessos de cevada com base em características morfoagronômicas;

4) Estimar parâmetros genéticos e caracterizar o desempenho agrônômico de acessos de cevada irrigada no Cerrado;

5) Analisar de forma conjunta e complementar a variabilidade genética dos acessos de cevada para subsidiar a seleção de genótipos e a geração de informações para seleção de genitores e aumento da eficiência do programa de melhoramento da cevada irrigada no Cerrado.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AASTRUP, S. The relationship between the viscosity of an acid flour extract of barley and its  $\beta$ -glucan content. **Carlberg Research Communications**, v. 44, p. 289-304, 1979.
- AASTRUP, S.; ERDAL, K. Quantitative determination of endosperm modification and its relationship to the content of 1,3:1,4- $\beta$ -glucans during malting of barley. **Carlsberg Research Communication**, n. 45, p. 369-379, 1980.
- ABDEL-GHANI, A. H.; PARZIES, H. K.; OMARY, A.; GEIGER, H. H. Estimating the outcrossing rate of barley landraces and wild barley populations collected from ecologically different regions of Jordan. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 109, 2004, p. 588-595.
- ABDELLAOUI, R.; KADRI, K.; NACEUR, M. B.; KAAB, L. B. B. Genetic diversity in some tunisian barley landraces based on RAPD markers. **Pakistan Journal of Botany**, v. 42, n. 6, p. 3775-3782, 2010.
- ABDELLAOUI, R.; M'HAMED, C. H.; NACEUR, B.; BETTAIEB-KAAB, L.; BEN HAMIDA, J. Morpho-physiological and molecular characterization of some tunisian barley ecotypes. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 261-268, 2007.
- ABEBE, T. D.; BAUER, A. M.; LÉON, J. Morphological diversity of ethiopian barleys (*Hordeum vulgare* L.) in relation to geographic regions and altitudes. **Hereditas**, v. 147, p. 154-164, 2010.
- ADÁMOLI, J.; MACEDO, J.; AZEVEDO, L. G.; NETTO, J. M. Caracterização da região dos Cerrados. In: GOEDERT, W. J. (Ed.). **Solos dos Cerrados: tecnologias e estratégias de manejo**. Planaltina, DF: EMBRAPA - CPAC; São Paulo: NOBEL, 1987. p. 33-98.
- AHMAD, Z.; AJMAL, S. U.; MUNIR, M.; ZUBAIR, M.; MASOOD, M. S. Genetic diversity for morpho-genetic traits in barley germplasm. **Pakistan Journal of Botany**, v. 40, n. 3, 1217-1224, 2008.
- ALAM, A. K. M. M.; BEGUM, M.; CHAUDHURY, M. J. A.; NAHER, N.; GOMES, R. D<sup>2</sup> analysis in early maturity hull-less barley (*Hordeum vulgare* L.). **International Journal of Sustainable Crop Production**, v. 2, n. 1, p. 15-17, 2007.
- ALLARD, R. W. **Principies of plant breeding**. 2nd. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254 p.
- AL-TABBAL, J. A.; AL-FRAIHAT, A. H. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. **Journal of Agricultural Science**, v. 4, n. 3, p. 193-210, 2012.
- AL-YASSIN, A.; GRANDO, S.; KAFAWIN, O.; TELL, A.; CECCARELLI, S. Heritability estimates in contrasting environments as influenced by the adaptation level of barley germplasm. **Annals of Applied Biology**, v. 147, p. 235-244, 2005.
- AMABILE, R. F. Cevada: um exemplo de cultura alternativa para o sistema irrigado do Cerrado. In: FALEIRO, G. F.; SOUSA, E. dos S. de (Ed.). **Pesquisa, desenvolvimento e inovação para o Cerrado**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, p. 69-72, 2007.



AMABILE, R. F.; AQUINO, F. G.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; FERRARI, R.; CIULLA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FERNANDES, F. D. Qualidade industrial do malte proveniente de genótipos de cevada cervejeira cultivados sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, p. 430-442, 2007c. (Embrapa Trigo. Documentos, 76).

AMABILE, R. F.; ARAÚJO, D. S.; FERNANDES, F. D.; INÁCIO, Á. Á. do N.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; GUERRA, A. F.; RAMOS, M. L. G. Efeito das doses de nitrogênio, via fertirrigação, na produção e qualidade de cevada malteira. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009a. 1 CD Rom.

AMABILE, R. F.; BARCELLOS, A. de O. Produção Agropecuária e Florestal: demandas para a pesquisa. In: FALEIRO, F. G.; NETO, A. L. F. (Ed.). **Savanas: demandas para pesquisa**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. p. 53-67.

AMABILE, R. F.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; MINELLA, E.; SERRA, D. D.; ALBUQUERQUE, P. I. de. Introdução e avaliação preliminar de genótipos de cevada no Distrito Federal. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 21., 2001, Guarapuava. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2001. v. 1, p. 375-386.

AMABILE, R. F.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B.; MINELLA, E.; SERRA, D. D. Comportamento de linhagens e cultivares de cevada cervejeira de duas fileiras de grãos irrigada no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 22., 2002, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002b. v. 1, p. 178-186.

AMABILE, R. F.; LOPES, F. G.; GOMES A. C.; FIDELIS, L. R. G. Quantificação de parâmetros agrônômicos da cevada cervejeira irrigada no Cerrado sob efeito de épocas de semeadura. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25., 2005, Guarapuava, PR. **Anais...** Guarapuava, PR: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, p. 162-166, 2005a.

AMABILE, R. F.; LOPES, F. G.; MINELLA, E.; GOMES, A. C.; VALENTE, C. M. W.; SOUZA, C. V. B. de.; PIMENTEL, A. do P. M. Estudo de épocas de semeadura na cevada cervejeira irrigada no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 23., 2003, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS. Embrapa Trigo, v. 1, n. 1, p. 149-157, 2003b.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E. Culturas irrigadas alternativas para o Cerrado: o caso da cevada cervejeira. In: SIMPÓSIO NACIONAL CERRADO, 9.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL SAVANAS TROPICAIS, 2., 2008, Brasília, DF. Desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais. **Anais...** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E. GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; ARAÚJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, Á. Á. do N.; GUERRA, A. F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação de introduções de linhagens de cevada industriais de coleções nacionais e internacionais, em sistema irrigado In: REUNIÃO

NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, p. 379-394, 2007b.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; INÁCIO, Á. Á. do N.; ARAUJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; CARVALHO, F. H. Qualidade fisiológica e sanitária da cultivar de cevada (*Hordeum vulgare* L.) cervejeira BRS 195 produzida em diferentes locais do estado de Goiás. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, p. 754-766, 2007d.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; LOPES, F. G.; FIDELIS, L. R. G.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; Gomes, A. C. Análise de linhagens de cevada dística sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25., 2005, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, p. 141-154, 2005b.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; SAYD, R. M.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Comportamento de genótipos de cevada em análise de VCU sob condição irrigada no Cerrado em 2010. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 28., 2011, Guarapuava, PR. **Anais...** Guarapuava, PR: FAPA, 2011. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007a. p. 263-268.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; PEREIRA, V. C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; BARBOSA, F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C.; NASCIMENTO, W. F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2008. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009c. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SERRA, D. D.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. Introdução e avaliação preliminar de genótipos de cevada irrigada no Distrito Federal. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 22., 2002, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2002a. v. 1, p. 168-177.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; YAMANATA, C.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; GOMES, A. C.; VALENTE, C. M. W.; LOPES, F. G.; SOUZA, C. V. B. de; PIMENTEL, A.

do P. M. Comportamento de linhagens e cultivares de cevada cervejeira de duas fileiras de grãos sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 23., 2003, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, p. 121-129, 2003a.

AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 3-6, 1999.

ANDRADE, J. M. V.; SANTOS, H. P. dos; SILVA, A. R. da. Ensaio nacional de cevada no Distrito Federal em 1976. In: REUNIÃO ANUAL CONUNTA DE PESQUISA DE TRIGO, 9., Londrina, PR, 1977. **Anais...** Mimeo. 3 p.

ARIAS, G. N. **Cevada, uma alternativa de inverno**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999. Comunicado Técnico Online, 11. Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_co11.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co11.htm)> Acesso em: 08 dez. 2011.

ARIAS, G. N. **Mejoramiento genético y producción de cebada cervecera en América del Sur**. Santiago: FAO, 1995. 157 p.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v. 41, p. 226-234, 1981.

ASPINAL, G. E.; CARPENTER, R. C. Structural investigations on the non-starch polysaacharides of oat bran. **Carbohydrate Polymers**, v. 4, n. 4, p. 271-282, 1984.

ASSAD, E. D. (Coord.). **Chuva nos cerrados: análise e espacialização**. [Planaltina, DF]: EMBRAPA-CPAC; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. 423 p. 247 mapas, 216 tabelas, 1 disquete 5 1/4".

AXCELL, B. Malt analysis: Prediction or predicament. **Technical Quarterly**, v. 35, n. 1, p. 28-30, 1998.

BABU, U. S.; JENKINS, M. Y.; MITCHELL, G. V. Effect of short-term feeding of barley oil extract containing naturally occurring tocotrienols on the immune response in rats. **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 669, p. 317-319, 1992.

BAIK, B. K.; ULLRICH S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.

BAKHT, J.; GHAFAR, M.; SHAFI, M.; KHAN, S.; LATIF, B. Determination of genetic diversity of different barley genotypes grown in Khyber Pakhtun Khwa province using RAPD markers. **Pakistan Journal of Botany**, v. 43, n. 5, p. 2491-2495, 2011.

BAMFORTH, C. W. Barley.  $\beta$ -glucans: Their role in malting and brewing. **Brewer Digest**, v. 3, p. 22-35, 1982.

BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151 p.

BARUA, U. M.; CHALMERS, K. J.; HACKETT, C. A.; THOMAS, W. T. B.; POWELL, W.; WAUGH, R. Identification of RAPD markers linked to a phynchosporium secalis resistance locus in barley using nearisogenic lines and bulked segregant analysis. **Heredity**, v. 71, p. 177-184, 1993.

- BATHGATE, G. N.; PALMER, G. H. The *in vivo* and *in vitro* degradation of barley and malt starch granules. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 79, p. 402-406, 1973.
- BAUM, B. R.; MECHANDA, S.; SOLEIMANI, V. Identification of Canadian six row barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars with primers derived from STSs obtained from RAPD diagnostic bands. **Seed Science and Technology**, v. 28, p. 445-466, 2000.
- BEIGUELMAN, B. **Curso prático de bioestatística**. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2002. 272 p.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. da; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, p. 279-286, 2006.
- BHATTY, R. S.  $\alpha$ -glucan and flour yield of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 314-315, 1999a.
- BHATTY, R. S. The potential of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 589-599, 1999b.
- BHATTY, R. S.; ROSSNAGEL, B. G. Comparison of pearled and unpearled canadian and japanese barleys. **Cereal Chemistry**, v. 75, n. 1, p. 15-21, 1998.
- BHUTTA, M. A.; IQBAL, J.; KHALIQ, I.; SADAQAT, H. A. Correlation and path coefficient analysis of some economic traits in six-rowed barley. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 1, p. 171-173, 1991.
- BHUTTA, W. M.; BARLEY, T. IBRAHIM, M. Path-coefficient analysis of some quantitative characters in husked barley. **Caderno de Pesquisa Série Biologia**, v. 17, n. 1, p. 65-70, 2005.
- BÍBLIA, N. T. Deuteronômio. Português. **Bíblia sagrada**. Versão de Antonio Pereira de Figueiredo. São Paulo: Ed. Das Américas, 1950. Cap. 8, vers. 8.
- BICHOŃSKI, A.; BUREK, J. Wartość browarna i plonowanie rodów jęczmienia ozimego ocenianych w latach 1989-1998. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 153-160, 2000a. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Bewaring quality and yielding of winter barley lines rated in the years 1989-1998.
- BICHOŃSKI, A.; BUREK, J. Zmienność i współzależność pomiędzy wybranymi cechami jakościowymi jęczmienia ozimego browarnego. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 161-166, 2000b. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Variability and interdependences between some qualitative traits of winter barley malting forms.
- BICHOŃSKI, A.; ŚMIAŁOWSKI, T. Relationships and correlations between brewery traits of the spring barley varieties. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 2. Disponível em: <<http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue2/food/art-06.html>, 2004.> Acesso em: 25 mar. 2011.
- BIOMA Cerrado: subsídios para estudos e ações. Goiânia: Universidade Católica de Goiás, Instituto do Trópico Subúmido, 1991. 16 p. (Contributions to the Savanna Study, 1).

- BISHOP, L. R. The Institute of Brewing Research Scheme: I. The prediction of extract. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 36, p. 421-434, 1930.
- BOCKELMAN, H. E.; VALKOUN, J. Barley germplasm conservation and resources. In: ULLRICH, S. E. (Ed.). **Barley: production, improvement, and uses**. Ames: Wiley-Blackwell, 2011. p. 144-159.
- BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2009. 625 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 525 p.
- BOTHMER, R. The wild species of *Hordeum*: relationships and potential for improvement of cultivated barley. In: SHEWRY, P. R. (Ed.). **Barley: genetics, molecular biology and biotechnology**. London-UK, CAB International. 1991. p. 3-18.
- BOTHMER, R. von.; JACOBSEN, N.; BADEN, C.; JØRGENSEN, R. B.; LINDELAURSEN, I. B. **An ecogeographical study of the genus *Hordeum***. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools, 7. 2nd. ed. - IPGRI, Rome, 1995, 127 p.
- BOTHMER, R. von.; JACOBSEN, N. Origin, taxonomy and related species. In: RASMUSSEN, D. (Ed.). **Barley - ASA Agronomy Monograph Barley**, n. 26, p. 19-56. 1985. American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, Soil science Society of America, Madison, WI.
- BOURNE, D. T.; WHEELER, R. E. Environmental and varietal differences in total  $\beta$ -glucan contents of barleys and the effectiveness of its breakdown under different malting conditions. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 90, p. 306-310, 1984.
- BOUZERZOUR, H.; DEKHILI, M. Heritabilities, gains from selection and genetic correlations for grain yield of barley grown in two contrasting environments. **Field Crops Research**, v. 41, p. 173-178, 1995.
- BRASIL, A. E.; ALVARENGA, S. M. Relevô. In: INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Geografia do Brasil: região Centro-Oeste**. Rio de Janeiro, 1989. v. 1, p. 53-72.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Decreto n. 2.314, de 04 de setembro de 1997. Regulamenta a Lei n. 8.918, de 14 de julho de 1994. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 05 set. 1997. Seção 1, p. 19549-19561.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 166, de 12 de abril de 1977. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 18 maio 1977. Seção 1, p. 5974.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de novembro de 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 25 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.
- BRENNAN, C. S.; AMOR, M. A.; HARRIS, N.; SMITH, D.; CANTRELL, I.; GRIGGS, D.; SHEWRY, P. R. Cultivar differences in modification patterns of protein and carbohydrate reserves during malting of barley. **Journal of Cereal Science**, v. 26, p. 83-93, 1997.

BRENNAN, C. S.; HARRIS, N.; SMITH, D.; SHEWRY, P. R. Structural differences in the mature endosperms of good and poor malting barley cultivars. **Journal of Cereal Science**, v. 24, n. 2, p. 171-177, 1996.

BREWBAKER, J. L. **Agricultural genetics**. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1964. 156 p.

BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE. **Quality factors in malting barley**. Disponível em: <<http://www.bmbri.ca/>>. Acesso em: 30 ago. 2011.

BRIGGS D. E. **Barley**. London: Chapman and Hall Ltd. 1978. 612 p.

BRS 195: primeira cultivar de cevada cervejeira de porte anão para o Cerrado em cultivo irrigado. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados; Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2006. 1 folder.

BULMAN, P.; ZARKADAS, C. G.; SMITH, D. L. Nitrogen fertilizer affects amino acid composition and quality of spring barley grain. **Crop Science**, v. 34, p. 1341-1346, 1994.

BURTON, R. A.; COLLINS, H. M.; FINCHER, G. B. The Role of Endosperm Cell Walls in Barley Malting Quality. In: ZHANG, G. P.; LI, C. D. (Ed). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Zhejiang: Zhejiang University Press: Springer, 2009. p. 190-292.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, É. S.; ANDRADE, D. F. de. Introdução à análise de agrupamentos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO de PROBABILIDADE e ESTATÍSTICA, 9., 1990, São Paulo. **Resumos...** São Paulo: Associação Brasileira de estatística, 1990. 105 p.

CANCI, P. C.; NDUULU, L. M.; DILL-MACKY, R.; MUEHLBAUER, G. J.; RASMUSSEN, D. C.; SMITH, K. P. Genetic relationship between kernel discolouration and grain protein concentration in barley. **Crop Science**, v. 43, 1671-1679, 2003.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 111-117, 2009.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142 p.

CASTLE MALTING. **Types of malt**. Disponível em: <<http://www.castlemalting.com/CastleMaltingOrders.asp?Command=Specifications&Language=English>>. Acesso em: 02 set. 2010.

CHALMERS, K. J.; BARUA, U. M.; HACKETT, C. A.; THOMAS, W. T. B.; WAUGH, R.; POWELL, W. Identification of RAPD markers linked to genetic factors controlling the milling energy requirement of barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, p. 314-320, 1993.

CHAND, N.; VISHWAKARMA, S. R.; VERMA, O. P.; KUMAR, M. Worth of genetic parameters to sort out new elite barley lines over heterogeneous environments. **Barley Genetics Newsletter**, v. 38, p. 10-13, 2008.

- CHAPMAN, S. R.; CARTER, L. P. **Crop production: principles and practices**. San Francisco, USA: Montana State University, 1976. 566 p.
- CHAVAN, J. K.; KADAM, S. S. Nutritional improvement of cereals by sprouting. **Critical Reviews in Food Science and Technology**, v. 28, n. 5, p. 401-437, 1989.
- CHEN, J.; DAI, F.; WEI, K.; ZHANG, G. Relationship between malt qualities and  $\beta$ -amylase activity and protein content as affected by timing of nitrogen fertilizer application. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 7, n. 1, p. 79-84, 2006.
- CIULCA, A.; CIULCA, S.; MADOSĂ, E.; MIHACEA, S.; PETOLESCU, C. RAPD analysis of genetic variation among some winter barley cultivars. **Romanian Biotechnological Letters**, v. 15, n. 1, Supplement, 2010.
- COCHRANE, T. T.; PORRAS, J. A.; HENÃO, M. del R. The relative tendency of the Cerrados to be affected by veranicos: a provisional assessment. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 6., Savanas, 1982. **Alimento e energia**. Planaltina, DF: EMBRAPA-CPAC, 1988. p. 229-242.
- COCKERHAM, C. C. Effects of linkage on the covariances between relatives. **Genetics**, v. 41, p. 138-141, 1956.
- COLLIGNON, A. M.; SYPE, H. V. de; FAVRE, J. M. Geographical variation in random amplified polymorphic DNA and quantitative traits in Norway spruce. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 32, p. 266-282, 2002.
- CONAB. **Análise de safras**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conabweb/download/indicadores/0206-balanca-importacao.pdf>>. Acesso em: 15 abr. 2012.
- COOTE, N.; KIRSOP, B. H. A haze consisting largely of pentosas. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 82, p. 34, 1976.
- CORRELL, R.; BUTLER, J.; SPOUNCER, L.; WRIGLEY, C. The relationship between grain-protein content of wheat and barley and temperatures during grain filling. **Australian Journal of Plant Physiology**, v. 21, p. 869-873, 1994.
- COVAS, G. Observaciones sobre la taxonomia de las cebadas cultivadas y formas relacionados. **IDIA - Informativo de Investigaciones Agrícolas**, v. 2, n. 24, p. 7, 1949.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2. 585 p.
- CRUZ, C. D. **Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas**. Piracicaba: ESALQ, 1987. 75 p.
- CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, SP. 1990.
- CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394 p.

- CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 1. 175 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2006. 585 p.
- CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOVSK, Y. R. Estudos sobre divergência genética: II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 183-190, 1994a.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S. P. Estudos sobre divergência genética: III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, v. 41, n. 234, p. 191-201, 1994b.
- CRYER MALT. Disponível em: <<http://www.cryermalt.co.nz/index.php?id=1>>. Acesso em: 03 set. 2010.
- DAKIR, E. L. H.; RUIZ, M. L.; GARCIA, P.; VEJA, M. P. Genetic variability evaluation in a Moroccan collection of barley, *Hordeum vulgare* L., by means of storage proteins and RAPDs. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 49, p. 619-631, 2002.
- DAVIS, J. C., 1986. **Statistics and Data Analysis in Geology**. 2. ed. New York: John Wiley and Sons, Inc. 646 p.
- DELOGU, G.; LORENZONI, C.; MAROCCO, A.; MARTINIELLO, P.; ODOARDI, M.; STANCA, A. M. A recurrent selection programme for grain yield in winter barley. **Euphytica**, v. 37, p. 105-110, 1988.
- DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço: os destinos das sociedades humanas**. 10. ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.
- DIAZ-PERALES, A.; LINACERO, R.; VÁZQUEZ, A. M. Analysis of genetic relationships among 22 European barley varieties base on two PCR markers. **Euphytica**, v. 129, p. 53-60, 2002.
- EAGLES, H. A.; BEDGGOOD, A. G. J.; PANOZZO, F.; MARTIN, P. J. Cultivar and environmental effects on malting quality in barley. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 46, p. 831-844, 1995.
- EITEN, G. Vegetação do Cerrado. In: PINTO, M. N. **Cerrado**. Brasília, DF: Universidade de Brasília, 1993. p. 17-73.
- E-MALT.COM, 2012. **Hartong 45°**. Disponível em: <<http://www.e-malt.com/>>. Acesso em: 30 mar. 2012.



EMBRAPA, Agência de Informação. **Bioma Cerrado**. 2011. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/Agencia16/AG01/Abertura.html>>. Acesso em: 11 dez. 2011.

EMBRAPA. Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados (Planaltina, DF). **Cevada se instala nos cerrados**. Planaltina: 1987. 2 p. (EMBRAPA-CPAC. Noticiário 176/87).

EMEBIRI, L. C.; MOODY, D. B.; HORSLEY, R.; PANOZZO, J. F.; READ, B. J. The genetic control of grain protein content variation in a double haploid population derived from a cross between Australian and North American two-rowed barley lines. **Journal of Cereal Science**, v. 41, p. 107-114, 2005.

EMEBIRI, L. C.; MOODY, D. B.; PANOZZO, J. F.; READ, B. J. Mapping of QTL for malting quality attributes in barley based on a cross of parents with low grain protein concentration. **Field Crops Research**, v. 87, p. 195-205, 2004.

ESHGHI, R.; AKHUNDOVA, E. Inheritance of some important agronomic traits in hullless barley. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 12, p. 73-76, 2010.

ETICHA, F.; GRAUSGRUBER, H.; BERGHOFFER, E. Multivariate analysis of agronomic and quality traits of hull-less spring barley (*Hordeum vulgare* L.). **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 2, n. 5, p. 81-95, 2010.

ETOKAKPAN, O. U. Enzymic degradation and nature of the endosperm cell walls of germinating sorghums and barley. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 61, p. 389-393, 1993.

EUROPEAN BREWERY CONVENTION ANALYTICA - EBC. **Nurnberg**: verlang hans carl, getränke – fachverlag, Germany, 1997.

EVANS, D. E.; DAMBERGS, R.; RATKOWSKY, D.; LI, C.; HARASYMOW, S.; ROUMELIOTIS, S.; EGLINTON, J. K. Refining the prediction of potential malt fermentability by including an assessment of limit dextrinase thermostability and additional measures of malt modification, using two different methods for multivariate model development. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 116, n. 1, p. 86-96, 2010.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FALEIRO, F. G. **Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal**. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JÚNIOR, F. B. (Ed.). Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. p. 55-118.

FALEIRO, F. G.; GAMA, L. C.; FARIAS NETO, A. L. de F.; SOUSA, E. dos S. de. O Simpósio Nacional sobre o Cerrado e o Simpósio Internacional sobre Savanas Tropicais. In: FALEIRO, F. G.; NETO, A. L. F. (Ed.). **Savanas**: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. p. 32-46.

FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; PEIXOTO, J. R. Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro: desafios da pesquisa. In: FALEIRO, F. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F. (Ed.). **Maracujá: germoplasma e melhoramento genético**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2005. p. 187-209.

FALEIRO, F. G.; **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jun. 2012.

FASTNAUGHT, C. E.; BERGLUND, P. T.; HOLM, E. T.; FOX, G. J. Genetic and environmental variation in  $\beta$ -glucan content and quality parameters of barley for food. **Crop Science**, v. 36, p. 941-946, 1996.

FELÍCIO, J. C.; CAMARGO, C. E. de O.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; BORTOLETTO, N.; GALLO, P. B.; FERREIRA FILHO, A. W. P. Avaliação de genótipos de triticale e trigo em ambientes favoráveis e desfavoráveis no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 64, n. 3, p. 377-387, 2005.

FERNANDES, L. R.; XISTO, M. D.; PENNA, M. G.; MATOSINHOS, I. M.; LEAL, M. C.; PORTUGAL, L. R.; LEITE, J. I. A. Efeito da goma guar parcialmente hidrolisada no metabolismo de lipídeos e na aterogênese de camundongos. **Revista de Nutrição**, v. 19, n. 5, p. 563-571, 2006.

FERREIRA, D. E. Análise de variância multivariada. In: FERREIRA, D. E. (Ed.). **Estatística multivariada**. Lavras: UFLA, 2008. 662 p.

FERREIRA, M. E.; FALEIRO, F. G. Biotecnologia: avanços e aplicações no melhoramento genético vegetal. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. p. 765-792.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília: Embrapa-Cenargen, 1996. 220 p. (Embrapa-Cenargen. Documentos, 20).

FERREIRA, M. E.; MRETZSOHN, M. C.; BUSO, G. S. C. Fundamentos da caracterização molecular de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 377-420.

FOSTER, A. E.; PETERSON, G. A.; BANASIK, O. J. Heritability of factors affecting malting quality of barley, *Hordeum vulgare* L. **Crop Science**, v. 7, p. 611-613, 1967.

FOX, G. P.; KELLY, A. M.; CAKIR, M.; BLOUSTEIN, G.; POULSEN, D. M. E.; INKERMAN, P. A.; HENRY, R. J. Genetic impacts of the hull on barley grain quality. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 112, n. 2, p. 101-107, 2006.

FOX, G. P.; PANOZZO, J. F.; LI, C. D.; LANCE, R. C. M.; INKERMAN, P. A.; HENRY, R. J. Molecular basis of barley quality. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 54, p. 1081-1101, 2003.

- FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. 2008. 179 f. PhD thesis. Southern Cross University. Lismore, Australia, 2008.
- FOX, G. P. Chemical composition in barley grains and malt quality. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 63-98.
- FRANKEL, O. H.; BENNETT, E. Genetic resources: introduction. In: FRANKEL, O. H.; BENNETT, E. (Ed.). **Genetic resources in plants: their exploration and conservation**. Oxford, Blackwell, 1970. p. 7-17.
- FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D. Plant genetic resources today: a critical appraisal; In: HOLDEN, J. H. W.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **Crop genetic resources: conservation and evaluation**. London: George Allen & Unwin Ltd. 1984. p. 249-257.
- FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. E. Conservation and evolution. Cambridge: Cambridge University Press, 1981. 327 p.
- FREY, K. J. Inheritance and heritability of heading date in barley. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 226-228, 1954.
- FUKUDA, K.; SAITO, W.; ARAI, S.; AIDA, Y. Production of a novel proanthocyanidin-free barley line with high quality. **Production of a Novel Proanthocyanidin-free Barley Line**, v. 105, n. 3, p. 179-183, 1999.
- GALLANT, D. J.; MONREDON, F. de; BOUCHET, B.; TACON, P.; DELORT-LAVAL, J. Cytochemical study of intact and processed barley grain: *options méditerranéennes – série séminaires*. **New Trends in Barley Quality for Malting and Feeding**, n. 20, p. 31-34, 1991.
- GENÇ, H.; OZDEMIR, M.; DEMIRBAS, A. Analysis of mixed-linked (1-3), (1-4)-B-D-glucans in cereals grains from Turkey. **Food Chemistry**, v. 73, n. 2, p. 221-224, 2001.
- GILES, R. J. The frequency of natural cross-fertilisation in sequential sowings of winter barley. **Euphytica**, v. 43, 1989, p. 125-134.
- GOBLIRSCH, C. A.; HORSLEY, R. D.; SCHWARZ, P. B. A strategy to breed low-protein barley with acceptable kernel color. **Crop Science**, v. 36, p. 41-44, 1996.
- GRAFIUS, J. E.; NELSON, W. L.; DIRKS, V. A. The heritability of yield in barley as measured by early generation hulked progenies. **Agronomy Journal**, v. 44, p. 253-257, 1952.
- GRAUSGRUBER, H.; BOINTNER, H.; TUMPOLD, R.; RUCKENBAUER, P. Genetic improvement of agronomic and qualitative traits of spring barley. **Plant Breeding**, v. 121, p. 411-416, 2002.
- GUASMI, F.; ELFALLEH, W.; HANNACHI, H.; FÈRES, K.; TOUIL, L.; MARZOUGUI, N.; TRIKI, T.; FERCHICHI, A. The use of ISSR and RAPD markers for genetic diversity among South Tunisian barley. **International Scholarly Research Network Agronomy**, v. 2012, 2012. Disponível em: <<http://www.isrn.com/journals/agronomy/2012/952196/>>. Acesso em: 22 fev. 2012.

GUERRA, A. F. Tensão de água no solo: efeito sobre a produtividade e qualidade dos grãos de cevada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 245-254, 1995.

GUT, M.; BICHOŃSKI, A.; WĘGRZYN, S. Heritability, variation and relationship between frost resistance of winter barley and some of its characters. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 1, 2004. Disponível em: <http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue1/agronomy/art-02.html>, 2004. Acesso em: 02 mai. 2011.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 1981. 468 p.

HANSON, W. D. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for n-generations. **Genetics**, v. 44, n. 5, p. 839-846, 1959.

HARIDASAN, H. Solos do Distrito Federal. In: PINTO, M. N. (Ed.). **Cerrado**. 2. ed. Brasília, DF: Universidade de Brasília, 1993. p. 321-44.

HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: **Barley: origin, botany, culture, winterhardiness, genetics, utilization and pests**. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbookn 338. p. 9-31.

HAYES, P. M.; LIU, B. H.; KNAPP, S. J.; CHEN, F.; JONES, B.; BLAKE, T.; FRANCKOWIAK, J.; RASMUSSEN, D.; SORELLS, M.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D.; KLEINHOF, A. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 1, p. 392-401, 1993.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HENRY, R. J. Genetic and Environmental Variation in the Pentosan and  $\beta$ -glucan Contents of Barley, and Their Relation to Malting Quality. **Journal Cereal Science**, v. 4, n. 3, 269-277, 1986.

HORSLEY, R. D.; SCHWARZ P. B.; HAMMOND, J. J. Genetic diversity in malt quality of North American six-rowed spring barley. **Crop Science**, v. 35, n. 1, p. 113-118, 1995.

HOSENEY, R. C. **Principles of cereal science and technology**. 2nd. ed. St Paul: American Association of Cereal Chemists, 1994. 378 p.

HOU, Y. C.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity in barley from west China based on RAPD and ISSR analysis. **Barley Genetics Newsletter**, v. 35, p. 9-22, 2005.

HULLI, D. M. Molecular versus morphological approaches to systematics. **Annual Review Ecology and Systematics**, v. 18, p. 23-42, 1987.

IBAMA, 2011. **Ecossistemas brasileiros. Cerrado**. Disponível em: <http://www.ibama.gov.br/ecossistemas/cerrado.htm>. Acesso em: 02 fev. 2011.

IBGE, 2004. **Mapa de biomas do Brasil**: primeira aproximação. Rio de Janeiro: IBGE, 2004. Escala 1: 5.000.000. Disponível em: <http://mapas.ibge.gov.br/biomas2/viewer.htm>. Acesso em: 02 fev. 2009.

IGARTUA, E.; GRACIA, M. P.; LASA, J. M.; MEDINA, B.; MOLINA-CANO, J. L.; MONTOYA, J. L.; ROMAGOSA, I. The Spanish barley core collection. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 45, p. 475-481, 1998.

INDICADORES DA AGROPECUÁRIA. Brasília: CONAB, v. 21, n. 02, fev. 2012. p. 64. Disponível em: [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_02\\_24\\_17\\_45\\_12\\_ia-\\_fev12.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_02_24_17_45_12_ia-_fev12.pdf). Acesso em: 28 fev. 2012.

JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. **Biometrics**, v. 39, n. 2, p. 465-477, 1983.

JALATA, Z.; AYANA, A.; ZELEKE, R. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 5, n. 1, p. 44-52, 2011.

JARADAT, A. A.; SHAHID, M.; AL-MASKRI, A. Y. Biomass production potential in the Batini barley landrace from Oman. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, v. 3, n. 2, p. 249-253, 2005.

JIN, X.; CAI, S.; HAN, Y.; WANG, J.; WEI, K.; ZHANG, G. Genetic variants of HvGlb1 in Tibetan annual wild barley and cultivated barley and their correlation with malt quality. **Journal of Cereal Science**, v. 53, n. 1, p. 59-64, 2011.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy Journal**, v. 47, n. 10, p. 477-483, 1955.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1982. 594 p.

KACZMAREK, J.; ADAMSKI, T.; SURMA, M.; JEŻOWSKI, S.; LEŚNIEWSKA-FRITCZAK, M. Genotype-environment interaction of barley double haploids with regard to malting quality. **Plant Breeding**, v. 118, p. 243-247, 1999.

KACZMAREK, Z.; SURMA, M.; ADAMSKI, T.; JEŻOWSKI, S.; MADAJEWSKI, R.; KRYSTKOWIAK, K.; KUCZYŃSKA, A. Interaction of gene effects with environments for malting quality of barley doubled haploids. **Journal of Applied Genetics**, v. 43, n. 1, p. 33-42, 2002.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. Genetic diversity in barley genetic diversity in local Tunisian barley based on RAPD and SSR analysis. **Biological Diversity and Conservation** 2/1. p. 27-35, 2009.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. M.; M'BAREK, B. N. RAPD markers and morpho-physiological characterization of some Tunisian Barley ecotypes. **Biological Diversity and Conservation**, v. 3/2, p. 1-11, 2010.

- KARP, A.; SEBERG, O.; BUIATTI, M. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. **Annals of Botany**, v. 7, p. 143-149, 1996.
- KER, J. C.; PEREIRA, N. R.; CARVALHO JÚNIOR, W. de; CARVALHO FILHO, A. de. Cerrado: solos, aptidão e potencialidade agrícola. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO E CONSERVAÇÃO DO SOLO NO CERRADO, Goiânia, 1992. **Anais...** Campinas: Fundação Cargill, 1992. p. 1-31. Coord. por C. V. Costa e L. C. V. Borges.
- KHALIQ, I.; PARVEEN, N.; CHOWDHRY, M. A. Correlation and path coefficient analyses in bread wheat. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 6, n. 4, p. 633-635, 2004.
- KNÜPFER, H.; HINTUM, Th. J. L. van. Summarised diversity: the barley core collection. In: BOTHMER, R. von.; HINTUM, Th. J. L. van.; KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. Amsterdam: Elsevier, 2003. p. 259-267.
- KNÜPFER, H.; HINTUM, Th. J. L. van. The Barley core collection: an international effort. In: HODGKIN, T.; BROWN, A. H. D.; HINTUM, Th. J. L. van.; MORALES, E. A. V. MORALES (Ed.). **Core collections of plant genetic resources**. Wiley: Chichester, 1995. p. 171-178.
- KOLE, P. C. Variability, correlation and regression analysis in third somaclonal generation of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 44-47, 2006.
- KOWALSKA, M.; BICHOŃSKI, A.; BUREK, J. Wartość zagranicznych odmian jęczmienia browarnego w warunkach Polski w porównaniu z odmianami i rodami hodowli krajowej. **Biul. IHAR**, n. 214, p. 115-127, 2000. Título e texto em polonês. Título equivalente: Quality of foreign cultivars and lines of spring barley in conditions of Poland in comparison with home-bread cultivars.
- KROTH, M. A.; RAMELLA, M. S.; TAGLIARI, C.; FRANCISCO, A. Genetic similarity of brazilian hull-less and malting barley varieties evaluated by RAPD markers. **Scientia Agricola**, v. 62, n. 1, p. 36-39, 2005.
- KUCZYŃSKA, A.; MILCZARSKI, P.; SURMA, M.; MASOJÆ, P.; ADAMSKI, T. Genetic diversity among cultivars of spring barley revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD). **Journal of Applied Genetics**, v. 42, n. 1, p. 43-48, 2001.
- KUCZYŃSKA, A.; SURMA, M.; KACZMAREK, Z.; ADAMSKI, T. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the frequency of transgression effects in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Plant Breeding**, v. 126, p. 361-368, 2007.
- KUMAR, S.; PRASAD, L. C. Variability and correlation studies in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Research on Crops**, v. 3, n. 2, p. 432-436, 2002.
- LANDIM, P. M. B. **Geologia Quantitativa**: Introdução à análise estatística de dados geológicos multivariados. Rio Claro - SP, 2001. (Livro em CD ROM).
- LAPITAN, N. L. V.; HESS, A.; COOPER, B.; BOTHA, A. M.; BADILLO, D.; IYER, H.; MENERT, J.; CLOSE, T.; WRIGHT, L.; HANNING, G.; TAHIR, M.; LAWRENCE, C. Differentially expressed genes during malting and correlation with malting quality phenotypes

- in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 118, p. 937-952, 2009.
- LASA, J. M.; IGARTUA, E.; CIUDAD, F. J.; CODESAL, P.; GARCIA, E. V.; GRACIA, M. P.; MEDINA, B.; ROMAGOSA, I.; MOLINA-CANO, J. L.; MONTOYA, J. L. Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. **Hereditas**, v. 135, p. 217-225, 2001.
- LAWN, R. J.; WILLIAMS, J. H. Limits imposed by climatological factors. In: **FOOD LEGUME IMPROVEMENT FOR ASIAN FARMING SYSTEMS**, 1987, Camberra. **Proceedings**. Camberra: Australian Centre for International Agricultural Research, 1987. p. 38-98.
- LEFEBVRE, V.; GOFFINET, B.; CHAUVET, J. C.; CAROMEL, B.; SIGNORET, P.; BRAND, R.; PALLOIX, A. Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD, and phenotypic data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, n. 5, p. 741-750, 2001.
- LI, F.; GAN, S.; WENG, Q.; ZHAO, X.; HUANG, S.; LI, M.; CHENB, S.; WANG, Q.; SHI, F. RAPD and morphological diversity among four populations of the tropical tree species *Paramichelia baillonii* (Pierre) Hu in China. **Forest Ecology and Management**, v. 255, n. 5-6, p. 1793-1801, 2008.
- LIMA, J. E. F. W.; SANO, E. E.; SILVA, E. M. da; LOPES, T. S. S. Irrigação por pivô-central no Cerrado: levantamento da área irrigada elaborado com base na análise de imagens de satélite. **Revista ITEM - Irrigação e Tecnologia Moderna**, n. 83/84, p. 38-44, 2009.
- LINDEN, R. Técnicas de agrupamento. **Revista de Sistemas de Informação da FSMA**, n. 4, p. 18-36, 2009.
- LIU, B. H. **Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis**. Boca Raton: CRC Press, 1998. 611 p.
- LOPES, A. S. **Solos sob “Cerrado”**: características, propriedades e manejo. Piracicaba: Instituto da Potassa & Fosfato: Instituto Internacional da Potassa, 1983. 162 p.
- LU, M. Q.; O'BRIEN, L.; STUART, I. M. Environmental and genetic variation for grain yield and barley malting quality attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 50, p. 1425-1434, 1999.
- LUSH, J. L. Intra-sire correlations on regressions of offspring on dam as a method of estimating heritability of characteristics. **Journal of Animal Science**, p. 293-301, 1940.
- LUSK, L. T.; DUNCOMBE, G. R.; KAY, S. B.; NAVARRO, A.; RYDER, D. Barley, B-glucan and beer foam stability. **Journal of the American Society of Brewing Chemists**, v. 59, p. 183-186, 2001.
- MACEDO, J. Os solos da região dos Cerrados. In: ALVARES V. V. H.; FONTES, L. E. F.; FONTES, M. P. F. (Ed.). **O solo nos grandes domínios morfoclimáticos do Brasil e o desenvolvimento sustentado**. Viçosa: SBCS/UFV, 1996. p. 135-155.

- MACGREGOR, A. W. Malting and Brewing science: Challenges and opportunities. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 102, p. 97-102, 1996.
- MALAVOLTA, E.; KLIEMANN, H. J. **Desordens nutricionais no cerrado**. Piracicaba: POTAFOS, 1985. 136 p.
- MALHOTRA, N. K. **Pesquisa de Marketing**: uma orientação aplicada. 3. ed. Porto Alegre, Bookman, 720 p, 2001.
- MANJUNATHA, T.; BISHT, I. S.; BHAT, K. V.; SINGH, B. P. Genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) landraces from Uttaranchal Himalaya of India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, p. 55-65, 2007.
- MANLY, B. J. F. **Métodos estatísticos multivariados**: uma introdução. 3. ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229 p.
- MANNINEN, O. **Genetic mapping of traits important in barley breeding**. 2000. 53 f. Dissertation Academic. University of Helsinki. Division of Genetics. Department of Biosciences. Faculty of Science and Agricultural Research Centre of Finland. Plant Production Research, Crops and Soil, Jokioinen. Disponível em: <<http://ethesis.helsinki.fi/julkaisut/mat/bioti/vk/manninen/>>. Acesso em: 14 ago. 2011.
- MANZJUK, V. T.; BARSUKOV, P. N. Genetic studies of some quantitative characters of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 4, n. 2, p. 48-49, 1974. (Research notes.).
- MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 512 p.
- MARQUEZ-CEDILLO, L. A.; HAYES, P. M.; KLEINHOF, A.; LEGGE, W. G.; ROSSNAGEL, B. G.; SATO, K.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D. M. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American cultivars representing different germplasm groups. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 625-637, 2001.
- MATHER, D. E.; TINKER, N. A.; LABERGE, D. E.; EDNEY, M.; JONES, B. L.; ROSSNAGEL, B. G.; LEGGE, W. G.; BRIGGS, K. G.; IRVINE, R. B.; FALK, D. E.; KASHA, K. J. Regions of the genome that affect grain and malt quality in a North American two-row barley Cross. **Crop Science**, v. 37, p. 544-554, 1997.
- MATSUI, K.; MANO, Y.; TAKETA, S.; KAWADA, N.; KOMATSUDA, T. Molecular mapping of a fertility restoration locus (Rfm1) for cytoplasmic male sterility in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, p. 477-482, 2001.
- MATUS, A.; HAYES, P. M. Canadian access to full text made available through the Depository Services Program. **Genome**, v. 45, n. 6, p. 1095-1106, 2002.
- McWILLIAM, J. R.; DILLON, J. L. Food legume crop improvement: progress and constraints. In: FOOD LEGUME IMPROVEMENT FOR ASIAN FARMING SYSTEMS, 1987, Canberra. **Proceedings**. Canberra: Australian Centre for International Agricultural Research, 1987. p. 23-33.



MEI, L.; PING, J.; WANG, D.; ZHANG, Z.; LUO, S.; YANG, M.; QIAN, G. Malt genotypic screening of polymorphism information content (PIC) of SSR markers based on physiological traits in barley. **Molecular Biology**, v. 1, n. 1, p. 1-6, 2012.

MEYER, A. da S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. 106 p. Dissertação (Mestrado). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, SP. 2002.

MILACH, S. C. K. **Marcadores de DNA: aplicações no melhoramento de plantas**. Porto Alegre, 1998. 41 p.

MINELLA, E. **Cevada brasileira: situações e perspectivas**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999a. Comunicado Técnico Online, 23. Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_co23.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co23.htm)>. Acesso em: 10 ago. 2010.

MINELLA, E. Demanda em alta, produção em baixa. **A Granja**, n. 738. p. 43-45, jun/2010.

MINELLA, E. Melhoramento de cevada. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999b. p. 253-272.

MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI FILHO, E.; COSTAMILLAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A.; CHAVES, M. S.; SCAGLIUSI, S. M. M. BRS Manduri: nova opção varietal de cevada cervejeira para produção irrigada. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 28., 2011, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2011. 1 CD-ROM.

MINELLA, E.; AMABILE, R. F.; GOTTI, E.; LIMA, M. I. P. M.; COSTAMILAN, L. M.; EICHELBERGER, L.; NASCIMENTO JUNIOR, A. do; CHAVES, M. S.; BRAMMER, S. P. Cultivar de BRS Sampa. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2009. 1 CD-ROM.

MINELLA, E.; CIULLA, C.; OPPELT, D.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Safra brasileira de cevada: resultados 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. p. 102-105.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

MOLINA-CANO, J. L.; FRANCESCH, M.; PEREZ-VENDRELL, A. M.; RAMO, T.; VOLTAS, J.; BRUFAU, J. Genetic and environmental variation in malting and feed quality of barley. **Journal Cereal Science**, v. 25, n. 1, p. 37-47, 1997.

MONTEIRO, V. A. **Diversidade genética de acessos de cevada sob sistema de produção irrigado no Cerrado do planalto central brasileiro**. 2012. 136 p. Dissertação (Mestrado). Universidade de Brasília. Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária. Brasília, DF, 2012.

MOREAU, R. A. Barley Oil. Disponível em: <<http://wyndmoor.arserrc.gov/Page/D8200/8221-a.pdf>>. Acesso em: 11 dez. 2012.

- MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande: Embrapa-CNPA, 1994. 115 p.
- MULLIS, K.; FALOONA, F. Specific synthesis of DAN in vitro via polymerase catalysed chain reaction. **Methods Enzymology**, v. 55, p. 335-350. 1987.
- NADEL, D.; WEISS, E.; SIMCHONI, O.; TSATSKIN, A.; DANIN, A.; KISLEV, M. Stone age hut in Israel yields world's Oldest evidence of bedding. **Proceeding of the National Academy of Science**, v. 101, n. 17, p. 6821-6826, 2004.
- NADZIAK, J.; KUDŁA, M.; MALYSA, M. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Polskim Banku Genów. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 39-57, 1994. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Evaluation of winter barley cultivars collected in the polish gene bank.
- NARASIMHALU, P.; KONG, D.; CHOO, T. M.; FERGUSON, T.; THERRIEN, M. C.; HO, K. M.; MAY, K. W.; JUI, P. Effects of environment and cultivar on total mixed-linkage  $\beta$ -glucan content in Eastern and Western Canadian barleys (*Hordeum vulgare* L.). **Canadian Journal of Plant Science**, v. 75, p. 371-376, 1995.
- NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29-55.
- NAVARRO, C.; CAVERS, S.; PAPPINEN, A.; TIGERSTEDT, P.; LOWE, A.; MERILÄ J. Contrasting quantitative traits and neutral genetic markers for genetic resource assessment of Mesoamerican *Cedrela odorata*. **Silvae Genetica**, v. 54, p. 281-292, 2005.
- NAZARI, L.; PAKNIYAT, H. Genetic diversity of wild and cultivated barley genotypes under drought stress using RAPD. **Markers Biotechnology**, v. 7, p. 745-750. 2008.
- NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 76, p. 5269-5273, 1979.
- NEWMAN, C. W.; NEWMAN, R. K. A brief history of barley foods. **Cereal Foods World**, v. 51, n. 1, p. 4-7, 2006.
- N'GORAN, J. A. K.; LAURENT, V.; RISTERUCCI, A. M.; LANAUD, C. Comparative genetic diversity studies of *Theobroma cacao* L. using RFLP and RAPD markers. **Heredity**, v. 73, p. 589-597, 1994.
- NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro: IBGE, 1989. 422 p.
- OGUSHI, K.; BARR, A. R.; TAKAHASHI, S.; ASAKURA, T.; TAKOI, K.; ITO, K. Lofty nijo: A high quality malting barley variety released from an australian-japanese collaboration. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 108, n. 1, p. 13-18, 2002a.
- OGUSHI, K.; LIM, P.; BARR, A. R.; TAKAHASHI, S.; ASAKURA, T.; ITO, K. Japanese barley meets Australia: quality performance of malting barley grown in different countries. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 108, n. 3, p. 303-309, 2002b.

- OLSEN, O. A. Ultrastructure and genetics of the barley line hiproly. **Hereditas**, v. 77, p. 287-302, 1974.
- OSCARSSON, M.; ANDERSON, R.; SALOMONSSON, A. C.; AMAN, P. Chemical composition of barley samples focusing on dietary fiber components. **Journal of Cereal Science**, v. 24, p. 161-170, 1996.
- OSTER, A. E. Barley. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development: crop species**. New York: MacMillan Publishing Company, 1987. 761 p.
- PAKNIYAT, H.; NAMAYANDEH, A. Salt tolerance associations with RAPD markers in *Hordeum vulgare* L. and *H. spontaneum* C. Koch. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v. 10, n. 8, p. 1317-1320, 2007.
- PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; ABELEDO, L. G.; SLAFER, G. A. Malting quality as affected by barley breeding (1944–1998) in Argentina. **Euphytica**, v. 134, p. 161-167, 2003.
- PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; SLAFER, G. A. Breeding effects on sensitivity of barley grain weight and quality to events of high temperature during grain filling. **Euphytica**, v. 141, p. 41-48, 2005.
- PELLECHIA, T. **Wine: the 8,000-year-old story of the wine trade**. New York: Thunder's Mouth Press. 2006. 248 p.
- PIASSI, M.; SILVA, M. A.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. de A.; SOARES, P. R.; TORRES JÚNIOR, R. A. de A. Estudo da divergência genética entre oito grupos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 24, p. 715-727, 1995.
- PIEPHO, H. P.; WILLIAMS, E. R. A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, p. 1505-1515, 2006.
- POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. 4th. ed. Ames: Iowa State University, 1995. 473 p.
- POURMOHAMMAD, A.; MOGHADDAM, M.; KHOSROWSHAHLI, M.; MOHAMMADI, S. A.; YOUSEFI, A. Study of genetic diversity by RAPD markers and identification of informative markers for grain yield and its components in hulless barley genotypes. **Seed and Plant Improvement Journal**, v. 26, n. 2, p. 253-267, 2010.
- POWELL, W.; CALIAGARI, P. D. S.; SWANSTON, J. S.; JINKS, J. L. Genetic investigations into  $\beta$ -glucan content in barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 71, p. 461-466, 1985.
- PROENÇA, C.; OLIVEIRA, R. S.; SILVA, A. P. **Flores e frutos do cerrado**. Brasília, DF: UnB, 2002. 226 p.
- PSOTA, V.; HARTMANN, J.; SEJKOROVÁ, Š.; LOUČKOVÁ, T.; VEJRAŽKA, K. 50 years of progress in quality of malting barley grown in the Czech Republic. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 115, n. 4, p. 279-291, 2009.

PU, Z. E.; HOU, Y. C.; XU, X. X.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; LAN, X. J.; ZHENG, Y. L. genetic diversity among barley populations from West China based on RAMP and RAPD markers. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 111-119, 2009.

QI, J.; CHEN, J.; WANG, J.; WU, F.; CAO, L.; ZHANG, G. Protein and hordein fraction content in barley seeds as affected by sowing date and their relations to malting quality. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 6, n. 11, p. 1069-1075, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; SANTA CECÍLIA, F. C.; ANDRADE, M. A. de. Seleção de progênies no feijão "pintado" e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. **Ciência e Prática**, v. 3, p. 51-57, 1979.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMAN, M. J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações do melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RANA, M. K.; SINGH, V. P.; BHAT, K. V. Assessment of genetic diversity in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) breeding lines by using amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers and morphological characteristics. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, n. 8, p. 989-997, 2005.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 390 p. 1952.

RASMUSSEN, D. C. Learning about Barley Breeding. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium**: proceedings of an International Symposium. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 1-6.

RASMUSSEN, D. C.; PHILLIPS, R. L. Plant breeding progress and gene diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, v. 37, p. 303-310, 1997.

REGAZZI, A. J. INF 766 - **Análise multivariada**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 2001. 166 p. Apostila de disciplina.

REID, D. A.; WIEBE, G. A. Taxonomy, botany, classification, and world collection. In: **Barley**: origin, botany, culture, winterhardiness, genetics, utilization and pests. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbookn 338. p. 61-84.

REINOLD, M. R. **O processo de elaboração do mosto**. São Paulo: Aden, 1995. 47 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

- RESENDE, M.; CURI, N.; REZENDE, S. B. de; CORRÊA, G. F. **Pedologia**: base para distinção de ambientes. 4. ed. Viçosa, MG: NEPUT, 2002. 338 p.
- RIBEIRO, J. F.; WALTER, B. M. T. Fitofisionomias do Bioma Cerrado. In: SANO, S. M.; ALMEIDA, S. P. (Ed.). **Cerrado**: ambiente e flora. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 1998. p. 87-166.
- RIBOLDI, J. **Análise de agrupamento “cluster analysis” e suas aplicações**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1986. 33 p.
- ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latinoamericana**, v. 2, p. 23-38, 1965.
- ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963. p. 609-614.
- ROCHA, G. L. da. Introdução e seleção de leguminosas forrageiras tropicais. In: SEMINÁRIO SOBRE METODOLOGIA E PLANEJAMENTO DE PESQUISA COM LEGUMINOSAS TROPICAIS, 1970, Rio de Janeiro. **Anais...** Rio de Janeiro: IPEACS, 1971. p. 169-180.
- ROHLF, F. J.; WOOTEN, M. C. Evaluation of the restricted maximum-likelihood method for estimating phylogenetic trees using simulated allele-frequency data. **Evolution**, v. 42, n. 3, p. 581-595, 1988.
- ROSSETTI, M. L. R. A célula e seus constituintes moleculares. In: ZAHA, A.; FERREIRA, H. B.; PASSAGLIA, L. M. P. (Ed.). **Biologia molecular básica**. 3. ed. Porto Alegre. Mercado Aberto, 2003. p. 13-35.
- ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 91 p. Dissertação (Mestrado). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, SP. 2001.
- RUTGER, J. N.; SCHALLER, C. W.; DICKSON, A. D.; WILLIAMS, J. C. Variation and covariation in agronomic and malting quality characters in barley: I. heritability estimates. **Crop Science**, v. 6, p. 231-234, 1966.
- SADOSKY, P.; SCHWARZ, P. B. Effect of arabinoxylans, beta-glucans, and dextrans on the viscosity and membrane filterability of a beer model solution. **Journal of the American Society of Brewing Chemists**, v. 60, p. 153-162, 2002.
- SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, v. 10, n. 3, p. 265-272, 1986.
- SARKAR, B.; VERMA, R. P. S.; MISHRA, B. Genetic diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 68, n. 2, p. 163-170, 2008.
- SAVIN, R.; STONE, P. J.; NICOLAS, M. E.; WARDLAW, I. F. Grain growth and malting quality of barley 2: effects of temperature regime before heat stress. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 48, p. 625-634, 1997.

SAYD, R. M. **Estimação de parâmetros genéticos de características malteiras de cevada (*Hordeum vulgare* L.) irrigada no Cerrado**. 2011. 44 f. Monografia (Graduação). Universidade de Brasília / Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF.

SCARIOT, A.; SOUSA-SILVA, J. C.; FELFILI, J. M. (Org.). **Cerrado: ecologia, biodiversidade e conservação**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, 2005. 439 p.

SELBACH, A.; CAVALLI-MOLINA, S. RAPD characterization of brazilian barley (*Hordeum vulgare* ssp *vulgare*) varieties. **Euphytica**, v. 111, p. 127-135, 2000.

SETOTAW, T. A.; DIAS, L. A. dos S.; MISSIO, R. F. Genetic divergence among barley accessions from Ethiopia. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 116-123, 2010.

SHAKHATREH, Y.; HADDAD, N.; ALRABABAH, M.; GRANDO, S.; CECCARELLI, S. Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell.) accessions collected in Jordan. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, p. 131-146, 2010.

SHEKHAWAT, U. S.; PRAKASH, V.; SINGHANIA, D. L. Genetic divergence in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Agricultural Research**, v. 35, n. 2, p. 121-123, 2001.

SHELBOURNE, C. Genotype environment interaction: its study and its implications in forest tree improvement. In: IUFRO GENETIC SABRAO JOINT SYMPOSIA, 1972, Tokyo. **Proceedings**. Tokyo: [s.n.], 1972. p. 1-27.

SHOUFU, X.; WEN, F.; RUNSHENG, J. Correlation analysis of several quantitative characters of barley. **Barley Newsletter Genetic**, v. 27, 1996. Disponível em: <<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn/27/xfltxt.html>>. Acesso em: 02 mai. 2011.

SILVA, A. R.; ANDRADE, J. M. V. A cultura de cevada na estação seca com irrigação nos Cerrados do DF. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 4, n. 3, p. 305-316, 1985.

SILVA, C. L. **Fungos e micotoxinas em grãos armazenados**. Disponível em: <<http://www.agais.com/fungos.htm>>. Acesso em: 07 jun. 2008.

SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F.; MINELLA, E.; ARIAS, G. BRS 180: cevada cervejeira para cultivo irrigado no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1689-1694, 2000.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; SOUZA, V. Q.; CASTRO, C. M.; CARFALHO, F. I. F. C.; VIEIRA, E. A. Distâncias genéticas entre genótipos de batata a partir de dados morfológicos, moleculares e genealógicos. **Semina: Ciência Agrárias**, v. 30, s. 1, p. 983-992, 2009.

SIMPSON, M. J. A.; WITHERS, L. A. **Characterization of plant genetic resources using isozyme electrophoresis: a guide to the literature**. Rome: IBPGR, 1986. 102 p.

SIPAHI, H.; AKAR, T.; YILDIZ, M. A.; SAYIM, I. Determination of genetic variation and relationship in turkish barley cultivars by hordein and RAPD markers. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 15, n. 2, p. 108-113, 2010.

SKROCH, P.; TIVANG, J.; NIENHUIS, J. Analysis of genetic relationships using RAPD marker data. In: SYMPOSIUM ON APPLICATIONS OF RAPD TECHNOLOGY TO PLANT BREEDING, 1. 1992, Minneapolis. **Proceedings**. Minneapolis: Crop Science Society of America/American Society for Horticultural Science/American Genetic Association, 1992. p. 26-30.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, 2001.

SMITH, C. W. **Crop production**: evolution, history and tecnologia. Department of Soil & Crop Science. Texas A&M University. 1995. p. 174-219.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. 573 p.

SOKAL, R. R. Spatial data analysis and historical processes. In: DIDAY, E.; ESCOUFIER, Y.; LEBART, L.; PAGES, J.; SCHERKTMAN, Y.; TOMASSONE, R. (Ed.). **Data analysis and informatics IV**. Holland: Science Publishers, 1986. p. 29-43.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, p. 30-40, 1962.

SOLEIMANI, V. D.; BAUM, B. R.; JOHNSON, D. A. Genetic diversity among barley cultivars assessed by sequence-specific amplification polymorphism. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 110, n. 7, p. 1290-1300, 2005.

SOUSA, D. M. G. de; RITCHEY, K. D. Acidez do solo e sua correção. In: SIMPÓSIO SOBRE O CERRADO, 6., Savanas, 1982. **Alimento e energia**. Planaltina, DF: EMBRAPA-CPAC, 1988. p. 15-32.

SOUSA, T. C. R. de. Commodities Agrícolas e Valoração Socioambiental: demandas para a pesquisa. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Ed.). **Savanas**: demandas para pesquisa. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. p. 79-88.

SPIEL, G. **Current and future trends in barley quality requirements**. Disponível em: <[http://www.cdesign.com.au/proceedings\\_abts1999/papers/Gary\\_Spiel.pdf](http://www.cdesign.com.au/proceedings_abts1999/papers/Gary_Spiel.pdf)>. Acesso em: 28 ago. 2010.

STARLING, T. M. Barley. In: FEHR, W. R.; HADLEY, H. H. (Ed.). **Hybridization of crop plants**. Madison: American Society of Agronomy; Crop Science Society of America, 1980. p. 189-193.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 2 nd. ed. New York: McGraw-Hill Publishing, 1980. 633 p.

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D.; MISSIO, E. L.; RUBIN, S. de A. L. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, n. 3, p. 572-578, 2010.

SWANSTON, J. S. Waxy starch barley genotypes with reduced,  $\beta$ -glucan contents. **Cereal Chemistry**, v. 74, p. 452-455, 1997.

- SWANSTON, J. S.; ELLIS, R. P. Differences in malting performance between barleys grown in Spain and Scotland. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 101, n. 4, p. 261-265, 1995.
- TAMM, U. The variation of agronomic characteristics of European malting barley varieties. **Agronomy Research**, v. 1, p. 99-103, 2003.
- TANYOLAC, B. Inter-simple sequence repeat (ISSR) and RAPD variation among wild barley (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) populations from west Turkey. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 611-614, 2003.
- THERRIEN, M. C. Estimates of heritability of major malting quality traits in canadian barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 10-11, 2006.
- TINKER, N. A.; FORTIN, M. G.; MATHER, D. E. Random amplified polymorphic DNA and pedigree relationship in spring barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 85, p. 976-984, 1993.
- TINKER, N. A.; MATHER, D. E.; ROSSNAGEL, B. G.; KASHA, K. J.; KLEINHOF, A.; HAYES, P. M.; FALK, D. E.; FERGUSON, T.; SHUGAR, L. P.; LEGGE, W. G.; IRVINE, R. B.; CHOO, T. M.; BRIGGS, K. G.; ULLRICH, S. E.; FRANCKOWIAK, J. D.; BLAKE, T. K.; GRAF, R. J.; DOFING, S. M.; SAGHAI MAROOF, M. A.; SCOLES, G. J.; HOFFMAN, D.; DAHLEEN, L. S.; KILIAN, A.; CHEN, F.; BIYASHEV, R. M.; KUDRNA, D. A.; STEFFENSON, B. J. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. **Crop Science**, v. 36, n. 4, p. 1053-1062, 1996.
- TODOROVSKA, E.; TRIFONOVA, A.; ATANASSOV, A. Genetic diversity among elite Bulgarian barley varieties evaluated by RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, v. 129, p. 325-336, 2003.
- TSUCHIYA, Y.; ARAKI, S.; SAHARA, H.; TAKASHIO, M.; KOSHINO, S. Identification of malting barley varieties by genome analysis. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 79, p. 429-432, 1995.
- UFRGS, 2012a. **Características Bioquímicas**. Disponível em: <<http://www.ufrgs.br/Alimentus/feira/mpcerea/cevada%20cerveja/t%20bioqui.htm>>. Acesso em: 29 mar. 2012.
- VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-305.
- VALOIS, A. C. C. **Genética aplicada a recursos fitogenéticos**. Brasília, DF: UNEB, 1998. 318 p.
- VANHALA, T. K.; RIJN, C. P. E. van.; BUNTJER, J.; STAM, P.; NEVO, E.; POORTER, H.; EEUWIJK, F. A. van. Environmental, phenotypic and genetic variation of wild barley (*Hordeum spontaneum*) from Israel. **Euphytica**, v. 137, p. 297-309, 2004.
- VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados a cruzamentos dialélicos de variedades**. 1970. 112 p. Tese (Livre Docente). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, SP. 1970.



- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 80, n. 6, p. 493-500, 2010.
- VETELÄINEN, M.; GAMMELGÅRD, E.; VALKONEN, J. P. T. Diversity of Nordic landrace potatoes (*Solanum tuberosum* L.) revealed by AFLPs and morphological characters. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, p. 999-1010, 2005.
- VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. 2005. 215 f. Monografia (Especialização) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria.
- WALKER, A. R. P. Does the dietary fiber hypothesis really "work"? **Cereal Foods World**, v. 38, n. 3, p. 128-134, 1993.
- WANG, J. M.; ZHANG, G. P.  $\beta$ -glucans and Arabinoxylans. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 113-142.
- WELSH, J.; MC CLELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 7213-7218. 1990.
- WETZEL, M. M. V. S.; FERREIRA, F. R. Sistema de curadorias de germoplasma. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 858.
- WIEBE, G. A. Introduction of barley into the new world. In: **Barley: origin, botany, culture, winterhardiness, genetics, utilization and pests**. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbook n° 338. p. 2-8.
- WIKIPEDIA. **Heritability**. Disponível em: < <http://en.wikipedia.org/wiki/Heritability>>. Acesso em: 29 jan. 2012a.
- WIKIPEDIA. **UPGMA**. Disponível em: <<http://en.wikipedia.org/wiki/UPGMA>>. Acesso em: 29 jan. 2012b.
- WILLIAMS, J. K. G.; KUBELI, K. J.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, p. 6531-6535, 1990.
- WRIGHT, L. Malting barley for new millennium. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium: proceedings of an International Symposium**. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 28-33.
- WYCH, R. D.; RASMUSSEN, D. C. Genetic improvement in malting barley cultivars since 1920. **Crop Science**, v. 23, p. 1037-1040, 1983.
- YALÇIN, E.; ÇELİK, S.; AKAR, T.; SAYIM, I.; KÖKSEL, H. Effects of genotype and environment on  $\beta$ -glucan and dietary fiber contents of hull-less barley grown in Turkey. **Food Chemistry**, v. 101, p. 171-176, 2007.

YU, Z.; LI-QIONG, L.; HUAN, L.; JIE, B.; MAN-YE, Y.; CHEN, M.; YING-FAN, C.; XIAO-LIN, Q.; FANG, C. RAPD markers in diversity detection and variety identification of Tibetan Hulless Barley. **Plant Molecular Biology Report**, v. 20, p. 369-377, 2002.

ŽÁKOVÁ, M.; BENKOVÁ, M. Characterization of spring barley accessions based on multivariate analysis. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 1, n. 2, p. 124-134, 2006.

ZHANG, G.; CHEN, J.; WANG, J.; DING, S. Cultivar and environmental effects on (1→3, 1→4)-β-D-glucan and protein content in malting barley. **Journal of Cereal Science**, v. 34, n. 3, p. 295-301, 2001.

ZHOU, M. Barley Production and Consumption: World Barley Production. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 1-16.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the old world**: the origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. 3rd. ed. Oxford: Oxford University Press, 2001. 328 p.

# **CAPÍTULO I**

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA PARA  
SISTEMAS IRRIGADOS NO CERRADO COM BASE EM MARCADORES RAPD**

**GENETIC VARIABILITY OF ELITE BARLEY GENOTYPES FOR BRAZILIAN  
SAVANNA IRRIGATED SYSTEMS BASED ON RAPD MARKERS**

# VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA PARA SISTEMAS IRRIGADOS NO CERRADO COM BASE EM MARCADORES RAPD

## 1.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 39 acessos de cevada elite da coleção de trabalho de cevada da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD. Foram usados 15 iniciadores decâmeros para a obtenção dos marcadores RAPD, que foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os diferentes acessos e realizadas análises de agrupamento. Foram obtidos 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) qualificados de polimórficos. As distâncias genéticas variaram de 0,049 a 0,337, entre os acessos de cevada. A análise de agrupamento e de dispersão gráfica mostrou uma tendência de agrupamento entre os genótipos mexicanos e americanos. Outra tendência de agrupamento foi encontrada, igualmente, entre os genótipos de seis fileiras de grãos. Acessos desenvolvidos e utilizados no Brasil, bem como os genótipos provenientes da Alemanha, Inglaterra e Austrália têm demonstrado a maior divergência genética entre si, sendo considerados opções interessantes para aumentar a base genética dos programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., diversidade genética, marcador molecular, recursos genéticos.

## **GENETIC VARIABILITY OF ELITE BARLEY GENOTYPES FOR BRAZILIAN SAVANNA IRRIGATED SYSTEMS BASED ON RAPD MARKERS**

### **1.2 ABSTRACT**

The objective of this work was to characterize and quantify the genetic variability of 39 barley elite genotypes from a Brazilian working collection belonging to Embrapa, using RAPD molecular markers. Genomic DNA samples were extracted from leaves of each genotype and 15 decamer primers were used to obtain RAPD molecular markers. Molecular markers were converted in a binary data matrix utilized to estimate genetic dissimilarities between genotypes and to realize grouping and dispersion graphic analysis. 160 RAPD markers were obtained, making 10.7 markers medium per primer. From all the markers, 141 (88.12%) were polymorphic. Genetic dissimilarities varied from 0.049 to 0.337 among the genotypes. PFC 2004033 and Prestige cultivar showed biggest genetic dissimilarities to others genetic materials. Grouping and dispersion graphic analysis showed a clustering tendency between the Mexican and American genotypes. Another clustering tendency was also found concerning the six-rowed materials. Accessions developed and used in Brazil and also in Germany, UK and Australia have shown the greatest genetic dissimilarity among themselves, being considered promising options to increase the genetic base of breeding programs.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., genetic diversity, molecular marker, genetic resources.

### 1.3 INTRODUÇÃO

A cevada, *Hordeum vulgare* sp., é o cereal em cultivo mais antigo do mundo (BORÉM, 2009), cujo centro de origem principal é a região do Oriente Médio (Crescente Fértil), sendo China e Norte da África (Etiópia) os centros secundários da cultura (HARLAN, 1979; ZOHARY & HOPF, 2001; DIAMOND, 2008). Indícios apontam que a cultura foi uma das primeiras a ser domesticada, em torno do ano 8.000 a.C. (ZOHARY & HOPF, 2001; DIAMOND, 2008).

A cultura da cevada – quarto cereal mais semeado no mundo, ficando atrás apenas do milho, arroz e trigo, respectivamente (FAOSTAT, 2012) – tem se mostrado com alto potencial para integrar sistemas de produção do Cerrado. O mercado consumidor demanda grãos de cevada para alimentação animal na forma de grão, feno e silagem (7%), para a produção de malte (86%) e outros fins (7%) (MINELLA et al., 2007). Tradicionalmente, o plantio da cultura restringe às áreas mais temperadas do Sul do País. Contudo, a Embrapa tem desenvolvido pesquisas com a cevada no sistema irrigado do Cerrado, demonstrando a viabilidade técnica e econômica da cultura para esse sistema (AMABILE et al., 2007a).

No programa de melhoramento, a caracterização dos recursos genéticos é fundamental, pois através dessa atividade de inovação, contribui-se significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos da agricultura brasileira. Por isso, torna-se fundamental um maior conhecimento sobre os recursos genéticos de cevada o qual impactará positivamente e contribuirá para os programas de seleção e avaliação de acessos da cultura que atendam às exigências do sistema produtivo irrigado do Cerrado, fixando a cevada como alternativa agrônômica e econômica a essa região.

A inovação tecnológica do processo de seleção via análise genética de características de interesse para o melhoramento da espécie no País é essencial ao estabelecimento da cultura no ambiente Cerrado. Uma das melhores estratégias para a obtenção de genótipos superiores é mediante recombinação gênica entre o germoplasma local adaptado e exótico de superior qualidade e de tipo agrônômico. Mas para isso é necessário identificar e separar geneticamente os acessos que compõem a coleção de trabalho, a partir da qual se poderão realizar cruzamentos direcionados entre os genitores selecionados, ampliando a variabilidade genética para o programa de melhoramento de cevada (RASMUSSEN & PHILLIPS, 1997; NASS, 2001).

A utilização de marcadores moleculares tem se tornado viável pela evolução de novas técnicas, redução dos custos de equipamentos, de reagentes e rapidez na obtenção de resultados. O uso de marcadores moleculares, por apresentar as características de estabilidade

e neutralidade, é uma importante ferramenta para a caracterização molecular e o estudo da variabilidade genética (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1996).

O *Random Amplification of Polymorphic DNA* (RAPD) tem se mostrado eficiente na identificação e na quantificação da variabilidade genética em diversos grupos de plantas, motivo pelo qual vem sendo usado como ferramenta auxiliar em programas de caracterização e uso de recursos genéticos e programas de melhoramento (FALEIRO, 2007; FERREIRA et al., 2007). O RAPD é também aplicado na identificação de marcadores moleculares úteis na seleção (MILACH, 1998).

O uso de marcadores moleculares para o estudo da variabilidade genética em um banco de germoplasma pode detectar redundâncias e deficiências das coleções, gerar informações sobre a eficiência dos processos de coleta, manutenção, manejo e intercâmbio dos acessos e ainda auxiliar os melhoristas na escolha dos genitores a serem utilizados em programas de melhoramento genético. Assim, espera-se conseguir maior eficácia nas atividades envolvidas na conservação do germoplasma. Além disso, os dados gerados por marcadores moleculares poderão ser utilizados no estabelecimento de coleções nucleares (BROWN, 1989a; BROWN, 1989b). Em cevada, Baum et al. (2000) relataram não só que a caracterização da diversidade genética, como também sua distribuição, é um componente importante de informação para a conservação de germoplasma *in situ* e *ex situ* de recursos genéticos dessa espécie. Esse conhecimento é um pré-requisito para introgressão de genes de progenitores superiores e novos genótipos a ser obtidos e no estudo de variabilidade genética em cevada (DAWSON et al., 1993; GONZÁLEZ & FERRER, 1993; WEINING & HENRY, 1995).

Marcadores moleculares são utilizados frequentemente no estudo da variabilidade genética de cevada, por meio da técnica de RAPD, uma vez que essa técnica apresenta grande capacidade de acessar as informações do genoma da espécie, pela facilidade e rapidez de execução, pela eficiência e confiabilidade dos resultados (MARIS, 1992; ECHART, 1996; ORDON et al., 1997; BAUM et al., 2000; SELBACH & CAVALLI-MOLINA, 2000; FERNANDEZ et al., 2002; TANYOLAC, 2003; TODOROVSKA et al., 2003; HOU et al., 2005; KROTH et al., 2005; ABDELLAOUI et al., 2007; KARIM et al., 2009).

Neste contexto, objetivou-se neste trabalho caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 39 genótipos elite da coleção de trabalho de cevada da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares RAPD.

## 1.4 MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado no Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Embrapa Cerrados. Foram utilizados 39 acessos de cevada elite, cervejeira e nua, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, de origem mexicana, estadunidense, canadense, australiana, inglesa, alemã, além das linhagens brasileiras obtidas do programa de melhoramento de cevada da Embrapa (Tabela 1).

Os materiais foram semeados, em 2009, em casa de vegetação da Embrapa Cerrados, situada a 15°35'30" latitude S, 47°42'30" longitude O e altitude de 1.007 m. Foram semeadas quatro sementes por vaso, num Latossolo argiloso. Inicialmente, os vasos foram encharcados, drenados e pesados. Diariamente até o momento de corte das plântulas, elevava-se o conteúdo de água no vaso até atingir a condição de capacidade de campo. Após oito dias da germinação, amostras dos folíolos de duas plantas do mesmo genótipo foram obtidas para a extração do DNA genômico. O material coletado foi mantido refrigerado em sacos plásticos a 5 °C.

A metodologia de extração de DNA foi a do CTAB, com algumas modificações (FALEIRO et al., 2003). O tecido vegetal fresco foi macerado com auxílio de uma barra de vidro e, em seguida, foram adicionados em cada amostra, 450 µL de tampão contendo Tris-HCl 100 µM (pH 8,3), CTAB 7%, EDTA 20 mM, NaCl 1,4 M. As amostras seguiram para banho-maria a 65 °C, por 30 minutos. A desproteinização foi realizada adicionando-se 400 µL de solução clorofórmio: álcool isoamílico (24:1); em seguida, as amostras foram agitadas para a formação de uma emulsão e, na sequência, centrifugadas a 5.000 rpm por cinco minutos, retirando-se, aproximadamente, 200 µL do sobrenadante que foi colocando em microtubos do tipo *ependorf* de 2 mL. Foram adicionados ao sobrenadante 200 µL de isopropanol gelado (5 °C), invertendo-se os microtubos para promover a precipitação do DNA. Em sucessão, os tubos colocados na geladeira, permanecendo por 30 minutos e, em continuidade, os tubos foram centrifugados a 7.000 rpm, por dez minutos, descartando-se o sobrenadante. O *pellet* formado foi lavado, por duas vezes, com 200 µL de etanol a 70% e secado na temperatura do ar ambiente. Após completamente seco, o *pellet* foi ressuscitado em 100 µL de água Milli Q, contendo RNase na concentração de 40 µL/mL.

A quantidade de DNA foi estimada por espectrofotometria a 260 nm (A<sub>260</sub>), e a relação A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> foi utilizada para avaliar a pureza e a qualidade do material (SAMBROOCK et al., 1989). As amostras de DNA de cada acesso foram diluídas para 5 ng/µL. Inicialmente, 48 *primers* decâmeros [OPD (02, 03, 04, 07, 08, 09, 10, 16 e 27), OPE (03, 04, 07, 15, 16, 17, 18, 19 e 20), OPF (01, 02, 03, 04, 05, 09, 10, 11, 14, 17 e 20), OPG (01, 05, 07, 08, 15, 17 e 20), OPH (01, 04, 08, 09, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 19 e 20)] foram



testados para os ajustes nas reações de PCR (*Polimerase Chain Reaction*). Para isto, foram usados DNA de quatro genótipos (CIMMYT 48, Danuta, Prestige e PFC 99324) selecionados pela divergência morfológica (materiais dísticos e hexásticos) e pela distância de origem geográfica.

As reações de amplificação foram efetuadas em um volume total de 13  $\mu$ L, sendo 10  $\mu$ L de tampão, contendo Tris-HCl 10 mM (pH 8,3); 50 mM de KCl; 3 mM de  $MgCl_2$ ; 100  $\mu$ M de cada um dos desoxiribonucleotídios (dATP, dTTP, dGTP e dCTP); 0,4  $\mu$ M de um iniciador (Operon Technologies Inc., Alameda, CA, EUA); uma unidade da enzima Taq DNA polimerase e 3  $\mu$ L de DNA (15 ng).

A partir desses testes, foram selecionados e utilizados 15 iniciadores que geraram maior quantidade e qualidade das amplificações: OPD (03, 07 e 08), OPF (05, 09, 14 e 20), OPG (05, 08, 15 e 17), OPH (04, 12, 14 e 20).

As amplificações foram efetuadas em termociclador programado para 40 ciclos, cada um composto formado pela seguinte sequência: 15 s a 94 °C, 30 s a 35 °C e 90 s a 72 °C. Concluídos os 40 ciclos, foi feita uma etapa de extensão final de seis minutos a 72 °C, e finalmente, a temperatura foi reduzida para 4 °C. Após a amplificação, foram adicionados, a cada amostra, 3  $\mu$ L de uma mistura de azul de bromofenol (0,25%) e glicerol (60%) em água. Essas amostras foram aplicadas em gel de agarose (1,2%), corado com brometo de etídio, submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM). A separação eletroforética foi de, aproximadamente, quatro horas, a 90 volts. Ao término da corrida, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta.

Os marcadores RAPD gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimada a dissimilaridade genética entre os diferentes genótipos, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li (NEI & LI, 1979), utilizando o Programa Genes (CRUZ, 2007). A similaridade genética (SG) foi dada por:  $S_{ij} = 2N_{ij}/(N_i + N_j)$ , onde:  $N_{ij}$  é o número de bandas presentes em ambos os genótipos  $i$  e  $j$ ;  $N_i$  e  $N_j$  é o número de bandas presentes no genótipo  $i$  e  $j$ , respectivamente; e, subtraído o valor de SG da unidade (1 - SG), foi obtida a dissimilaridade genética.

A matriz de dissimilaridade genética foi empregada para realizar análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando o método do UPGMA (*Unweighted pair-group method arithmetic average*) (SNEATH & SOKAL, 1973) como critério de agrupamento, e a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais, usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS Institute Inc., 2008) e Statistica (Statsoft Inc., 1999).

O momento de parada do algoritmo de aglomeração [corte do dendograma], com o intuito de definir o número de grupos, foi realizado com base na dissimilaridade genética média entre os genótipos. Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ) entre as distâncias genéticas originais e aquelas representadas pelo dendograma entre os pares de acessos, conforme Sokal & Rohlf (1962), por meio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). A estabilidade dos agrupamentos foi computada por meio da análise de *Bootstrapping* com 500 replicações por meio do programa Genes (CRUZ, 2007).

## 1.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos 39 genótipos de cevada, por meio do uso de 15 iniciadores, gerou um total de 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos (Tabela 2) perfazendo uma média de 10,7 bandas por *primer*. Os iniciadores OPD07, OPD08, OPF05 e OPH12 apresentaram maior número de bandas polimórficas, enquanto o OPH14 foi aquele que deteve mais bandas monomórficas e, ainda, uma igualdade entre a quantidade de bandas monomórficas e polimórficas.

A elevada percentagem de marcadores polimórficos e a alta média de marcadores por iniciador demonstram a alta variabilidade genética entre os genótipos elite de cevada da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados (Tabela 2). Esse comportamento pode ser explicado pela ampla base genética disponível no banco de germoplasma do Brasil, e pela eficiência da técnica de RAPD na quantificação da variabilidade para essa espécie. Vasta variabilidade genética também foi verificada nas coleções analisadas por Selbach & Cavalli-Molina (2000), Fernández et al. (2002), Hou et al. (2005), Abdellaoui et al. (2007) e Karim et al. (2009).

Essa alta variabilidade genética verificada é importante para o programa de melhoramento de cevada da Embrapa, uma vez que permite a seleção de genitores divergentes para compor os blocos de cruzamento e hibridações visando ao ambiente irrigado. Assim, com menor quantidade de cruzamentos por grupo, o programa terá redução de custos, sem que ocorra perda ou estreitamento da base genética, maximizando as chances de obtenção de combinações gênicas desejáveis.

As dissimilaridades genéticas variaram de 0,049 a 0,337 entre os genótipos de cevada (Tabela 3). Essa amplitude de valores evidencia a análise de acessos com diferentes graus de dissimilaridade, como também foi verificado em outras coleções avaliadas com base em marcadores RAPD por Ordon et al. (1997); Todorovska et al. (2003); Kroth et al. (2005); Hou et al. (2005); interseccionando com os dados de Selbach & Cavalli-Molina (2000); Tanyolac (2003) e Karim et al. (2009). As cultivares estadunidenses, Foster e C-70, apresentaram as

menores distâncias, enquanto a cevada inglesa Prestige e a brasileira FM 404 foram as que exibiram o maior valor de dissimilaridade. Em relação à média das dissimilaridades genéticas, os genótipos C-70 e PFC 2003122 foram os que detiveram os menores valores absolutos (0,136) e (0,138), respectivamente, enquanto o genótipo PFC 2004033 e a cultivar Prestige apresentaram a maior média com valores, respectivamente, de 0,265 e 0,259.

O coeficiente de correlação cofenética do dendrograma foi de boa magnitude ( $r = 0,81$ ) e significativo ( $p \leq 0,001$ ), sendo superior ao valor de 0,70 proposto por Rohlf (2000). Esse dado evidenciou consistência no ajuste entre a representação gráfica da similaridade genética e a sua matriz original, o que assegura que sejam realizadas inferências por meio da avaliação visual do dendrograma (Figura 1).

Pela análise de agrupamento, utilizando o método UPGMA, verificou-se a formação de um grande grupo de similaridade, adotando como ponto de corte a distância genética média de 0,181. Esse grupo apresentou alta estabilidade (100%) com base nas análises de *Bootstrapping* (Figura 1). Observou-se que todos os genótipos oriundos do México e dos EUA ficaram dentro desse grupo, independentemente de os materiais terem a semente com casca ou sem casca. A explicação para esse fato é que a característica presença/ausência de casca é governada por um gene (LUNDQVIST et al., 1997), enquanto marcadores RAPD são obtidos em todo genoma.

Dentro deste grupo principal de similaridade, pode-se observar formação de subgrupos de similaridade. Um deles envolve a cultivar BRS 195 e o genótipo PFC 2003122, com uma dissimilaridade genética de 0,059. Essa baixa dissimilaridade genética é explicada pelo fato de a BRS 195 ser o genitor do genótipo PFC 2003122. Nesse grupo de similaridade, todos os materiais elite hexásticos, também provenientes de seleções e hibridações realizadas nos EUA, México e dos materiais do Brasil, introduzidos, selecionados ou hibridizados nos programas de melhoramento desses países, ficaram agrupados. Isso indica que esse agrupamento é uma consequência da pressão de seleção gerada pelos melhoristas daqueles países. Como exemplo, o agrupamento formado entre a C-70 e a Foster, ambas estadunidenses e hexásticas, foram as que apresentaram a maior convergência genética (0,049) e com (78%) de estabilidade. Outro subgrupo de similaridade foi formado pelos genótipos CPAC 20011 – material brasileiro selecionado no programa do CIMMYT – e o CIMMYT 25, materiais hexásticos e de mesma procedência geográfica, ou seja, do programa cooperativo entre a Embrapa e o ICARDA/CIMMYT.

A cultivar inglesa Prestige, referência de qualidade malteira internacional (EUROBARLEY, 2010; RATH, 2001) e com excelente desempenho sob irrigação no Cerrado, tanto agrônômica como qualitativamente (AMABILE et al., 2007b, 2009a e 2009b)

mostrou-se como o genótipo mais divergente em relação aos demais genótipos. A separação desse genótipo relativamente aos demais apresentou alta repetição (88%). Esse fato evidencia a importância desse material para utilização em blocos de cruzamentos mais divergentes com o intuito de ampliar ainda mais a base genética de programas de melhoramento, mais especificamente destinados ao desenvolvimento de cultivares para o ambiente irrigado do Cerrado.

Ainda pela análise do dendograma, verificou-se que as cultivares Antártica-1, FM 404, Scarlett, Prestige e Nandi e os genótipos PFC 2004033 e PFC 214827-10 foram as que apresentaram as maiores dispersões e foram exteriorizados em relação ao único agrupamento estável com 100% de repetição, (Figura 1). A exceção da Prestige, do genótipo PFC 2004033 e, recentemente da cultivar Scarlett, nenhum dos demais genótipos tem sido usado em blocos de cruzamentos, mesmo os que apresentam boas qualidades malteiras comprovadas, como a Antártica-1 e a FM 404. Essa confirmação das distâncias entre esses genótipos pode ser útil ao programa no momento da escolha de novos progenitores para as hibridações a serem realizadas visando à qualidade malteira.

Muitos agrupamentos apresentaram baixas porcentagens de coincidência indicando que não existe tendência de agrupamentos hierárquicos dos acessos, ou seja, grupos com alta similaridade dentro e alta dissimilaridade entre grupos (Figura 1). Provavelmente, essa ausência de agrupamentos hierárquicos decorra do fato de o programa de melhoramento de cevada da Embrapa utilizar uma base genética ampla para gerar constituições genéticas para os diversos e contrastantes sistemas de produção de cevada brasileira: o irrigado e o de sequeiro.

Quanto aos materiais genéticos utilizados em programas de melhoramento no Brasil, observou-se que estão amplamente distribuídos no gráfico de dispersão (Figura 2), evidenciando a variabilidade genética desses materiais. Essa variabilidade é decorrente do novo enfoque dado ao programa de melhoramento da Embrapa, em 2000, com vistas à ampliação da base genética. Os resultados obtidos mostraram claramente a existência de ampla variabilidade genética do grupo de acessos estudados, o que é resultado direto da análise de materiais genéticos de origens e de programas de melhoramento diversos. A existência de expressiva variabilidade em cultivares de cevada brasileira, mesmo que se reproduzindo por autofecundação, também foi detectada por Maris (1992), Echart (1996) e Selbach & Cavalli-Molina (2000). Com o redirecionamento e a remodelação do programa de cevada brasileiro - adaptado a uma nova realidade nacional, para tornar-se mais competitivo, com maior qualidade malteira e melhor desempenho agrônômico, buscou-se a introdução e o uso, nas hibridações, de maior variabilidade de genótipos com características

morfoagronômicas semelhantes e pré-definidas a esse sistema. Desenvolveu-se essa ação para atender o sistema de produção de cevada irrigada do Cerrado, tanto da Região Sudeste como da Centro-Oeste.

Observando a dispersão dos genótipos de cevada em relação a sua característica número de fileiras de grãos por espiga (hexástica/dística), quando comparado às duas primeiras coordenadas principais (Figura 3), notou-se que, como apresentado no dendograma obtido pelo método UPGMA, ocorreu tendência de agrupamento dos materiais genéticos hexásticos exceto para o genótipo Nandi.

Considerando as diferentes origens geográficas dos materiais genéticos de cevada observados, verificou-se a concentração dos genótipos de origem mexicana à exceção da cultivar Vicente Morales (Figura 3). Essa tendência de agrupamento também ocorreu com os materiais provenientes dos programas de melhoramento norte-americanos, nos quais ficaram agrupados exceto para a cultivar BRS 180. Ressalta-se que, independentemente de ter sido hibridizado nos EUA, as gerações finais de seleção da cultivar BRS 180 foram realizadas no ambiente irrigado de Cerrado recebendo a interferência ambiental e que, desta forma, muito provavelmente, promoveu a dispersão dele em relação ao grupo.

O agrupamento dos materiais mexicanos e americanos ocorreu devido, em certo momento, no programa de melhoramento desses países, à ênfase dada à seleção e à obtenção de materiais hexásticos e para ambientes irrigados. Por sua vez, materiais brasileiros e aqueles originados da Alemanha, Inglaterra, Austrália apresentaram maior dissimilaridade genética, sendo opções interessantes para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento.

## **1.6 CONCLUSÕES**

Verifica-se, na coleção de trabalho avaliada, elevada variabilidade genética passível de ser utilizada no melhoramento genético.

Existe estruturação genética entre os genótipos avaliados, com tendência de agrupamento entre os genótipos mexicanos e estadunidenses, tendo sido observada, igualmente, tendência de agrupamento para os materiais hexásticos.

Acessos desenvolvidos e utilizados no Brasil e aqueles originados da Alemanha, Inglaterra, Austrália apresentam maior dissimilaridade genética entre si, sendo opções interessantes para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento.

## 1.7 TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Genótipos elite de cevada malteira e respectivas informações sobre uso ou não em programas de melhoramento no Brasil, origem, tipo de espiga. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

Nº	Genótipo	Genótipo usado Brasil	Origem	Tipos de espiga
1	PFC 2001090	Sim	Brasil	Dística
2	CEV 96046	Sim	Brasil	Dística
3	PFC 213660	Sim	Brasil	Dística
4	PFC 99318	Sim	Brasil	Dística
5	PFC 213106	Não	Brasil	Dística
6	PFC 2003122	Sim	Brasil	Dística
7	Alliot	Não	Inglaterra	Dística
8	Foster	Sim	EUA	Hexástica
9	C-70	Não	EUA	Dística
10	Lacey	Sim	EUA	Hexástica
11	M 14	Não	EUA	Dística
12	CPAC 20011	Não	México	Hexástica
13	PFC 2005123	Não	Brasil	Dística
14	CIMMYT 42	Não	México	Hexástica
15	CIMMYT 48	Não	México	Hexástica
16	CIMMYT 2	Não	México	Hexástica
17	CIMMYT 25	Não	México	Hexástica
18	PFC 2001049	Sim	Brasil	Dística
19	Danuta	Sim	Alemanha	Dística
20	BRS 195	Sim	Brasil	Dística
21	BRS 180	Sim	EUA	Hexástica
22	Cellar	Sim	Inglaterra	Dística
23	CPAC 20020098	Sim	México	Hexástica
24	BRS Deméter	Sim	Brasil	Dística
25	Prestige	Sim	Inglaterra	Dística
26	Scarlett	Sim	Alemanha	Dística
27	PFC 2004345	Não	Brasil	Dística
28	BRS Sampa	Sim	Brasil	Dística
29	PFC 2004216	Não	Brasil	Dística
30	BRS Elis	Sim	Brasil	Dística
31	PFC 98252	Não	Brasil	Hexástica
32	Vicente Morales	Não	México	Hexástica
33	BRS Greta	Sim	Brasil	Dística
34	PFC 99324	Sim	Brasil	Hexástica
35	PFC 2004033	Sim	Brasil	Dística
36	PFC 214827-10	Não	Brasil	Dística
37	Antártica-1	Não	Brasil	Dística
38	Nandi	Não	Austrália	Hexástica
39	FM 404	Não	Brasil	Dística

**Tabela 2.** Iniciadores utilizados para obtenção dos marcadores RAPD, para genótipos de cevada e respectivos números de bandas polimórficas e monomórficas. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Iniciador</b>	<b>Sequência 5'→3'</b>	<b>Nº de bandas polimórficas</b>	<b>Nº de bandas monomórficas</b>
OPD03	GTCGCCGTCA	8	0
OPD07	TTGGCACGGG	12	0
OPD08	GTGTGCCCCA	14	0
OPF05	CCGAATTCCC	12	0
OPF09	CCAAGCTTCC	9	1
OPF14	TGCTGCAGGT	9	0
OPF20	GGTCTAGAGG	11	1
OPG05	CTGAGACGGA	10	2
OPG08	TCACGTCCAC	11	1
OPG15	ACTGGGACTC	4	0
OPG17	ACGACCGACA	11	2
OPH04	GGAAGTCGCC	6	3
OPH12	ACGCGCATGT	13	2
OPH14	ACCAGGTTGG	5	5
OPH20	GGGAGACATC	6	2
<b>Total</b>		<b>141</b>	<b>19</b>

**Tabela 3.** Matriz de dissimilaridade genética entre 39 genótipos<sup>1</sup> de cevada, calculadas com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li, utilizando 160 marcadores RAPD. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

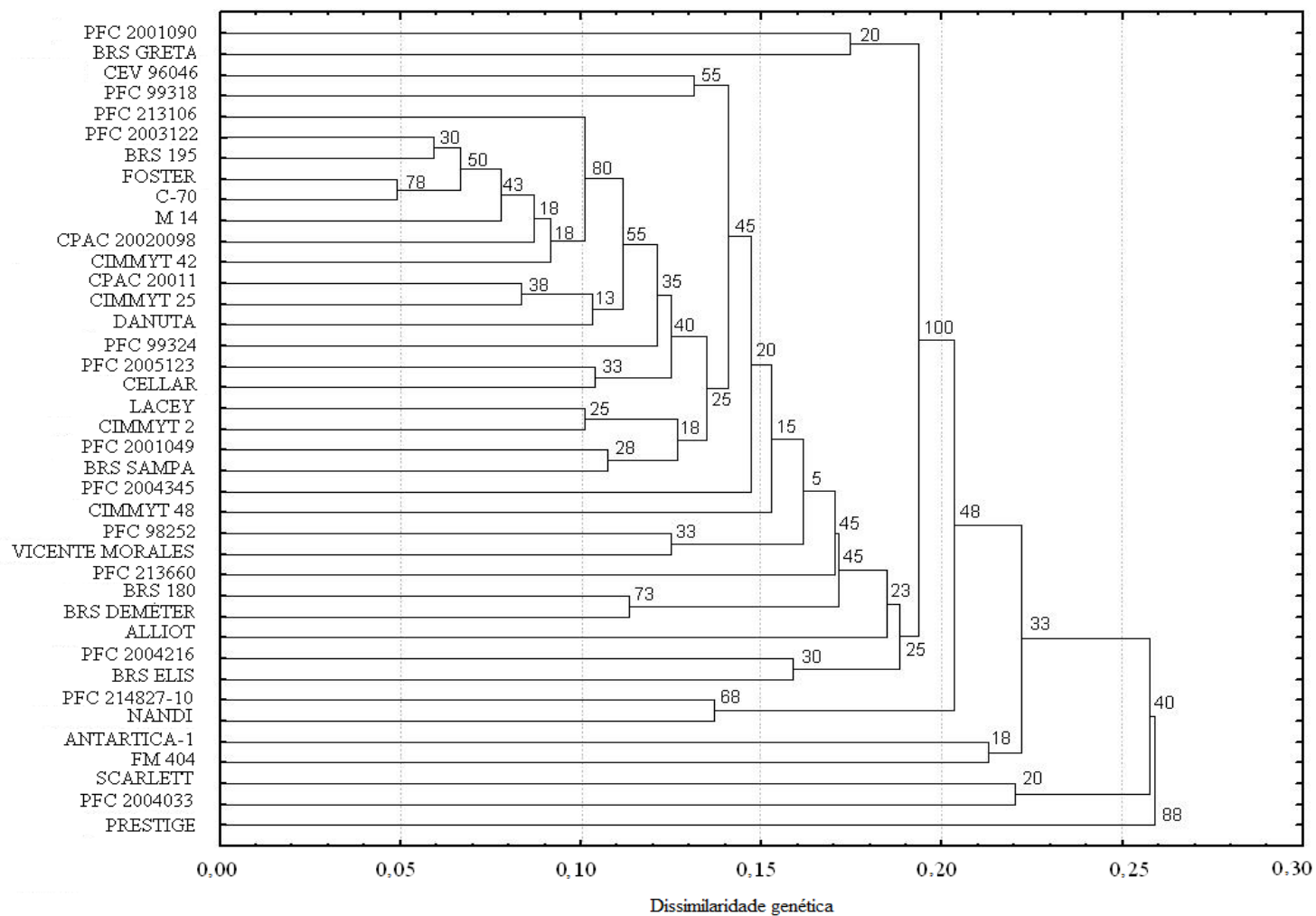
Nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	0																			
2	0,151	0																		
3	0,196	0,173	0																	
4	0,162	0,131	0,142	0																
5	0,194	0,132	0,145	0,131	0															
6	0,191	0,122	0,160	0,121	0,077	0														
7	0,184	0,130	0,171	0,125	0,096	0,092	0													
8	0,221	0,141	0,171	0,140	0,111	0,071	0,088	0												
9	0,171	0,094	0,134	0,104	0,117	0,065	0,104	0,049	0											
10	0,187	0,136	0,142	0,123	0,143	0,115	0,132	0,103	0,082	0										
11	0,200	0,144	0,146	0,124	0,092	0,069	0,079	0,074	0,089	0,139	0									
12	0,240	0,207	0,178	0,162	0,200	0,171	0,208	0,175	0,150	0,167	0,179	0								
13	0,171	0,131	0,175	0,159	0,112	0,073	0,114	0,119	0,105	0,127	0,079	0,209	0							
14	0,224	0,124	0,174	0,123	0,128	0,096	0,103	0,090	0,084	0,130	0,095	0,170	0,122	0						
15	0,212	0,146	0,165	0,149	0,139	0,146	0,162	0,154	0,148	0,154	0,137	0,166	0,152	0,104	0					
16	0,155	0,148	0,161	0,136	0,161	0,137	0,124	0,098	0,100	0,101	0,113	0,144	0,138	0,118	0,143	0				
17	0,213	0,162	0,197	0,156	0,119	0,085	0,084	0,117	0,134	0,167	0,109	0,202	0,122	0,122	0,187	0,142	0			
18	0,206	0,163	0,165	0,149	0,160	0,127	0,131	0,109	0,095	0,112	0,137	0,160	0,166	0,137	0,160	0,122	0,147	0		
19	0,225	0,179	0,196	0,162	0,133	0,136	0,105	0,136	0,138	0,172	0,110	0,183	0,140	0,115	0,157	0,152	0,101	0,153	0	
20	0,221	0,117	0,179	0,116	0,077	0,059	0,073	0,061	0,069	0,120	0,080	0,183	0,113	0,078	0,143	0,138	0,088	0,110	0,082	0
21	0,211	0,178	0,180	0,181	0,144	0,139	0,153	0,172	0,128	0,219	0,168	0,188	0,152	0,161	0,194	0,222	0,157	0,166	0,171	0,131
22	0,165	0,177	0,207	0,163	0,140	0,120	0,130	0,138	0,109	0,139	0,136	0,212	0,104	0,132	0,167	0,153	0,146	0,154	0,157	0,136
23	0,215	0,122	0,163	0,155	0,106	0,087	0,123	0,088	0,068	0,121	0,115	0,164	0,125	0,107	0,142	0,123	0,153	0,108	0,144	0,076
24	0,175	0,207	0,212	0,176	0,181	0,173	0,152	0,171	0,158	0,176	0,171	0,236	0,184	0,194	0,231	0,157	0,165	0,167	0,177	0,149
25	0,211	0,286	0,218	0,231	0,259	0,239	0,237	0,274	0,235	0,263	0,240	0,265	0,231	0,262	0,279	0,277	0,253	0,252	0,266	0,269
26	0,240	0,262	0,222	0,206	0,240	0,261	0,251	0,263	0,245	0,253	0,245	0,193	0,317	0,238	0,208	0,217	0,283	0,224	0,277	0,261
27	0,237	0,194	0,181	0,159	0,147	0,119	0,160	0,138	0,147	0,167	0,121	0,185	0,124	0,140	0,187	0,172	0,138	0,171	0,143	0,102
28	0,187	0,147	0,133	0,150	0,137	0,125	0,147	0,132	0,097	0,123	0,154	0,197	0,162	0,146	0,160	0,151	0,179	0,108	0,162	0,108
29	0,206	0,155	0,162	0,163	0,121	0,146	0,184	0,174	0,152	0,164	0,142	0,216	0,180	0,163	0,165	0,204	0,185	0,181	0,167	0,137
30	0,189	0,184	0,210	0,196	0,190	0,178	0,226	0,228	0,190	0,205	0,229	0,190	0,214	0,226	0,234	0,224	0,202	0,213	0,206	0,203
31	0,194	0,173	0,202	0,151	0,14,6	0,140	0,171	0,156	0,128	0,178	0,170	0,159	0,171	0,143	0,162	0,139	0,165	0,137	0,152	0,130
32	0,206	0,188	0,211	0,160	0,136	0,129	0,145	0,169	0,156	0,215	0,169	0,216	0,208	0,157	0,203	0,206	0,167	0,190	0,175	0,147
33	0,175	0,221	0,191	0,154	0,187	0,179	0,203	0,190	0,177	0,179	0,166	0,181	0,193	0,192	0,179	0,164	0,210	0,174	0,241	0,214
34	0,249	0,195	0,192	0,166	0,109	0,112	0,111	0,112	0,143	0,163	0,103	0,218	0,160	0,140	0,169	0,148	0,134	0,150	0,151	0,099
35	0,248	0,288	0,196	0,269	0,241	0,260	0,318	0,304	0,279	0,254	0,267	0,271	0,288	0,274	0,220	0,277	0,275	0,278	0,288	0,293
36	0,213	0,216	0,204	0,217	0,215	0,190	0,220	0,185	0,156	0,169	0,185	0,210	0,202	0,181	0,187	0,186	0,238	0,154	0,244	0,202
37	0,280	0,241	0,225	0,247	0,189	0,138	0,197	0,148	0,176	0,200	0,149	0,239	0,215	0,214	0,232	0,222	0,209	0,192	0,251	0,170
38	0,200	0,206	0,169	0,210	0,235	0,200	0,238	0,216	0,184	0,194	0,198	0,167	0,194	0,207	0,144	0,220	0,236	0,169	0,233	0,222
39	0,259	0,194	0,256	0,249	0,231	0,193	0,268	0,207	0,198	0,234	0,212	0,228	0,194	0,218	0,248	0,242	0,247	0,244	0,237	0,212



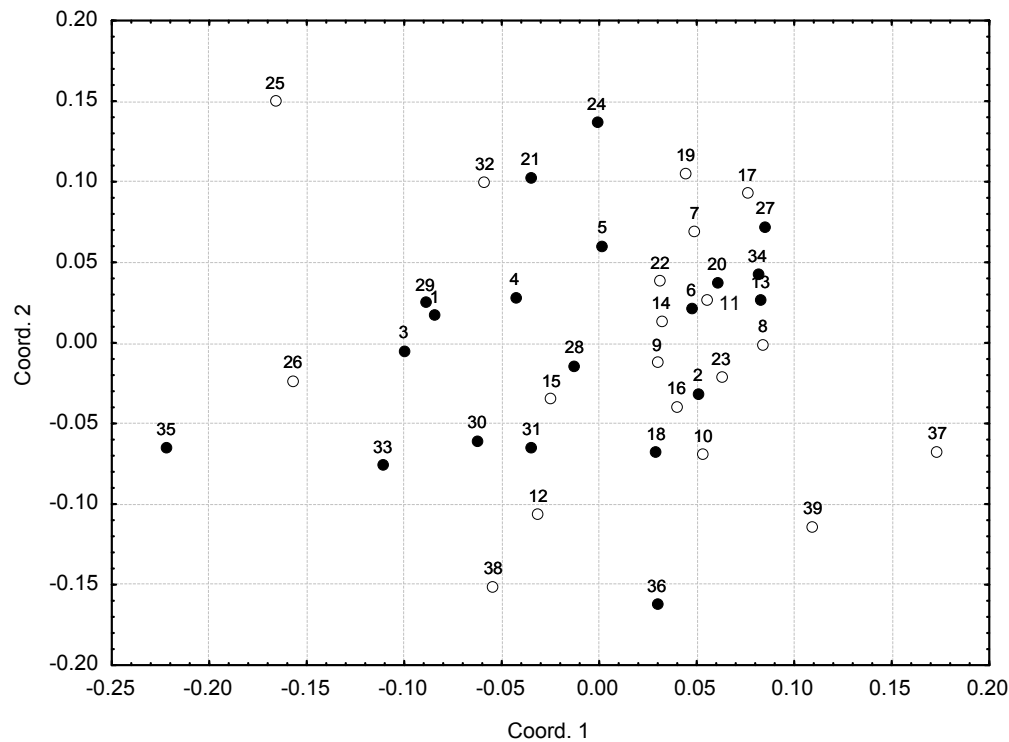
**Tabela 3.** Continuação...

Nº	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39
21	0																		
22	0,166	0																	
23	0,130	0,122	0																
24	0,113	0,174	0,156	0															
25	0,202	0,221	0,269	0,227	0														
26	0,264	0,293	0,225	0,251	0,241	0													
27	0,163	0,181	0,130	0,177	0,234	0,249	0												
28	0,126	0,147	0,102	0,151	0,281	0,266	0,151	0											
29	0,167	0,187	0,175	0,193	0,262	0,237	0,165	0,131	0										
30	0,196	0,222	0,205	0,241	0,259	0,276	0,225	0,182	0,159	0									
31	0,159	0,149	0,133	0,210	0,290	0,235	0,157	0,146	0,165	0,162	0								
32	0,144	0,158	0,162	0,210	0,245	0,227	0,198	0,165	0,181	0,179	0,125	0							
33	0,222	0,186	0,192	0,209	0,255	0,193	0,181	0,166	0,167	0,200	0,164	0,175	0						
34	0,191	0,155	0,119	0,192	0,285	0,229	0,141	0,166	0,213	0,254	0,160	0,142	0,205	0					
35	0,266	0,272	0,279	0,286	0,275	0,220	0,246	0,260	0,212	0,260	0,237	0,253	0,213	0,280	0				
36	0,240	0,181	0,178	0,276	0,313	0,280	0,219	0,174	0,224	0,220	0,167	0,215	0,200	0,209	0,259	0			
37	0,255	0,247	0,170	0,255	0,326	0,326	0,204	0,205	0,217	0,268	0,234	0,217	0,251	0,164	0,322	0,192	0		
38	0,211	0,189	0,173	0,241	0,263	0,220	0,210	0,187	0,222	0,222	0,194	0,228	0,177	0,250	0,216	0,137	0,235	0	
39	0,275	0,219	0,205	0,278	0,337	0,309	0,192	0,234	0,255	0,222	0,229	0,255	0,258	0,251	0,310	0,225	0,213	0,191	0

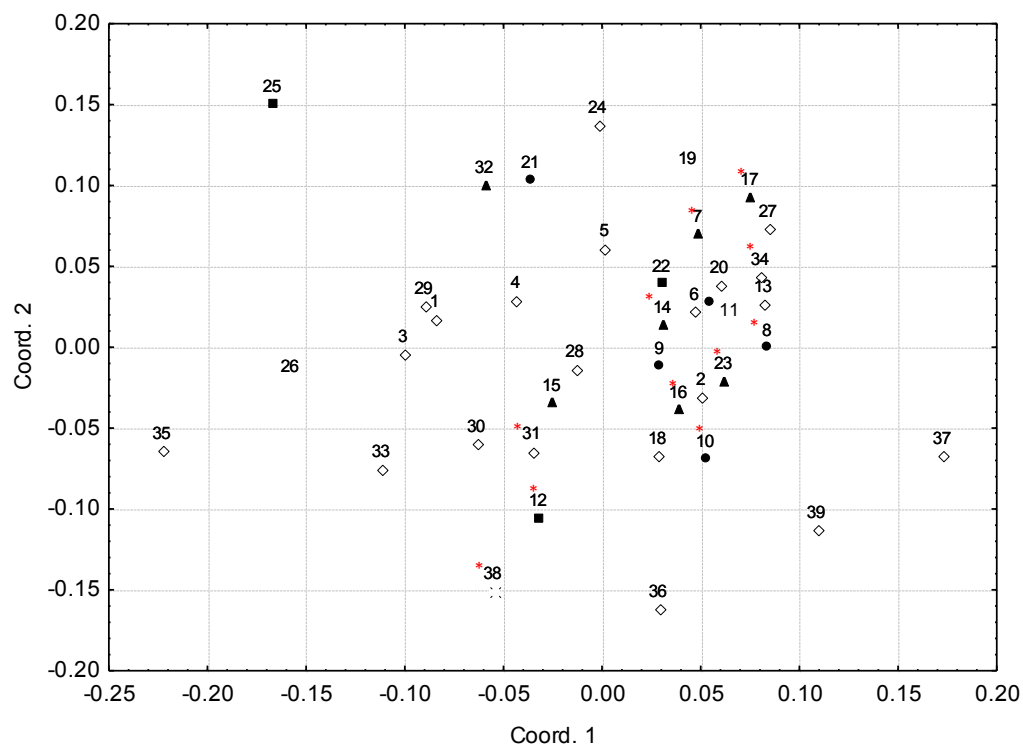
<sup>1</sup> 1. PFC 2001090, 2. CEV 96046, 3. PFC 213660, 4. PFC 99318, 5. PFC 213106, 6. PFC 2003122, 7. Alliot, 8. Foster, 9. C-70, 10. Lacey, 11. M 14, 12. CPAC 20011, 13. PFC 2005123, 14. CIMMYT 42, 15. CIMMYT 48, 16. CIMMYT 2, 17. CIMMYT 25, 18. PFC 2001049, 19. Danuta, 20. BRS 195, 21. BRS 180, 22. Cellar, 23. CPAC 20020098, 24. BRS Deméter, 25. Prestige, 26. Scarlett, 27. PFC 2004345, 28. BRS Sampa, 29. PFC 2004216, 30. BRS Elis, 31. PFC 98252, 32. Vicente Morales, 33. BRS Greta, 34. PFC 99324, 35. PFC 2004033, 36. PFC 214827-10, 37. Antártica-1, 38. Nandi, 39. FM 404.



**Figura 1.** Análise de agrupamento de 39 genótipos de cevada, com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando 160 marcadores RAPD. O método do UPGMA foi usado como critério de agrupamento. Os valores encontrados nos grupos indicam o valor percentual de vezes que os genótipos se agruparam em 500 ciclos de análise de *bootstrapping*. O valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) é de 0,81. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 2.** Dispersão gráfica de 39 genótipos de cevada com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando 160 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. (●) Materiais genéticos usados atualmente e (○) não usados em programas de melhoramento no Brasil. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 3.** Dispersão gráfica de 39 genótipos de cevada de diferentes origens geográficas com base na matriz de dissimilaridade genética calculada utilizando 160 marcadores RAPD. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. Origem dos materiais genéticos: (◇) Brasil; (▲) México; (■) Inglaterra; (+) Alemanha; (●) Estados Unidos e (\*) Austrália. \* Materiais hexásticos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

## 1.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELLAOUI, R.; M'HAMED, C. H.; NACEUR, B.; BETTAIEB-KAAB, L.; BEN HAMIDA. Morpho-physiological and molecular characterization of some Tunisian barley ecotypes. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 261-268, 2007.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007a. p. 263-268.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, Á. Á. do N.; ARAÚJO, D. S.; GUERRA, A. F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Introdução e avaliação de genótipos de cevada de ciclo médio no Cerrado em 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007b. p. 395-405. (Embrapa Trigo. Documentos, 76). Organizado por Euclides Minella.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; PEREIRA, V. C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; BARBOSA, F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2009a. 1 CD-ROM.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C.; NASCIMENTO, W. F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no cerrado em 2008. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD-ROM.
- BAUM, B. R.; MECHANDA, S.; SOLEIMANI, V. Identification of Canadian six row barley (*Hordeum vulgare* L) cultivars with primers derived from STSs obtained from RAPD diagnostic bands. **Seed Science and Technology**, v. 28, p. 445-466, 2000.
- BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 2009. 625 p.
- BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources managements. **Genome**, v. 31, p. 818-824, 1989b.
- BROWN, A. H. D. The case for core collections. In: BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **The use of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University Press, 1989a. p. 136-156.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: Aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows 2007, Viçosa, UFV.
- DAWSON, I. K.; CHALMERS, K. J.; WAUGH, R.; POWELL, W. Detection and analysis of genetic variation in *Hordeum spontaneum* populations from Israel using RAPD markers. **Molecular Ecology**. v. 2, p. 151-159, 1993.
- DIAMOND, J. M. **Armas, germes e aço**: [os destinos das sociedades humanas]. 10. ed. Rio de Janeiro: Record, 2008. 472 p.
- ECHART, C. L. **Heterogeneidade das hordeínas na cevada cultivada (*Hordeum vulgare*) e espécies nativas do sul do Brasil (*H. euclaston* e *H. stenostachys*)**. 1996. 120 f. Dissertação

(Mestrado em Genética e Biologia Molecular). Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, 1996.

EUROBARLEY. **Prestige**. Disponível em: <<http://www.eurobarley.com/Prestige/Press%20Room.htm>>. Acesso em: 25 mar. 2010.

FALEIRO, F. **Marcadores moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. (Comunicado Técnico, N°92).

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jun. 2012.

FERNÁNDEZ, M. E.; FIGUEIRAS, A. M.; BENITO, C. The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 104, n. 5, p. 845-851, 2002.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1996. 220 p. (EMBRAPA-CENARGEN. Documentos, 20).

FERREIRA, M. E.; MRETZSOHN, M. C.; BUSO, G. S. C. Fundamentos da caracterização molecular de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 377-420.

GONZÁLEZ, J. M.; FERRER, E. Random amplified polymorphic DNA analysis in *Hordeum* species. **Genome**, v. 36, p. 1029-1031, 1993.

HARLAN, J. R. On the origin of barley. In: **Barley: origin, botany, culture, winterhardiness, genetics, utilization and pests**. [s.l.: s.n.]: 1979. USDA-ARS Agricultural Handbook n° 338.

HOU, Y. C.; YAN, Z. H.; WEI, Y. M.; ZHENG, Y. L. Genetic diversity in barley from west China based on RAPD and ISSR analysis. **Barley Genetics Newsletter**, v. 35, p. 9-22, 2005.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. Genetic diversity in barley genetic diversity in local Tunisian barley based on RAPD and SSR analysis. **Biological Diversity and Conservation** 2/1. p. 27-35, 2009.

KROTH, M. A.; RAMELLA, M. S.; TAGLIARI, C.; FRANCISCO, A. Genetic similarity of brazilian hull-less and malting barley varieties evaluated by RAPD markers. **Scientia Agricola**, v. 62, n. 1, p. 36-39, 2005.

LUNDQVIST, U.; FRANCKOWIAK, J.; KONISHI, T. New and revised descriptions of barley genes. **Barley Genetics Newsletter**. v. 26, p. 22-516. 1997.

MARIS, A. F. **Caracterização isoenzimática de cultivares brasileiras de cevada (*Hordeum vulgare* L.)**. 1992. 107 f. Trabalho de conclusão de Curso de Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

- MILACH, S. C. K. **Marcadores de DNA**: aplicações no melhoramento de plantas. Porto Alegre, 1998. 41 p.
- MINELLA, E.; CIULLA, C.; OPPELT, D.; WOBETO, C.; NOVATZKI, M. Safra brasileira de cevada: resultados 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. p. 102-105.
- NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29-55.
- NEI, M.; LI, W. H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 76, p. 5269-5273, 1979.
- ORDON, F.; SCHIEMANN, A.; FRIEDT, W. Assessment of the genetic relatedness of barley accessions (*Hordeum vulgare* L.) resistant to soil-borne mosaic-inducing viruses (BaMMV, BaYMV, BaYMV-2) using RAPDs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 94, p. 325-330, 1997.
- RASMUSSEN, D. C.; PHILLIPS, R. L. Plant breeding progress and gene diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, v. 37, p. 303-310, 1997.
- RATH, F. **Malting characteristics of the new european spring barley variety Prestige**. 2001. Disponível em: <<http://www.eurobarley.com/PDF/VLB.pdf>>. Acesso em: 25 mar. 2010.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 98 p.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATS, T. **Molecular cloning**: a laboratory manual. 2nd. ed. New York: Cold Spring Harbor, 1989. 653 p.
- SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT ® 9.2 user's guide**. Cary, 2008. 7857 p. Disponível em: <<http://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/59654/PDF/default/statug.pdf>>. Acesso em: 8 mar. 2010.
- SELBACH, A.; CAVALLI-MOLINA, S. RAPD characterization of Brazilian barley (*Hordeum vulgare* ssp *vulgare*) varieties. **Euphytica**, v. 111, p. 127-135, 2000.
- SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: the principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. p. 573.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.
- STATSOFT INC. **Statistica for Windows** [Computer program manual] Tulsa: StatSoft Inc., 1999.
- TANYOLAC, B. Inter-simple sequence repeat (ISSR) and RAPD variation among wild barley (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) populations from west Turkey. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 611-614, 2003.

TODOROVSKA, E.; TRIFONOVA, A.; ATANASSOV, A. Genetic diversity among elite Bulgarian barley varieties evaluated by RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, v. 129, p. 325-336, 2003.

WEINING, S.; HENRY, R. J. Molecular analysis of the DNA polymorphism of wild barley (*Hordeum spontaneum*) germplasm using the polymerase chain reaction. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 42, p. 273-281, 1995.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of Plants in the Old World: the origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley**. 3rd. ed. Oxford: Oxford University Press, 2001. 328 p.

## **CAPÍTULO II**

**CARACTERIZAÇÃO E VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA  
COM BASE EM CARACTERES DE QUALIDADE INDUSTRIAL MALTEIRA  
AVALIADAS EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO**

**CHARACTERIZATION AND GENETIC VARIABILITY OF BARLEY ACCESSIONS  
IRRIGATED IN THE SAVANNAS BASED ON MALTING QUALITY TRAITS  
EVALUATED UNDER IRRIGATED SYSTEM IN THE BRAZILIAN SAVANNA**



# CARACTERIZAÇÃO E VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE CEVADA COM BASE EM CARACTERES DE QUALIDADE INDUSTRIAL MALTEIRA AVALIADAS EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO

## 2.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 30 acessos elite de cevada cervejeira irrigada no Cerrado, a partir de caracteres indicativos da qualidade industrial, como forma de avaliar o uso desses acessos em programas de melhoramento de cevada, visando à seleção de genótipos de qualidade malteira superior. Efetuaram-se as seguintes determinações analíticas: teor de proteínas totais, rendimento de extrato M.F. i.a., índice de Hartong VZ (45 °C), viscosidade 8,6 °P, cor após fervura (EBC), teor de nitrogênio solúvel, índice de Kolbach, friabilidade, vidrados e  $\beta$ -glucanas. Foi realizada a análise descritiva dos dados e estimados os coeficientes de distâncias genéticas entre cada par de acessos. A contribuição relativa de cada característica para a diversidade genética foi mensurada, assim como as correlações entre as características. Com base na matriz de distâncias genéticas, foram realizadas análises de agrupamento e dispersão gráfica e fundamentado nas análises de agrupamento, verificou-se a formação de dois grandes grupos de similaridade. O nitrogênio solúvel foi a variável que mais contribuiu para a variabilidade genética com 86,6%, seguido de  $\beta$ -glucanas com 12,5% de contribuição. Os resultados evidenciaram que existe variabilidade genética entre os genótipos de cevada avaliados para caracteres qualitativos malteiros passível de ser explorada no programa de melhoramento de cevada irrigada brasileiro e que a cevada cultivada no Cerrado está apta a ser incluída no processo produtivo nacional de malte.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., malte, diversidade genética, recursos genéticos.

# CHARACTERIZATION AND GENETIC VARIABILITY OF BARLEY ACCESSIONS IRRIGATED IN THE SAVANNAS BASED ON MALTING QUALITY TRAITS EVALUATED UNDER IRRIGATED SYSTEM IN THE BRAZILIAN SAVANNA

## 2.2 ABSTRACT

The purpose of the present study was to characterize and quantify the genetic variability of 30 elite barley malt accessions irrigated in the savannas, using traits related to the industrial quality, so that we could evaluate whether these accessions could be employed in improvement programs in the selection of better malt quality genotypes. The following analytical determinations were carried out: total protein content, extract yield M.F. i.a., Hartong Index VZ (45 °C), viscosity 8.6°P, boiled wort color (EBC), soluble nitrogen content, Kolbach index, friability and beta-glucans. The descriptive analysis of data was performed and also the coefficients of genetic distance were estimated among each pair of accessions. The relative contribution of each trait of genetic diversity was measured, as well as the correlations among them. According to the genetic distance matrix, the cluster analysis and scatter chart were made and through the cluster analysis, two major similarity groups were observed. The soluble nitrogen was the variable that contributed the most for the genetic variability (86.6%) followed by the  $\beta$ -glucans (12.5%). The results showed that there is a genetic variability among the barley genotypes evaluated for the malting quality traits. Therefore, it can be concluded that the barley should be used in the Brazilian irrigated barley improvement program and that the barley grown in the Savanna is ready to be included in the national malt process.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., malt, genetic diversity, genetic resources.

## 2.3 INTRODUÇÃO

A cevada é uma das primeiras plantas domesticadas pelo homem e tem servido como fonte regular de alimentação, participando dos mais diversos elos da indústria alimentícia e, principalmente, da indústria cervejeira (CATTIVELLI et al., 1994). É tida como o cereal mais antigo em cultivo e vem se mantendo entre os grãos mais produzidos, desde os primórdios da agricultura, em virtude de sua grande adaptabilidade, pelo uso tanto como alimento humano como animal e pela superioridade do seu malte para produção de cerveja (POMPEU, 1981). Sua principal utilização é na forma de grãos para o consumo humano e industrial (OSCARSSON, et al., 1996; BHATTY, 1999a; YALÇIN et al., 2007). Devido à potencialidade de uso de seus grãos, a cevada, para consumo humano, é inserida na categoria de alimento funcional, que é estudado e desenvolvido para cumprir sua função nutricional básica (FERNANDES et al., 2006).

No Brasil, o que determina a produção e o perfil qualitativo do grão é a indústria malteira que absorve aproximadamente 85% de toda a colheita, sendo o restante utilizado na alimentação humana, animal e como semente (AMABILE et al., 2004; AMABILE et al., 2007c; MINELLA, 2010). Dos 150 milhões de toneladas de cevada produzidas anualmente no mundo, o Brasil contribui com menos de 1% do total (FAOSTAT, 2010), sendo cultivada apenas nos estados do Sul do Brasil, São Paulo e, no Cerrado, em Goiás (CONAB, 2010).

A cevada é uma cultura alternativa ao sistema de produção irrigado do Cerrado, mostrando boa adaptação às condições edafoclimáticas desse bioma, baixa incidência de doenças e elevado potencial produtivo. Do ponto de vista industrial, a cevada produzida no Cerrado apresenta sementes limpas, sem a presença de fungos ou resíduos de pesticidas e sem período de dormência, podendo ser malteada logo depois da colheita, dispensando longos períodos de armazenagem para completar a maturação dos grãos (AMABILE, 2007).

Agronomicamente, a cevada sob irrigação no Cerrado tem se mostrado como uma cultura apta, apresentando potencial produtivo elevado, com rendimentos comerciais acima de  $5,0 \text{ t ha}^{-1}$ , uma excelente classificação comercial e qualidade de grãos (AMABILE et al., 2007c). Entretanto, apenas duas cultivares são cultivadas sob irrigação no Cerrado dos Estados de Goiás e São Paulo: BRS Sampa e a BRS 195. Assim, a oferta contínua de cultivares produtivas e, obrigatoriamente, com qualidade malteira é imperativa para a manutenção e o aumento da competitividade do agronegócio do malte. Para isto, é primordial realizar caracterizações e quantificações sistemáticas dos genótipos no ambiente desejado, no caso, o Cerrado.

Programas de melhoramento genético são dinâmicos e representam uma oportunidade de ofertar novos genótipos às exigências prementes dos sistemas agrícolas, contribuindo para

a pluralização desses sistemas, além de favorecer o regime técnico-econômico das *commodities* agrícolas. Nesse contexto, o estudo da divergência e das relações genéticas para os caracteres relacionados à qualidade industrial, entre acessos de cevada, torna-se estratégico, pois, por meio da caracterização, ofertam o conhecimento acerca das coleções de germoplasma (VALLS, 2007) e identificam os genótipos superiores que poderão ser utilizados em hibridações, como progenitores (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

Desta feita, o uso da variabilidade genética favorece a consolidação dos sistemas produtivos regionais, além de agregar valor de mercado ao novo produto agrícola. É certo que um dos elementos básicos na estratégia de melhoramento genético de plantas é obter fontes de variação genética de características importantes para a melhoria da adaptação, do rendimento e da qualidade das espécies cultivadas. Brown (1989) afirmou que as coleções de germoplasma foram estabelecidas com o intuito de preservar a diversidade genética existente, evitando a perda de genes e de combinações genéticas. A caracterização e a avaliação dessas coleções é fundamental importância na organização das coleções, definição de novas coletas e para a disponibilização do germoplasma para uso direto por produtores ou no melhoramento genético (WETZEL & FERREIRA, 2007).

Para Rasmusson (2001), a leitura sobre o melhoramento genético em cevada passa obrigatoriamente pela valoração dos recursos genéticos, por ocasião da caracterização do germoplasma para o estudo da qualidade malteira. Alguns autores preconizam a existência de uma base genética estreita da cevada cervejeira (WYCH & RASMUSSON, 1983; MANNINEN, 2000), ao passo que outros estudos mostram a presença de grande variabilidade entre as cultivares de cevada, em relação à qualidade malteira (TSUCHIYA et al., 1995; MOLINA-CANO et al., 1997; BHATTY, 1999b; CANCI et al., 2003; FOX et al., 2006). Wright (2001) sustentou que o uso do germoplasma de cevada com qualidade industrial deve ser amplamente testado, para servir à indústria e às novas áreas potencialmente favoráveis à produção de cevada, uma vez que a composição e as características da cevada têm grandes influências sobre as propriedades de processamento e sobre a qualidade dos produtos industriais gerados (BAIK & ULLRICH, 2008). Matus & Hayes (2002) afirmaram que os programas típicos de cevada malteira normalmente utilizam uma base genética estreita. Sendo assim, para iniciar um sistemático programa de melhoramento com ênfase tanto para o rendimento de grãos quanto para a qualidade malteira das variedades, há uma necessidade explícita do estudo sobre a variabilidade genética existente, principalmente, considerando genótipos elite. No Brasil são escassos os estudos sobre a variabilidade dos caracteres industriais relacionados à cevada cervejeira. Apesar do expressivo progresso com a introdução da cevada no Cerrado irrigado, até o momento pouco conhece da variabilidade

genética existente nos bancos de germoplasma no que tange a aspectos industriais do malte, bem como do desempenho desses acessos nesse ambiente.

No Cerrado brasileiro, a cevada foi introduzida, na década de 1970, como uma cultura de inverno irrigada (AMABILE et al., 2007c), com dois objetivos básicos: suprir a demanda interna de malte e fornecer ao agricultor do Brasil Central alternativa para diversificar e integrar os sistemas de produção irrigados, assegurando, assim, uma produção total mais estável (AMABILE, 2007). A obtenção de cevada cervejeira requer dos programas de melhoramento o atendimento não somente das demandas por rendimento produtivo, mas também por genótipos estáveis com uma adequada relação entre os caracteres de qualidade de malte solicitados pela indústria malteira. Ou seja, as cultivares geradas devem ter não só um potencial produtivo, mas também conferir ao produto final um perfil de qualidade industrial de malte que atenda à maioria das especificações da indústria cervejeira. Portanto, o melhoramento genético é a primeira estratégia para a obtenção de genótipos superiores de cevada e adaptados a novos ambientes e às necessidades industriais. No Brasil, o melhoramento com vistas à qualidade de malte vem sendo realizado há décadas no Sul do Brasil (MINELLA, 2010). Contudo, como os caracteres relacionados à qualidade do malte são afetados pelo ambiente (MOLINA-CANO et al., 1997), torna-se necessária a caracterização dos genótipos em ambientes específicos, no caso, o do Cerrado, para verificar a associação entre esses fatores.

Nesse sentido, os caracteres de qualidade industrial do malte como teor de proteínas totais, o extrato, o índice de Hartong, a viscosidade, a cor após fervura, o teor de nitrogênio solúvel, o índice de Kolbach, a friabilidade e a  $\beta$ -glucanas devem ser mensurados, estudados e utilizados como critério de seleção em um programa de melhoramento de cevada. Esses componentes da qualidade da cevada cervejeira representam grande contribuição na determinação do uso industrial.

Nesse contexto, objetivou-se, caracterizar e quantificar a variabilidade genética de 30 acessos elite de cevada cervejeira irrigada no Cerrado, a partir de caracteres indicativos da qualidade industrial, por meio da análise de micromalteio, como forma de avaliar a utilidade desses acessos em programas de melhoramento de cevada, visando à seleção de genótipos de qualidade malteira superior e, verificar o grau de associação entre os caracteres de qualidade.

## **2.4 MATERIAL E MÉTODOS**

O trabalho foi realizado no Laboratório de Qualidade de Malteria do Vale, Taubaté – SP. As amostras para realização de micromalteio foram provenientes do experimento realizado, em 2009, no Campo Experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, situada a

15°35'30" latitude S, 47°42'30" longitude O e altitude de 1.007 m, num solo classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso, sob sistema de irrigação convencional.

Foram avaliados 30 acessos elite de cevada cervejeira, de diversas origens (Tabela 1) da coleção elite de cevada da Embrapa Cerrados. Para a malteação, processo pelo qual ocorre a formação de enzimas (proteases e amilases) e modificação do endosperma (solubilização do amido), as amostras foram imersas em água por quatro horas, colocadas para secar por oito horas e, novamente imersas em água por duas horas. Após esse processo, as sementes foram colocadas para germinar, em condições padronizadas de temperatura, por quatro dias, sendo as temperaturas diárias, do primeiro ao quarto dia, respectivamente, de 22 °C, 20 °C, 18 °C e 16 °C. Em seguida, as amostras seguiram para o processo de secagem e torrefação por um período 22 horas, em estufa com circulação de ar, obedecendo à curva de secagem em um ciclo de quatro horas a 55 °C, 11 horas a 65 °C e três horas a 80 °C. Posteriormente, procedeu-se à torrefação num ciclo de duas horas a 83 °C e por mais duas horas a 85 °C, retornando para uma temperatura entre 25 °C e 30 °C, por cerca de três horas. A maceração, a germinação, a secagem e a torrefação foram realizadas num equipamento conjugado Seeger Typ A1-2008 nr 170/1 (maceração e germinação) e nr 170/2 (secagem e torrefação). A degerminação, processo pelo qual são retiradas as radículas formadas durante a germinação, foi realizada em painéis vibratórios. Em seguida, o malte obtido foi moído, em moinho universal Difu Bühler - modelo TZ 814 P - e submetido a um processo padrão de mosturação (Kongressmainchverfahren), normatizado pela EUROPEAN BREWERY CONVENTION (1997), possibilitando as comparações dos resultados em diferentes amostras, assim como seu potencial.

No mosto, obtido por esse processo, efetuaram-se as seguintes determinações analíticas: teor de proteínas totais (%), de acordo com o método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001), rendimento de extrato M.F. i.a. (%), índice de Hartong VZ (45 °C), viscosidade 8,6 °P (mPa.s), cor após fervura (EBC), teor de nitrogênio solúvel (mg/100g), índice de Kolbach (%), friabilidade (%), vidrados (%) e betaglucanas (mg.L<sup>-1</sup>), de acordo com a EUROPEAN BREWERY CONVENTION (1997).

Foi realizada a análise descritiva dos dados de cada acesso (média, desvio padrão, valores máximo e mínimo, variância e desvio padrão). Com base na média dos dados, foram estimados coeficientes de distância genética entre cada par de acesso com base na Distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), de acordo com Steel & Torrie (1980). A contribuição relativa de cada característica para a diversidade genética, também foi mensurada, utilizando o método de Singh (SINGH, 1981), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). As

correlações fenotípicas entre as características avaliadas foram estimadas, com base no coeficiente de correlação de Pearson, com o auxílio do programa estatístico Genes (CRUZ, 2007), em que:

$$\text{Coeficiente de correlação fenotípica} - r_f = \frac{C\hat{o}v_f(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2(X) \cdot \hat{\sigma}_f^2(Y)}}, \text{ onde:}$$

$C\hat{o}v_f$  = Estimador da covariância fenotípica entre dois caracteres  $X$  e  $Y$ ;

$\hat{\sigma}_f^2(X)$  = Estimador da variância fenotípica do caráter  $X$ ;

$\hat{\sigma}_f^2(Y)$  = Estimador da variância fenotípica do caráter  $Y$ .

O teste  $t$  foi empregado para testar a significância do  $r$  amostral, em que:

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \cdot \sqrt{n-2} \quad \text{sendo } n, \text{ o número de observações. Nesse caso, testa-se a hipótese de que a correlação seja "0".}$$

Para a classificação das correlações, foram adotados os intervalos propostos por Carvalho et al. (2004), onde as intensidades são tidas como: perfeita ( $|r| = 1$ ); fortíssima ( $0,90 \leq |r| < 1$ ); forte ( $0,60 \leq |r| < 0,90$ ); média ( $0,30 \leq |r| < 0,60$ ); fraca ( $0,00 < |r| < 0,30$ ) e nula ( $r = 0$ ).

Com base na matriz de distâncias genéticas, foram realizadas análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando como critério de agrupamento o método do UPGMA (*Unweighted pair-group method arithmetic average*) (SNEATH & SOKAL 1973). Realizou-se também a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais por meio do método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS INSTITUTE INC., 2008) e Statistica (STATSOFT INC., 1999).

O momento de parada do algoritmo de aglomeração [corte do dendrograma], com o objetivo de fixar o número de grupos, foi efetuado com base na distância genética média entre os genótipos. Para a estimativa do ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ) entre as distâncias genéticas originais e aquelas representadas pelo dendrograma entre os pares de genótipos, conforme Sokal & Rohlf (1962), por meio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000).

## 2.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A caracterização dos 30 acessos elite de cevada irrigada no Cerrado, com base nas 10 características relacionadas ao perfil da qualidade industrial de malte, mostra a variabilidade genética dos materiais (Tabela 2). Essa variabilidade é evidenciada pela estatística descritiva

(média, máximo, mínimo, desvio padrão e variância) dos caracteres malteiros (Tabela 2). Essa variabilidade dos acessos, nas condições do Cerrado, com base nas determinações analíticas das amostras de malte laboratoriais, também foi verificada em outros acessos caracterizados por Horsley et al. (1995), Bhatti & Rosnagel (1998), Kowalska et al. (2000), Bichoński & Śmiałowski (2004), Amabile et al. (2007a), Evans et al. (2010) e Verma & Sarkar (2010). A qualidade malteira da cevada é extremamente complexa sendo controlada por muitos genes e influenciada fortemente pelo ambiente (MATHER et al., 1997; FOX et al., 2003), em especial, por altas temperaturas do ar e pelo déficit de água durante o enchimento dos grãos (PASSARELLA et al., 2005). No Cerrado, Amabile et al. (2007a) descreveram que o fator ambiente influenciou, de forma intensa, os resultados de malte, em condições de cultivo irrigado. Dessa forma, genótipos respondem diferentemente em ambientes diversos (KACZMAREK et al., 1999), o que foi verificado com os genótipos elite testados no Cerrado. Adicionalmente, Molina-Cano et al. (1997) concluíram que a interação genótipo x ambiente causa variação imprevisível em características quantitativas da qualidade malteira.

Mediante as análises descritivas, verificou-se a existência de diferenças entre os genótipos em pelo menos um desvio padrão para os caracteres da qualidade industrial, à exceção da proteína total e da viscosidade, assinalando a existência de provável variabilidade genotípica entre os 30 acessos de cevada avaliados (Tabela 2).

Em relação à proteína, observa-se que os teores variaram de 11,6% (BRS 195) a 14,7% (PFC 2001090) e com um valor médio de 13,38% (Tabela 2). Esse resultado foi superior ao investigado por Amabile et al. (2007a) onde foi encontrado, para 57 genótipos testados em três ambientes do Cerrado, um índice médio de 12,87%. Contudo, naquele trabalho, a proteína da cultivar BRS 195 variou de 11,6% a 14,6% e um valor médio de 12,9%. Variação no teor proteico da cultivar BRS 195 foi observada, no Cerrado irrigado, por Amabile et al. (2005, 2007b e 2009a), e por Amabile et al. (2009b) para o genótipo PFC 2001090 (10,9% a 13%). A oscilação da proteína é tida como um dos grandes problemas da cevada no Cerrado brasileiro (GUERRA, 1995).

A instabilidade do teor de proteína dos grãos apontada por Silva & Andrade (1985) e Eagles et al. (1995) é desencadeada, além da quantidade de nitrogênio aplicada, pelas condições de estresse hídrico e pelos outros fatores ambientais impostos aos genótipos (CORRELL et al., 1994; MOLINA-CANO et al., 1997; TAMM, 2003; PASSARELLA et al., 2005; QI et al., 2005) e pela resposta de cada genótipo as essas influências. Esses fatores promovem grandes oscilações no teor de proteína dos grãos, desde valores muito baixos, em torno de 7% a 8%, até valores extremos, acima de 12%, nível máximo fixado em 12% por Brasil (1996), podendo, entretanto atingir valores de até 12,5% (FOX et al., 2003; BREWING



AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE, 2011). Pela Tabela 2, observa-se que, mesmo sendo genótipos elite – que apresentam teores adequados de proteína nos grãos - apenas sete detiveram teores abaixo de 12,5%, evidenciando uma interação genótipo x ambiente sobre essa variável, concordando com os dados de Molina-Cano et al. (1997). Provavelmente, as altas temperaturas do ar e as baixas umidades relativas do ar, que ocorrem no período de enchimento dos grãos no Cerrado, promoveram um acréscimo no teor de proteína, corroborando o estudo de Chapman & Carter (1976) que relataram que, em ambientes secos e quentes, os grãos de cevada acusaram elevados teores de proteína. Isto também foi constatado por Correll et al. (1994) e Passarella et al. (2005) ao afirmarem que altas temperaturas durante o enchimento dos grãos resultam numa diminuição em tamanho de grão e no aumento da proteína. Contudo, salienta-se que altas concentrações de proteína podem ser úteis quando aquelas disponíveis no mercado brasileiro forem baixas, porque se tornam um banco de proteína a ser utilizado para uma blendagem.

Certo número de atributos de qualidade de malte de cevada é fundamental para a identificação e liberação de variedades de malte. Trata-se, entre outros, da viscosidade, do índice Kolbach, da  $\beta$ -glucanas, da friabilidade e do extrato (FOX, 2008). Este autor considera o extrato um dos caracteres mais importantes do malte do ponto de vista econômico, apesar de ser difícil selecionar um genótipo quanto a essa variável. Analisando essa variável (Tabela 2), verificou-se que o extrato dos genótipos oscilou de 73,77% a 80,89%, sendo a média de 77,69%, valores estes superiores ao da normatização brasileira (BRASIL, 1977), para o malte torrado (65%). Entretanto, quando comparado com ao estabelecido na mesma portaria para o malte pilsen, apenas os genótipos CIMMYT 25, CIMMYT 42, CIMMYT 48 e PFC 99324 não atenderam (Tabela 2) às especificações descritas para genótipos hexásticos que é de 78%. Esses dados apontam o potencial do cultivo da cevada de seis fileiras de grãos, sob irrigação no Cerrado, bem como a possibilidade de hibridação daqueles genótipos que apresentaram um extrato condizente com as necessidades da indústria malteira, em blocos de cruzamento. Apenas as cultivares Scarlett (79,1%), Cellar (79,0%) e o genótipo PFC 2004345 (79,7%) tiveram índice de extrato superior ao limítrofe inferior fornecido por (BRASIL, 1977) para cevadas dísticas, em relação ao malte pilsen. As cultivares registradas BRS Deméter e BRS 195 e BRS Sampa, recomendadas para o Cerrado irrigado, não apresentaram um valor adequado (Tabela 2), de acordo com Brasil (1977). Para a cultivar BRS Deméter, Amabile et al. (2008) obtiveram um índice de extrato, com variação anual, porém superior a 79%. A mesma variação anual foi identificada por Silva et al. (2000) para a cultivar BRS 180. Esses resultados revelam que, mesmo um material genético já lançado como cevada cervejeira, pode não manter os índices de lançamento, sendo, portanto, influenciados pelas condições

ambientais (GRAUSGRUBER et al., 2002; PSOTA et al., 2009 e VERMA & SARKAR, 2010). Resultados similares foram relatados por Bichoński & Burek (2000a), em que diversas cultivares malteiras variaram o extrato de ano para ano, com índices abaixo do esperado, mas o que não descaracteriza a qualidade industrial do material genético. O mesmo foi citado por Kowalska et al. (2000), Grausgruber et al. (2002) e Lapitan et al. (2009), que encontraram grande variabilidade no extrato, em cultivares malteiras, em situações temporais.

O índice de Hartong VZ (45 °C), que avalia a atividade enzimática, exceção feita às  $\alpha$ -amilases e à solubilização proteica do malte, variou de 30,6 a 55,1 (Tabela 2). Nove acessos apresentaram valores abaixo do recomendado (38) por Brasil (1977), tanto para material de duas como para o de seis fileiras de grãos, evidenciando uma baixa atividade enzimática. Alto índice Hartong reflete uma boa modificação do malte (FUKUDA et al., 1999). Assim, os elevados valores obtidos indicam uma boa modificação do malte proveniente dos genótipos cultivados no Cerrado irrigado. De maneira geral, os genótipos mostraram um excelente desempenho, apesar de que, segundo Brasil (1977), valores acima de 50% não indicam alta qualidade do malte, o que aconteceu como acesso C 70, com 53,5% e a cultivar BRS Deméter com 55,1%. O valor obtido para a BRS Deméter foi elevado corroborando os dados de Amabile et al. (2008). A cultivar BRS 180 também manifestou um valor de 48,2, bem superior aos observados por Silva et al. (2000), em que variaram de acordo com o micromalteio realizado. Valores elevados podem ser explicados pelo estágio de modificação do malte, pelo processo de malteação usado ou, ainda, parcialmente elucidado pelo maior nível da degradação do amido, em conjugação com a maior termoestabilidade da  $\beta$ -amilase, conforme Ogushi (2002a).

A variação dos dados da viscosidade foi de 1,50 a 1,72 (Tabela 2), sendo consideradas altas segundo Brasil (1977), que ordena o valor máximo de 1,60. Alta viscosidade promove maior tempo de clarificação e dificuldades de filtração da cerveja. Da mesma tendência dos dados de extrato, as cultivares BRS 180 e BRS Deméter expuseram valores de viscosidade mais elevados do que os verificados por Amabile et al. (2008) e por Silva et al. (2000). Os elevados valores da viscosidade reparados podem estar relacionados ao alto teor proteico nos grãos conforme afirmação de Mather et al. (1997). Bhatti & Rosnagel (1998) afirmaram que as proteínas podem sofrer desnaturação ou podem se complexar com o amido e/ou com a  $\beta$ -glucana, contribuindo assim para o aumento da viscosidade. Ogushi et al. (2002b) afirmaram que viscosidade é mais fortemente influenciada por componentes genéticos do que por efeitos ambientais, o que pode explicar os resultados obtidos neste trabalho.

A cor após fervura está diretamente relacionada com a cor do produto final. Atualmente, é evidente a tendência de se obter baixos níveis de cor, para atender demanda

expressa da indústria malteira (SPIEL, 2010). A variação detectada entre os acessos foi de 4,2 a 14,1 (Tabela 2). Para o malte pilsen o valor máximo permitido é de 6,0 (BRASIL, 1977). Contudo, as cervejarias aceitam uma cor de cocção entre uma faixa de 6,0 a 7,5 (REINOLD, 1995). Observa-se que 16 acessos atenderam a especificação de Brasil (1977), enquanto 22 genótipos permaneceram dentro da recomendação de Reinold (1995), entre estas as cultivares BRS 180 (6,5) e BRS Deméter (8,7) (Tabela 2). Esse desempenho evidencia que as constituições genéticas desses materiais testados são promissoras quanto à cor para o malte tipo pilsen. Silva et al. (2000) descreveram, em duas malteações diferentes, valores acima de 6,0. Semelhante resultado foi encontrado para a cultivar BRS Deméter (AMABILE, 2008). Elevados valores da cor (EBC), são, por vezes, desejados, pois maltes que não o pilsen necessitam de índices mais elevados (CASTLE MALTING, 2010 e CRYER MALT, 2010).

Os índices Nitrogênio solúvel e Kolbach estão relacionados com a solubilização proteica do malte (EUROPEAN BREWERY CONVENTION, 1997). Durante a mosturação, a porção solúvel de nitrogênio é desmembrada. Quanto maior a atividade das enzimas proteolíticas durante a malteação, maior será o valor o nitrogênio solúvel. Observa-se na Tabela 2, que o N solúvel variou de 781 mg.100g<sup>-1</sup> (CEV 96046) a 1433 mg.100g<sup>-1</sup> (BRS Elis). Brasil (1977) expressa valores entre de 510 mg.100g<sup>-1</sup> e 960 mg.100g<sup>-1</sup>, sendo o valor em torno de 690, tido como ideal. Apenas seis genótipos apresentaram valores dentro do esperado para malte tipo pilsen: CEV 96046, PFC 213660, PFC 2003122, Vicente Morales, CIMMYT 25 e a BRS 195. Passarella et al. (2003) afirmaram que a quantidade de nitrogênio solúvel no mosto é importante para a sustentação do crescimento das leveduras e do metabolismo. Entretanto, um elevado índice de nitrogênio solúvel promove efeito negativo na estabilidade físico-química da cerveja. Dessa forma, os resultados obtidos, neste trabalho, indicaram a necessidade de um controle maior da atividade das enzimas proteolíticas durante a malteação.

O índice de Kolbach é importante para informar sobre a modificação da proteína e é fornecido pela relação entre o nitrogênio solúvel e o nitrogênio total (EUROPEAN BREWERY CONVENTION, 1997). O índice dos acessos variou entre 38,65% (PFC 213660) e 63,84% (BRS Elis) (Tabela 2). Nenhum genótipo apresentou índice menor que 38%, teor limítrofe inferior recomendado por Brasil (1977). Considerando o limite superior proposto por Fox (2009), de 49,9%, dezessete genótipos atenderam essa especificação. Tanto a BRS 180 como a BRS Deméter exibiram valores bem mais altos do que listado por Amabile et al. (2008) e Silva et al. (2000). Porém, Amabile et al. (2007a) detiveram valores que foram ora semelhantes, ora inferiores para essas cultivares, bem como para a Foster, Lacey, PFC 213660 e BRS 195, entre outras, indicando o que citaram Kaczmarek et al. (2002) e Sarkar et al.

(2008). Estes autores evidenciaram uma interação genético-ambiental para explicar a variabilidade desse índice.

A friabilidade é uma medida de modificação do grão de malte, principalmente sobre a filtrabilidade e homogeneidade. Os valores desse caráter estenderam-se desde 50,7% até 87,6%, onde exatamente 50% dos genótipos (Tabela 2) foram superiores ao valor mínimo fornecido por Fox (2009), da ordem de 70%. Esses resultados, quando confrontados com Amabile et al. (2007a) revelam a influência ambiental sobre esse caráter, o mesmo proposto por Ogushi et al. (2002b).

Em relação ao caráter vidrados, os valores oscilaram entre 0,2% (C 70) e 11,6% (Scarlett). Entretanto, cerca de 80% dos genótipos avaliados permaneceram abaixo do limite máximo recomendado por Brasil (1977), de 5%.

Mesmo com um elevado desvio padrão observado para o caráter  $\beta$ -glucanas (Tabela 2), apenas o genótipo PFC 2001090 mostrou um teor de  $270 \text{ mg L}^{-1}$  superior ao prescrito pelo comitê australiano Malting and Brewing Industry Barley Technical Committee (MBIBTC), da ordem de  $200 \text{ mg L}^{-1}$  (FOX, 2009). A média de  $71,8 \text{ mg L}^{-1}$ , foi bem inferior à obtida por Eagles et al. (1995) em que num estudo de duas coleções australianas obtiveram índices de  $509 \text{ mg L}^{-1}$  e  $374 \text{ mg L}^{-1}$ , com acessos atingindo valores exorbitantes, para cevada cervejeira, da ordem de  $1.556 \text{ mg L}^{-1}$ . É importante salientar que a cevada malteira deve apresentar teores baixos de  $\beta$ -glucanas (AASTRUP & ERDAL, 1980; BRENNAN et al., 1996; GALLANT et al., 1991), pois ela possui a propriedade de formação de coloides, podendo prejudicar o processo de fabricação de cerveja, mais precisamente a etapa de filtração. Ademais, sabe-se que  $\beta$ -glucanas são altamente influenciadas por fatores genéticos (POWELL et al., 1985; HENRY, 1986; MOLINA-CANO et al., 1997; OGUSHI et al., 2002b) mesmo que outros trabalhos considerem o efeito ambiental sobre essa variável (NARASIMHALU et al., 1995; FASTNAUGHT et al., 1996; ZHANG et al., 2001; YALÇIN et al., 2007). Aliando essa conjunção de informações aos resultados obtidos, constata-se que as constituições genéticas dos acessos avaliados podem e devem ser empregadas como genitores junto ao programa de melhoramento brasileiro de cevada. Esses resultados indicam, também, que o ambiente testado contribuiu para o bom desempenho dos genótipos para esse caráter.

A qualidade do malte é uma expressão do resultado de múltiplas interações entre variáveis de qualidade, e é relativamente difícil a escolha de um único caráter de qualidade para selecionar um genótipo. Ainda, o índice dos caracteres utilizados para medir a qualidade do malte tem sido questionado (MacCGREGOR, 1996), indicando uma limitação na predição de desempenho dos materiais genéticos. Dessa forma, avaliando o conjunto de informações acerca da qualidade dos genótipos testados, observou-se que os genótipos CPAC 20020098,

PFC 98252 e a BRS Deméter; PFC 2004345 e BRS Sampa (apesar da cor elevada), Foster, Scarlett, Lacey e PFC 2004216 (friabilidade baixa) e da cultivar Cellar (proteína elevada) expressaram uma boa associação entre os caracteres estudados, podendo ser selecionados como materiais malteiros.

Outra dificuldade no processo seletivo de genótipos malteiros são as correlações entre as características de qualidade. Na Tabela 3, foram apresentados os coeficientes de correlação fenotípica entre as características analisadas neste trabalho. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), o estudo das associações entre variáveis e a sua magnitude é importante, visto que a seleção de materiais, a adaptação e o planejamento do uso agrícola se dá mediante observação das relações possíveis que possam ocorrer entre as características observadas. Em muitos casos, as análises de correlações são primordiais, pois esclarecem as relações entre caracteres, sendo útil, principalmente, quando há dificuldade na seleção de um caráter, em razão de sua baixa herdabilidade ou se este for de difícil mensuração ou identificação (FALCONER, 1987; KUREK et al., 2002).

Como pode ser verificado na Tabela 3, houve grande variação no grau e no tipo de associação entre as características analisadas, sendo que nem todas possuíram relação de dependência entre si. Houve elevada correlação e de alta significância entre o índice Kolbach (KI) e o N (0,8534), mostrando o alto grau de dependência entre esses caracteres, contudo de ordem inversa (-0,406) ao observado por Ogushi et al. (2002b). Esses autores não esperavam esse resultado pelo fato de que  $KI = (N_{solúvel}/N_{total}) * 100$ . Houve forte correlação negativa e altamente significativa entre a friabilidade e vidrados (-0,7947) e uma média, mas significativa e positiva associação entre: Hartong e Kolbach; Hartong e N; Kolbach e friabilidade; e extrato e friabilidade, estas últimas também observadas por Fox (2008). Era de se esperar esse resultado entre Hartong e N, pelo fato de que Hartong avalia a atividade enzimática e a solubilização proteica do malte e esta está diretamente relacionada com o nitrogênio solúvel. Como o índice Kolbach, também denominado “grau de solubilização proteica”, é um valor que tem grande significado na avaliação da solubilização proteica do malte, ele está particularmente relacionado com o Hartong.

A exemplo de Molina-Cano et al. (1997) e Wang & Zhang (2009) foi detectada uma negativa e altamente significativa correlação entre  $\beta$ -glucanas e o índice Kolbach. O mesmo foi verificado para relação de dependência entre  $\beta$ -glucanas e o nitrogênio, corroborando os dados de Savin et al. (1997) e de Swanston (1997). Esses autores propuseram que baixos valores de  $\beta$ -glucanas estão relacionados com os altos níveis de nitrogênio e que proteína densa pode limitar a atividade de  $\beta$ -glucanases na parede celular do endosperma, favorecendo essa correlação negativa. Friabilidade e  $\beta$ -glucanas apresentaram uma correlação significativa

e negativa neste trabalho, o que também foi verificado por Fox (2008). Observou-se, ainda, uma correlação significativa e positiva entre o extrato e índice Kolbach, semelhante à Swanston & Ellis (1995) e Molina-Cano et al. (1997).  $\beta$ -glucanas foi correlacionada positiva e significativamente com a viscosidade, fato esse que pode ser explicado porque as  $\beta$ -glucanas são uma das causas do incremento da viscosidade (MATHER et al., 1997). Similar paridade foi averiguada por Molina-Cano et al. (1997), Bhatti (1999b) e Wang & Zhang (2009).

Outra correlação significativa, todavia fraca foi verificada entre a proteína e o N. A proteína é fornecida pela relação entre o nitrogênio total que multiplicado por 6,25, fornece o conteúdo total de proteínas, mas não pelo nitrogênio solúvel. Isso explica parte dessa baixa correlação. Por décadas, procura-se entender a relação entre proteína e extrato, sendo Bishop (1930) um dos pioneiros nesses estudos. Acredita-se que efeitos indiretos de um grupo de proteína ou de específicos componentes proteicos atuem sobre o extrato, entre elas a hordeína, que é a fração mais importante de proteínas de endosperma (BULMAN et al., 1994; FOX, 2008). A correlação entre esses dois fatores foi negativa e significativa, corroborando estudos de Eagles et al. (1995), Molina-Cano et al. (1997), Bichoński & Burek (2000b), Ogushi et al. (2002b), Emebiri et al. (2004 e 2005), Qi et al. (2005) e Chen et al. (2006). Essa relação pode ser explicada pelo fato de que o alto teor de proteína reduz a absorção de água durante a germinação reduzindo os níveis de extrato do malte (EMEBIRI et al., 2005). A dependência entre essas variáveis pode predizer uma seleção de genótipos com alto extrato, quando o teor proteico desses materiais genéticos for baixo, conforme mencionou Fox (2009). Não se observou demais correlações significativas entre os pares de variáveis estudados (Tabela 3), não sendo suficientes para inferir uma relação de subordinação entre elas.

Análises multivariadas dos 30 acessos de cevada com base nas características de qualidade malteira, permitiram a caracterização e a quantificação da variabilidade genética desses importantes materiais genéticos. Com base no método de Singh (1981), foi possível classificar a importância relativa das dez características avaliadas para a variabilidade genética, indicando que o nitrogênio solúvel foi a variável que mais contribuiu com 86,6%, seguido de  $\beta$ -glucanas com 12,5%, de contribuição (Tabela 2). Os índices de distâncias genéticas entre cada par de acesso, utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada, variaram entre 1,13 e 1,78, e a média foi de 1,36. Essa amplitude obtida reflete a ampla variabilidade genética dos acessos, condição essencial para futuros trabalhos de seleção e melhoramento genético. A menor distância genética foi verificada entre os genótipos PFC 214827-10 e PFC 2004033 (0,42). Os que apresentaram a maior divergência foram a cultivar BRS Elis e o genótipo mexicano CIMMYT 25 (2,58). Em relação à média das distâncias

genéticas, o genótipo PFC 214827-10 foi o que sustentou o menor valor absoluto (1,13), enquanto a cultivar BRS Elis figurou-se com a maior média com valor de 1,78.

A análise de agrupamento por meio de dendrograma, apresentou alto ajuste com a matriz de distâncias genéticas verificado pelo coeficiente de correlação cofenética alto ( $r = 0,88$ ) e significativo ( $p \leq 0,001$ ), sendo superior ao valor de 0,70 proposto por Rohlf (2000). Esse dado evidenciou consistência no ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas e a sua matriz original, o que assegura que sejam realizadas inferências por meio da avaliação visual do dendrograma (Figura 1). Essa análise de agrupamento auxilia os melhoristas na indicação dos genitores mais contrastantes para serem usados em blocos de cruzamentos, favorecendo o aparecimento de indivíduos segregantes e superiores geneticamente, com base na ação de genes complementares associados a características de interesse, que, no caso, são aquelas ligadas à qualidade industrial malteira.

Pela análise de agrupamento, observou-se a formação de dois grandes grupos, adotando-se como ponto de corte a distância genética média de 1,36 (Figura 1). O agrupamento de genótipos foi realizado para obter uma visão abrangente sobre a situação da qualidade da cevada irrigada no Cerrado. Cita-se que todos os genótipos oriundos do México, dos EUA, da Inglaterra e do Brasil, à exceção dos materiais provenientes da Alemanha, foram distribuídos entre esses dois grandes grupos. Os acessos elite de cevada analisados apresentaram alta variabilidade genética para os caracteres estudados, não sendo identificada tendência de agrupamentos específicos quanto à origem dos acessos (Figura 2). A explicação para esse fato é que os caracteres qualitativos são variáveis complexas e dependem da interação da expressão de grande número de genes (EMEBIRI et al., 2004; CECCARELLI et al., 2007) os quais não estão relacionados à origem geográfica dos acessos. Possivelmente, os acessos elite de cada origem analisados possuem uma grande variabilidade genética, a qual pode ter ocorrida durante o desenvolvimento dos materiais nos programas de melhoramento genético da cevada realizados em cada país de origem. Dessa forma, fundamentado na distância genética entre os acessos dos diferentes *clusters*, os genitores contrastantes podem ser selecionados e utilizados no programa de hibridação para a geração de maior variabilidade quanto à qualidade malteira, o que é recomendado por Sarkar et al. (2008).

Conforme comentado acima, a distribuição da variabilidade genética em função das diversas origens geográficas ocorreu de maneira dispersiva. Contudo, observou-se uma concentração dos genótipos de origem estadunidense com exceção do genótipo C-70 (Figura 2). Por sua vez, os materiais provenientes dos demais programas de melhoramento ficaram distanciados, o mesmo inferido por Verma & Sarkar (2010).

Com base nos dados de caracterização e de variabilidade genética, um possível cruzamento seria entre a cultivar inglesa Cellar, de comprovada qualidade malteira e os genótipos PFC 2004033 e PFC 214827-10 selecionados e adaptados às condições irrigadas do Cerrado, em função da sua constituição genética elite para rendimento de grãos (AMABILE et al., 2009b; AMABILE et al., 2011). O mesmo raciocínio se aplica as já consagradas cultivares malteiras BRS Deméter e a estadunidense Lacey com o acesso PFC 2001090 (AMABILE et al., 2009b). É provável que os indivíduos gerados das populações segregantes desses cruzamentos expressem alta heterozigose nos locos envolvidos, promovendo uma possibilidade de seleção que agregue os caracteres qualitativos com as variáveis agrônomicas adequadas para o ambiente irrigado do Cerrado.

Quanto aos materiais genéticos utilizados em programas de melhoramento genético no Brasil (Figura 3), atenta-se que sistematicamente, com o redirecionamento e a remodelação do programa de cevada irrigada brasileira, em 2000, os diversos acessos de cevada utilizados nos cruzamentos estão amplamente distribuídos dentro do agrupamento. Esses resultados mostram claramente a existência de ampla divergência genética no grupo de genótipos estudados, o que é fruto direto do fato de terem sido analisados materiais genéticos de origens e de programas de melhoramento diversos. A existência de expressiva variabilidade entre cultivares de cevada brasileira, mesmo que se reproduzindo por autofecundação, também foi detectada por Sarkar et al. (2008), Psota et al. (2009) e Verma & Sarkar (2010). Buscou-se através da introdução e do uso, nas hibridações, maior variabilidade de genótipos com características malteiras, visando atender o sistema de produção de cevada irrigada do Cerrado brasileiro. Verificando a dispersão dos acessos em relação a sua característica número de fileiras de espiga (hexástica/dística), quando comparado às duas primeiras coordenadas principais (Figura 4) notou-se que, como apresentado no dendograma obtido pelo método UPGMA, não ocorreu nenhuma tendência de agrupamento dos materiais genéticos hexásticos ou dísticos.

## **2.6 CONCLUSÕES**

Existe variabilidade genética entre os genótipos de cevada avaliados para caracteres qualitativos malteiros, devendo ser explorada no programa de melhoramento de cevada irrigada brasileiro.

Os caracteres qualitativos que mais contribuem para a divergência genética são: nitrogênio solúvel e  $\beta$ -glucanas.

A cevada cultivada no Cerrado está apta a ser incluída no processo produtivo nacional de malte.



## 2.7 TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Genótipos elite de cevada malteira e respectivas informações sobre uso ou não em programas de melhoramento no Brasil, origem e tipo de espiga. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

Nº	Genótipo	Genótipo usado no Brasil	Origem	Tipos de Espiga
1	PFC 2001090	Sim	Brasil	Dística
2	CEV 96046	Sim	Brasil	Dística
3	PFC 213660	Sim	Brasil	Dística
4	PFC 2003122	Sim	Brasil	Dística
5	Foster	Sim	EUA	Hexástica
6	C-70	Não	EUA	Dística
7	Lacey	Sim	EUA	Hexástica
8	M 14	Não	EUA	Dística
9	Alliot	Não	Inglaterra	Dística
10	PFC 2005123	Não	Brasil	Dística
11	CIMMYT 42	Não	México	Hexástica
12	CIMMYT 48	Não	México	Hexástica
13	CIMMYT 25	Não	México	Hexástica
14	Danuta	Sim	Alemanha	Dística
15	BRS 195	Sim	Brasil	Dística
16	BRS 180	Sim	EUA	Hexástica
17	Cellar	Sim	Inglaterra	Dística
18	CPAC 20020098	Sim	México	Hexástica
19	BRS Deméter	Sim	Brasil	Dística
20	Scarlett	Sim	Alemanha	Dística
21	PFC 2004345	Não	Brasil	Dística
22	BRS Sampa	Sim	Brasil	Dística
23	PFC 2004216	Não	Brasil	Dística
24	BRS Elis	Sim	Brasil	Dística
25	PFC 98252	Não	Brasil	Hexástica
26	Vicente Morales	Não	México	Hexástica
27	BRS Greta	Sim	Brasil	Dística
28	PFC 99324	Sim	Brasil	Hexástica
29	PFC 2004033	Sim	Brasil	Dística
30	PFC 214827-10	Não	Brasil	Dística

**Tabela 2.** Estatísticas descritivas relacionadas às características malteiras proteínas totais (P. Totais), extrato M.F. i.a. (Extrato), Hartong VZ (45 °C) (Hartong), viscosidade 8,6 °P (Visco.), cor após fervura EBC (Cor), nitrogênio solúvel i.a. (N. Solúvel), índice Kolbach (Kolbach), friabilidade (Friab.), vidrados EBC (Vidrados) e betaglucanas ( $\beta$ -glucanas) e a Contribuição Relativa para a Diversidade Genética (CRDG) de dez características malteiras avaliadas em 30 acessos de cevada malteira. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Genótipo</b>	<b>P. Totais (%)</b>	<b>Extrato (%)</b>	<b>Hartong</b>	<b>Visco. (mPa.s)</b>	<b>Cor</b>	<b>N. Solúvel (mg.100g<sup>-1</sup>)</b>	<b>Kolbach (%)</b>	<b>Friab. (%)</b>	<b>Vidrados (%)</b>	<b><math>\beta</math>-glucanas (mg.L<sup>-1</sup>)</b>
<b>PFC 2001090</b>	14,7	77,2	44,6	1,62	4,8	972	42,6	62,8	2,9	270
<b>CEV 96046</b>	12,5	76,1	31,9	1,61	6,5	781	39,2	54,6	5,2	119
<b>PFC 213660</b>	12,9	77,3	30,6	1,65	5,9	784	38,6	64,2	4,0	159
<b>PFC 2003122</b>	13,0	76,3	36,4	1,60	4,2	915	43,9	61,6	1,8	146
<b>Foster</b>	11,9	79,2	50,0	1,58	5,2	1019	53,8	77,4	1,2	62
<b>C-70</b>	14,3	77,7	53,5	1,57	9,3	1267	56,3	73,8	0,2	30
<b>Lacey</b>	12,9	80,2	48,7	1,62	4,9	1117	53,1	73,5	1,0	92
<b>M 14</b>	11,7	77,5	39,6	1,54	4,8	1026	55,8	62,2	4,6	31
<b>Alliot</b>	12,9	77,2	35,4	1,57	4,2	971	49,1	78,2	2,0	33
<b>PFC 2005123</b>	14,2	76,6	43,8	1,57	4,7	1122	49,7	58,3	6,7	25
<b>CIMMYT42</b>	14,6	77,5	38,3	1,67	4,5	1008	43,3	55,9	8,0	116
<b>CIMMYT 48</b>	14,2	77,1	49,7	1,52	8,3	1157	51,6	73,3	0,7	36
<b>CIMMYT 25</b>	12,8	75,3	41,4	1,67	4,3	812	40,1	50,7	8,5	84
<b>Danuta</b>	14,6	75,1	37,7	1,57	5,1	993	42,9	57,5	8,0	81
<b>BRS 195</b>	11,6	76,8	40,7	1,55	6,0	888	48,2	69,4	2,3	77
<b>BRS 180</b>	12,3	80,4	48,2	1,66	6,5	1062	54,9	74,9	1,6	143
<b>Cellar</b>	14,4	79,0	43,2	1,62	6,2	984	42,4	80,8	0,4	32
<b>CPAC 20020098</b>	12,3	80,9	50,7	1,52	8,8	1120	57,4	82,8	0,6	30
<b>BRS Deméter</b>	13,9	78,4	55,1	1,53	8,7	1151	52,2	80,6	2,7	25
<b>Scarlett</b>	13,5	79,1	38,1	1,50	5,9	980	46,8	56,5	11,6	40

Tabela 2. Continuação...

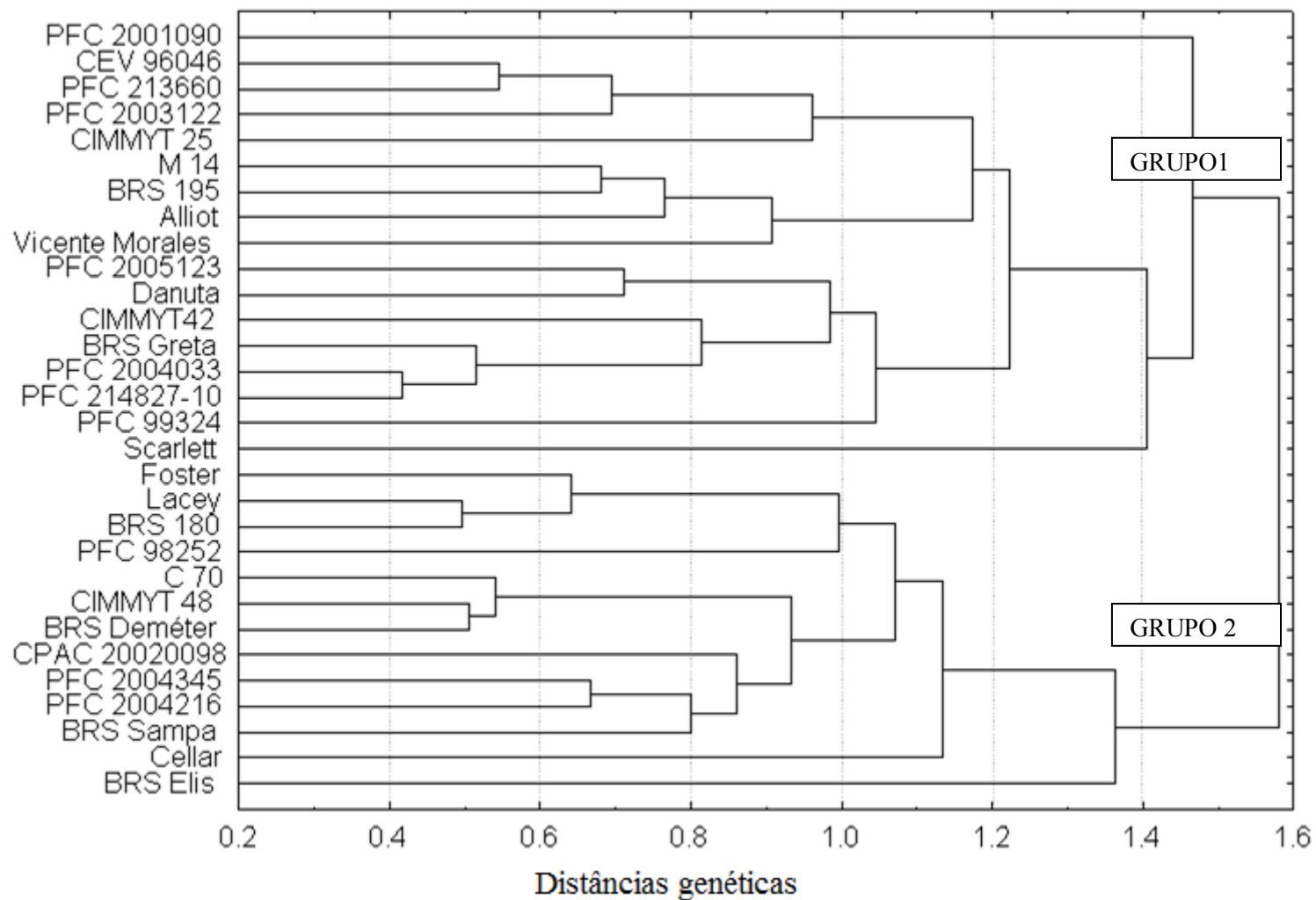
<b>Genótipo</b>	<b>P. Totais</b>	<b>Extrato</b>	<b>Hartong</b>	<b>Visco.</b>	<b>Cor</b>	<b>N. Solúvel</b>	<b>Kolbach</b>	<b>Friab.</b>	<b>Vidrados</b>	<b>β-glucanas</b>
<b>PFC 2004345</b>	12,7	79,7	39,9	1,59	10,1	1120	55,6	87,6	0,4	25
<b>BRS Sampa</b>	12,6	78,3	46,1	1,57	14,1	1095	53,3	83,0	1,0	43
<b>PFC 2004216</b>	13,3	77,6	43,2	1,58	7,7	1189	56,1	77,4	0,6	26
<b>BRS Elis</b>	14,2	76,8	47,3	1,58	13,7	1433	63,8	75,8	0,7	25
<b>PFC 98252</b>	13,6	78,0	48,0	1,68	6,7	1242	59,3	81,1	0,4	25
<b>Vicente Morales</b>	12,5	79,7	33,5	1,62	6,3	866	44,3	70,3	2,5	65
<b>BRS Greta</b>	14,5	76,7	37,4	1,72	4,9	1129	49,7	63,1	2,3	55
<b>PFC 99324</b>	14,1	73,8	41,5	1,65	7,5	1066	47,4	64,0	0,9	106
<b>PFC 2004033</b>	14,3	77,5	31,1	1,69	4,9	1077	47,7	62,8	3,5	70
<b>PFC 214827-10</b>	14,5	77,6	34,9	1,64	5,8	1113	48,1	68,3	3,6	83
<b>Mínimo</b>	11,6	73,8	30,6	1,50	4,2	781	38,6	50,7	0,2	25
<b>Média</b>	13,4	77,7	42,0	1,6	6,7	1048	49,6	69,4	3,0	71,8
<b>Máximo</b>	14,7	80,9	55,1	1,72	14,1	1433	63,8	87,6	11,6	270
<b>Desvio Padrão</b>	0,9674	1,614	6,7264	0,0557	2,5366	145,1061	6,3926	9,9931	2,9273	55,2283
<b>Variância</b>	0,9359	2,605	45,2448	0,0031	6,4345	21055,7749	40,865	99,8619	8,5693	3050,1655
<b>CRDG<sup>1</sup> (%)</b>	0,0038	0,0107	0,1861	0,0	0,0265	86,612	0,1681	0,4108	0,0352	12,5467

<sup>1</sup> Contribuição Relativa para a Diversidade Genética, utilizando o método de Singh.

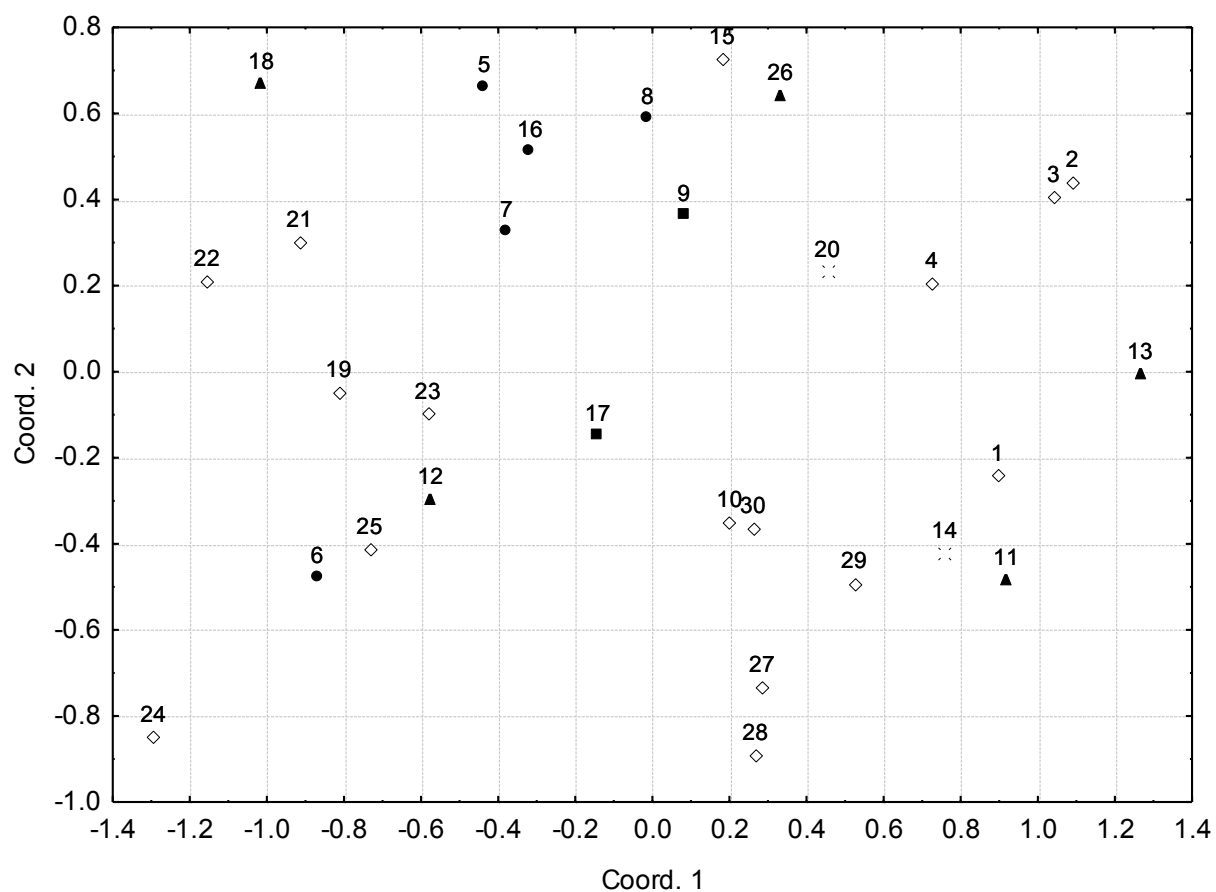
**Tabela 3.** Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres de qualidade malteiras proteínas totais (P. Totais), extrato M.F. i.a. (Extrato), Hartong VZ (45 °C) (Hartong), viscosidade 8,6 °P (Visco.), cor após Fervura EBC (Cor), nitrogênio solúvel i.a. (N. Solúvel), índice Kolbach (Kolbach), friabilidade (Friab.), vidrados EBC (Vidrados) e betaglucanas ( $\beta$ -glucanas) agrupadas. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Caracteres</b>	<b>P. Totais (%)</b>	<b>Extrato (%)</b>	<b>Hartong</b>	<b>Visco. (mPa.s)</b>	<b>Cor</b>	<b>N. Solúvel (mg.100g<sup>-1</sup>)</b>	<b>Kolbach (%)</b>	<b>Friab. (%)</b>	<b>Vidrados (%)</b>	<b><math>\beta</math>-glucanas (mg.L<sup>-1</sup>)</b>
<b>P. Totais (%)</b>	-	-0,36*	0,016	0,27	-0,02	0,38*	-0,14	-0,21	0,13	0,07
<b>Extrato (%)</b>		-	0,336	-0,20	0,18	0,17	0,39*	0,60**	-0,28	-0,21
<b>Hartong</b>			-	-0,37*	0,44*	0,61**	0,64**	0,54**	-0,42*	-0,28
<b>Visco. (mPa.s)</b>				-	-0,32	-0,13	-0,29	-0,25	-0,035	0,39*
<b>Cor</b>					-	0,57**	0,57**	0,59**	-0,45*	-0,38*
<b>N. Solúvel (mg.100g<sup>-1</sup>)</b>						-	0,85**	0,52**	-0,45*	-0,50**
<b>Kolbach (%)</b>							-	0,66**	-0,54**	-0,57**
<b>Friab. (%)</b>								-	-0,79**	-0,44*
<b>Vidrados (%)</b>									-	0,15
<b><math>\beta</math>-glucanas (mg.L<sup>-1</sup>)</b>										-

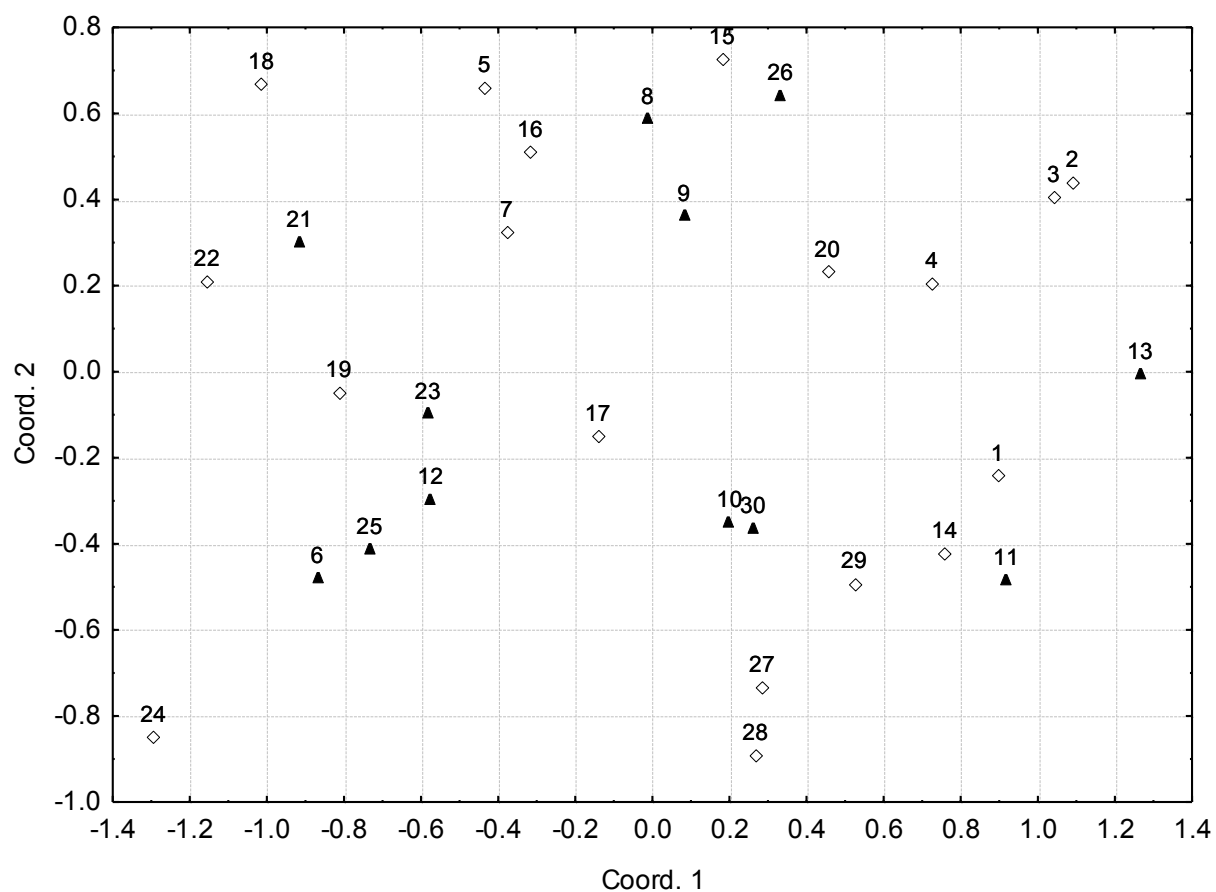
\*\*, \* Significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.



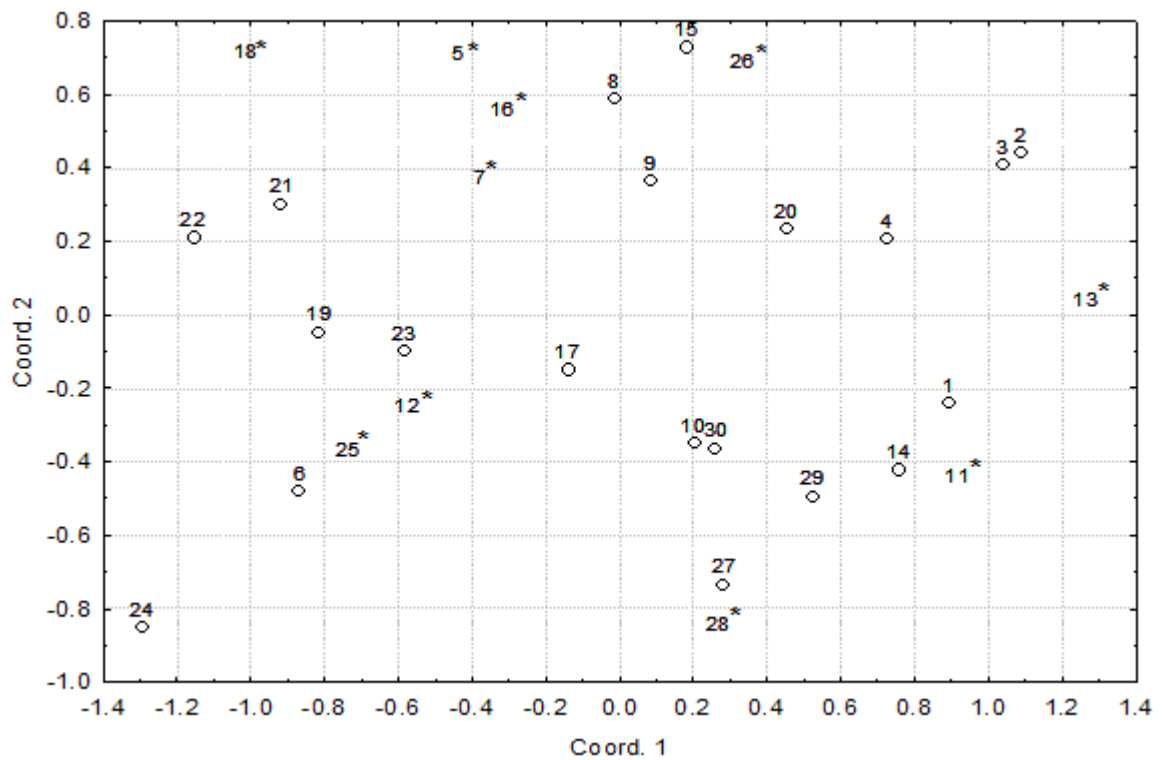
**Figura 1.** Análise de agrupamento de 30 genótipos de cevada, com base na matriz de distâncias genéticas calculada com base na Distância Euclidiana Média Padronizada, utilizando dez caracteres relacionados à qualidade malteira. O método do UPGMA foi usado como critério de agrupamento. O valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) é de 0,88. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 2.** Dispersão gráfica de 30 acessos de cevada com base na matriz de distâncias euclidianas médias padronizadas calculadas utilizando dez características relacionadas à qualidade malteira. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. Origem dos materiais genéticos: (◇) Brasil; (▲) México; (■) Inglaterra; (\*) Alemanha e (●) Estados Unidos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 3.** Dispersão gráfica de 30 acessos de cevada com base na matriz de distâncias euclidianas médias padronizadas calculadas utilizando dez características relacionadas à qualidade malteira. Os números correspondem aos acessos da Tabela 1. (◇) Materiais genéticos utilizados atualmente e (▲) não utilizados em programas de melhoramento no Brasil. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 4.** Dispersão gráfica de 30 acessos de cevada com base na matriz de distâncias euclidianas médias padronizadas calculadas utilizando dez características relacionadas à qualidade malteira. (\*) Materiais hexásticos, (o) Materiais dísticos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



## 2.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AASTRUP, S.; ERDAL, K. Quantitative determination of endosperm modification and its relationship to the content of 1,3:1,4- $\beta$ -glucans during malting of barley. **Carlsberg Research Communication**, n. 45, p. 369-379, 1980.

AMABILE, R. F. Cevada: um exemplo de cultura alternativa para o sistema irrigado do Cerrado. In: FALEIRO, G. F.; SOUSA, E. dos S. de (Ed.). **Pesquisa, desenvolvimento e inovação para o Cerrado**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. p. 69-72.

AMABILE, R. F.; AQUINO, F. G.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; FERRARI, R.; CIULLA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FERNANDES, F. D. Qualidade industrial do malte proveniente de genótipos de cevada cervejeira cultivados sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS : Embrapa Trigo, 2007a. p. 430-442. (Embrapa Trigo. Documentos, 76).

AMABILE, R. F.; ARAÚJO, D. S.; FERNANDES, F. D.; INÁCIO, Á. Á. do N.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; GUERRA, A. F.; RAMOS, M. L. G. Efeito das doses de nitrogênio, via fertirrigação, na produção e qualidade de cevada malteira. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009a. 1 CD Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD Rom.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; INÁCIO, Á. Á. do N.; ARAUJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; CARVALHO, F. H. Qualidade fisiológica e sanitária da cultivar de cevada (*Hordeum vulgare* L.) cervejeira BRS 195 produzida em diferentes locais do estado de Goiás. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007b. p. 754-766.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; LOPES, F. G.; FIDELIS, L. R. G.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; GOMES, A. C. Análise de linhagens de cevada dística sob irrigação no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25., 2005, Guarapuava. **Anais...** Guarapuava, PR: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2005. p. 141-154.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; MONTEIRO, V. A.; SAYD, R. M.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; CAPETTINI, F.; GUEDES, K. B. Comportamento de genótipos de cevada em análise de VCU sob condição irrigada no Cerrado em 2010. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 28., 2011, Guarapuava, PR. **Anais...** Guarapuava, PR: FAPA, 2011. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, F. A.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; LOPES, F. G.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação do comportamento de genótipos de

- cevada hexástica irrigada no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 24., 2004, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2004. p. 134-141.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007c. p. 263-268.
- BAIK, B. K.; ULLRICH S. E. Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. **Journal of Cereal Science**, v. 48, p. 233-242, 2008.
- BHATTY, R. S.  $\beta$ -glucan and flour yield of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 314-315, 1999a.
- BHATTY, R. S. The potential of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 589-599, 1999b.
- BHATTY, R. S.; ROSSNAGEL, B. G. Comparison of pearled and unpearled canadian and japanese barleys. **Cereal Chemistry**, v. 75, n. 1, p. 15-21, 1998.
- BICHONSKI, A.; BUREK, J. Wartość browarna i plonowanie rodów jęczmienia ozimego ocenianych w latach 1989-1998. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 153-160, 2000a. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Bewaring quality and yielding of winter barley lines rated in the years 1989-1998.
- BICHONSKI, A.; BUREK, J. Zmienność i współzależność pomiędzy wybranymi cechami jakościowymi jęczmienia ozimego browarnego. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 161-166, 2000b. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Variability and interdependences between some qualitative traits of winter barley malting forms.
- BICHONSKI, A.; ŚMIAŁOWSKI, T. Relationships and correlations between brewery traits of the spring barley varieties. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 2. Disponível em: <<http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue2/food/art-06.html>>, 2004.> Acesso em: 25 mar. 2011.
- BISHOP, L. R. The Institute of Brewing Research Scheme: I. The prediction of extract. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 36, p. 421-434, 1930.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 166, de 12 de abril de 1977. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 18 maio 1977. Seção 1, p. 5974.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de novembro de 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 25 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.
- BRENNAN, C. S.; HARRIS, N.; SMITH, D.; SHEWRY, P. R. Structural differences in the mature endosperms of good and poor malting barley cultivars. **Journal of Cereal Science**, v. 24, n. 2, p. 171-177, 1996.
- BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE. **Quality factors in malting barley**. Disponível em: <<http://www.bmbri.ca/>>. Acesso em: 30 ago. 2011.

BROWN, A. H. D. The case for core collections. In: BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **The use of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University Press, 1989. p. 136-156.

BULMAN, P.; ZARKADAS, C. G.; SMITH, D. L. Nitrogen fertilizer affects amino acid composition and quality of spring barley grain. **Crop Science**, v. 34, p. 1341-1346, 1994.

CANCI, P. C.; NDUULU, L. M.; DILL-MACKY, R.; MUEHLBAUER, G. J.; RASMUSSEN, D. C.; SMITH, K. P. Genetic relationship between kernel discolouration and grain protein concentration in barley. **Crop Science**, v. 43, p. 1671-1679, 2003.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142 p.

CASTLE MALTING. **Types of malt**. Disponível em: <<http://www.castlemalting.com/CastleMaltingOrders.asp?Command=Specifications&Language=English>>. Acesso em: 02 set. 2010.

CATTIVELLI, L.; DELOGU, G.; TERZI, V.; MICHELE, A. Progress in barley breeding. In: SLAFER, G. A. (Ed.). **Genetic improvement of field crops**. New York: Marcel Dekker, 1994. 470 p.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; CAPETTINI, F.; BAUM, M. Barley Breeding for Sustainable Production. In: KANG, M.; PRIYADARSHAN, P. M. (Ed.). **Breeding major food staples**. Ames, Iowa: Blackwell Publishing, 2007. p. 193-216.

CHAPMAN, S. R.; CARTER, L. P. **Crop production: principles and practices**. San Francisco: Montana State University, 1976. 566 p.

CHEN, J.; DAI, F.; WEI, K.; ZHANG, G. Relationship between malt qualities and  $\beta$ -amylase activity and protein content as affected by timing of nitrogen fertilizer application. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 7, n. 1, p. 79-84, 2006.

CONAB. **Análise de safras**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 14 ago. 2010.

CORRELL, R.; BUTLER, J.; SPOUNCER, L.; WRIGLEY, C. The relationship between grain-protein content of wheat and barley and temperatures during grain filling. **Australian Journal of Plant Physiology**, v. 21, p. 869-873, 1994.

CRUZ C. D.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2. 585 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows – 2007. Viçosa, MG: UFV, 1997. v. 1. 442 p.

CRYER MALT. Disponível em: <<http://www.cryermalt.co.nz/index.php?id=1>>. Acesso em: 03 set. 2010.

EAGLES, H. A.; BEDGGOOD, A. G. J.; PANOZZO, F.; MARTIN, P. J. Cultivar and environmental effects on malting quality in barley. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 46, p. 831-844, 1995.

EMEBIRI, L. C.; MOODY, D. B.; HORSLEY, R.; PANOZZO, J. F.; READ, B. J. The genetic control of grain protein content variation in a double haploid population derived from a cross between Australian and North American two-rowed barley lines. **Journal of Cereal Science**, v. 41, p. 107-114, 2005.

EMEBIRI, L. C.; MOODY, D. B.; PANOZZO, J. F.; READ, B. J. Mapping of QTL for malting quality attributes in barley based on a cross of parents with low grain protein concentration. **Field Crops Research**, v. 87, p. 195-205, 2004.

EUROPEAN BREWERY CONVENTION ANALYTICA - EBC. **Nurnberg**: verlang hans carl, getränke – fachverlag, Germany, 1997.

EVANS, D. E.; DAMBERGS, R.; RATKOWSKY, D.; LI, C.; HARASYMOW, S.; ROUMELIOTIS, S.; EGLINTON, J. K. Refining the prediction of potential malt fermentability by including an assessment of limit dextrinase thermostability and additional measures of malt modification, using two different methods for multivariate model development. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 116, n. 1, p. 86-96, 2010.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 14 ago. 2010.

FASTNAUGHT, C. E.; BERGLUND, P. T.; HOLM, E. T.; FOX, G. J. Genetic and environmental variation in  $\beta$ -glucan content and quality parameters of barley for food. **Crop Science**, v. 36, 941-946, 1996.

FERNANDES, L. R.; XISTO, M. D.; PENNA, M. G.; MATOSINHOS, I. M.; LEAL, M. C.; PORTUGAL, L. R.; LEITE, J. I. A. Efeito da goma guar parcialmente hidrolisada no metabolismo de lipídeos e na aterogênese de camundongos. **Revista de Nutrição**, v. 19, n. 5, p. 563-571, 2006.

FOX, G. P.; KELLY, A. M.; CAKIR, M.; BLOUSTEIN, G.; POULSEN, D. M. E.; INKERMAN, P. A.; HENRY, R. J. Genetic impacts of the hull on barley grain quality. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 112, n. 2, p. 101-107, 2006.

FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. 2008. 179 f. PhD thesis. Southern Cross University. Lismore, Australia, 2008.

FOX, G. P. Chemical composition in barley grains and malt quality. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 63-98.

FOX, G. P.; PANOZZO, J. F.; LI, C. D.; LANCE, R. C. M.; INKERMAN, P. A.; HENRY, R. J. Molecular basis of barley quality. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 54, p. 1081-1101, 2003.

FUKUDA, K.; SAITO, W.; ARAI, S.; AIDA, Y. Production of a novel proanthocyanidin-free barley line with high quality. **Production of a Novel Proanthocyanidin-free Barley Line**, v. 105, n. 3, p. 179-183, 1999.

GALLANT, D. J.; MONREDON, F. de; BOUCHET, B.; TACON, P.; DELORT-LAVAL, J. Cytochemical study of intact and processed barley grain: *options méditerranéennes – série séminaires*. **New Trends in Barley Quality for Malting and Feeding**, n. 20, p. 31-34, 1991.

GRAUSGRUBER, H.; BOINTNER, H.; TUMPOLD, R.; RUCKENBAUER, P. Genetic improvement of agronomic and qualitative traits of spring barley. **Plant Breeding**, v. 121, p. 411-416, 2002.

GUERRA, A. F. Tensão de água no solo: efeito sobre a produtividade e qualidade dos grãos de cevada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 245-254, 1995.

HENRY, R. J. Genetic and environmental variation in the pentosan and  $\beta$ -glucan contents of barley, and their relation to malting quality. **Journal Cereal Science**, v. 4, n. 3, 269-277, 1986.

HORSLEY, R. D.; SCHWARZ P. B.; HAMMOND, J. J. Genetic diversity in malt quality of North American six-rowed spring barley. **Crop Science**, v. 35, n. 1, p. 113-118, 1995.

KACZMAREK, J.; ADAMSKI, T.; SURMA, M.; JEŻOWSKI, S.; LEŚNIEWSKA-FRTCZAK, M. Genotype-environment interaction of barley double haploids with regard to malting quality. **Plant Breeding**, v. 118, p. 243-247, 1999.

KACZMAREK, Z.; SURMA, M.; ADAMSKI, T.; JEŻOWSKI, S.; MADAJEWSKI, R.; KRYSTKOWIAK, K.; KUCZYŃSKA, A. Interaction of gene effects with environments for malting quality of barley doubled haploids. **Journal of Applied Genetics**, v. 43, n. 1, p. 33-42, 2002.

KOWALSKA, M.; BICHOŃSKI, A.; BUREK, J. Wartość zagranicznych odmian jęczmienia browarnego w warunkach Polski w porównaniu z odmianami i rodami hodowli krajowej. **Biul. IHAR**, n. 214, p. 115-127, 2000. Título e texto em polonês. Título equivalente: Quality of foreign cultivars and lines of spring barley in conditions of Poland in comparison with home-bread cultivars.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Coeficiente de correlação entre caracteres agrônômicos e de qualidade de grãos e sua utilidade na seleção de plantas de aveia. **Ciência Rural**, v. 32, n. 3, p. 371-376, 2002.

LAPITAN, N. L. V.; HESS, A.; COOPER, B.; BOTHA, A. M.; BADILLO, D.; IYER, H.; MENERT, J.; CLOSE, T.; WRIGHT, L.; HANNING, G.; TAHIR, M.; LAWRENCE, C. Differentially expressed genes during malting and correlation with malting quality phenotypes in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 118, p. 937-952, 2009.

MacGREGOR, A. W. Malting and brewing science: challenges and opportunities. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 102, p. 97-102, 1996.

MANNINEN, O. **Genetic mapping of traits important in barley breeding**. 2000. 53 f. Dissertation Academic. University of Helsinki. Division of Genetics. Department of Biosciences. Faculty of Science and Agricultural Research Centre of Finland. Plant Production Research, Crops and Soil, Jokioinen. Disponível em: <<http://ethesis.helsinki.fi/julkaisut/mat/bioti/vk/manninen/>>. Acesso em: 14 ago. 2010.

- MATHER, D. E.; TINKER, N. A.; LABERGE, D. E.; EDNEY, M.; JONES, B. L.; ROSSNAGEL, B. G.; LEGGE, W. G.; BRIGGS, K. G.; IRVINE, R. B.; FALK, D. E.; KASHA, K. J. Regions of the genome that affect grain and malt quality in a North American two-row barley Cross. **Crop Science**, v. 37, p. 544-554, 1997.
- MATUS, A.; HAYES, P. M. Canadian access to full text made available through the Depository Services Program. **Genome**, v. 45, n. 6, p. 1095-1106, 2002.
- MINELLA, E. Demanda em alta, produção em baixa. **A Granja**, n. 738. p. 43-45, jun/2010.
- MOLINA-CANO, J. L.; FRANCESCH, M.; PEREZ-VENDRELL, A. M.; RAMO, T.; VOLTAS, J.; BRUFAU, J. Genetic and environmental variation in malting and feed quality of barley. **Journal Cereal Science**, v. 25, n. 1, p. 37-47, 1997.
- NARASIMHALU, P.; KONG, D.; CHOO, T. M.; FERGUSON, T.; THERRIEN, M. C.; HO, K. M.; MAY, K. W.; JUI, P. Effects of environment and cultivar on total mixed-linkage  $\beta$ -glucan content in Eastern and Western Canadian barleys (*Hordeum vulgare* L.). **Canadian Journal of Plant Science**, v. 75, p. 371-376, 1995.
- OGUSHI, K.; BARR, A. R.; TAKAHASHI, S.; ASAKURA, T.; TAKOI, K.; ITO, K. Lofty nijo: A high quality malting barley variety released from an australian-japanese collaboration. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 108, n. 1, p. 13-18, 2002a.
- OGUSHI, K.; LIM, P.; BARR, A. R.; TAKAHASHI, S.; ASAKURA, T.; ITO, K. Japanese barley meets Australia: quality performance of malting barley grown in different countries. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 108, n. 3, p. 303-309, 2002b.
- OSCARSSON, M.; ANDERSON, R.; SALOMONSSON, A. C.; AMAN, P. Chemical composition of barley samples focusing on dietary fiber components. **Journal of Cereal Science**, v. 24, p. 161-170, 1996.
- PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; ABELEDO, L. G.; SLAFER, G. A. Malting quality as affected by barley breeding (1944–1998) in Argentina. **Euphytica**, v. 134, p. 161-167, 2003.
- PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; SLAFER, G. A. Breeding effects on sensitivity of barley grain weight and quality to events of high temperature during grain filling. **Euphytica**, v. 141, p. 41-48, 2005.
- POMPEU, J. M. de C. Cevada: uma cultura para rotação com feijão ou soja. **Lavoura Pecuária**, p. 49-51, ago. 1981.
- POWELL, W.; CALIAGARI, P. D. S.; SWANSTON, J. S.; JINKS, J. L. Genetic investigations into  $\beta$ -glucan content in barley. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 71, p. 461-466, 1985.
- PSOTA, V.; HARTMANN, J.; SEJKOROVÁ, Š.; LOUČKOVÁ, T.; VEJRAŽKA, K. 50 years of progress in quality of malting barley grown in the Czech Republic. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 115, n. 4, p. 279-291, 2009.
- QI, J.; CHEN, J.; WANG, J.; WU, F.; CAO, L.; ZHANG, G. Protein and hordein fraction content in barley seeds as affected by sowing date and their relations to malting quality. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 6, n. 11, p. 1069-1075, 2005.

RASMUSSEN, D. C. Learning about Barley Breeding. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium**: proceedings of an International Symposium. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 1-6.

REINOLD, M. R. **O processo de elaboração do mosto**. São Paulo, SP: Aden, 1995. 47 p.

ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 98 p.

SARKAR, B.; VERMA, R. P. S.; MISHRA, B. Genetic diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 68, n. 2, p. 163-170, 2008.

SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT® 9.2 user's guide**. Cary, 2008. 7857 p. Disponível em: <<http://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/59654/PDF/default/statug.pdf>>. Acesso em: 8 mar. 2010.

SAVIN, R.; STONE, P. J.; NICOLAS, M. E.; WARDLAW, I. F. Grain growth and malting quality of barley 2: effects of temperature regime before heat stress. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 48, p. 625-634, 1997.

SILVA, A. R.; ANDRADE, J. M. V. A cultura de cevada na estação seca com irrigação nos Cerrados do DF. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 4, n. 3, p. 305-316, 1985.

SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F.; MINELLA, E.; ARIAS, G. BRS 180: cevada cervejeira para cultivo irrigado no Cerrado, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1689-1694, 2000.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic diversity. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: the principles and practice of numerical classification. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. p. 573

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.

SPIEL, G. **Current and future trends in barley quality requirements**. Disponível em: <[http://www.cdesign.com.au/proceedings\\_abts1999/papers/Gary\\_Spiel.pdf](http://www.cdesign.com.au/proceedings_abts1999/papers/Gary_Spiel.pdf)>. Acesso em: 28 ago. 2010.

STATSOFT INC. **Statistica for windows** [Computer program manual] Tulsa: StatSoft Inc., 1999.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics a biometrical approach**. 2nd. ed. New York: McGraw-Hill Publishing, 1980. 633 p.

SWANSTON, J. S. Waxy starch barley genotypes with reduced,  $\beta$ -glucan contents. **Cereal Chemistry**, v. 74, p. 452-455, 1997.

SWANSTON, J. S.; ELLIS, R. P. Differences in malting performance between barleys grown in Spain and Scotland. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 101, n. 4, p. 261-265, 1995.

- TAMM, U. The variation of agronomic characteristics of European malting barley varieties. **Agronomy Research**, v. 1, p. 99-103, 2003.
- TSUCHIYA, Y.; ARAKI, S.; SAHARA, H.; TAKASHIO, M.; KOSHINO, S. Identification of malting barley varieties by genome analysis. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 79, p. 429-432, 1995.
- VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 281-305.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 80, n. 6, p. 493-500, 2010.
- WANG, J. M.; ZHANG, G. P.  $\beta$ -glucans and Arabinoxylans. In: ZHANG, G.; LI, C. (Ed.). **Genetics and improvement of barley malt quality**. Dordrecht: Springer; Hangzhou: Zhejiang University Press, 2009. p. 113-142.
- WETZEL, M. M. V. S.; FERREIRA, F. R. Sistema de curadorias de germoplasma. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 858.
- WRIGHT, L. Malting barley for new millennium. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium: proceedings of an International Symposium**. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 28-33.
- WYCH, R. D.; RASMUSSEN, D. C. Genetic improvement in malting barley cultivars since 1920. **Crop Science**, v. 23, p. 1037-1040, 1983.
- YALÇIN, E.; ÇELİK, S.; AKAR, T.; SAYIM, I.; KÖKSEL, H. Effects of genotype and environment on  $\beta$ -glucan and dietary fiber contents of hull-less barley grown in Turkey. **Food Chemistry**, v. 101, p. 171-176, 2007.
- YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.
- ZHANG, G.; CHEN, J.; WANG, J.; DING, S. Cultivar and environmental effects on (1 $\rightarrow$ 3, 1 $\rightarrow$ 4)- $\beta$ -D-glucan and protein content in malting barley. **Journal of Cereal Science**, v. 34, n. 3, p. 295-301, 2001.



## **CAPÍTULO III**

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA COM BASE EM  
CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS AVALIADAS EM SISTEMA DE  
PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO**

**GENETIC VARIABILITY IN ELITE BARLEY GENOTYPES BASED ON THE  
AGRO-MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS EVALUATED UNDER  
IRRIGATED SYSTEM IN THE BRAZILIAN SAVANNA**

# VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS ELITE DE CEVADA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS AVALIADAS EM SISTEMA DE PRODUÇÃO IRRIGADO NO CERRADO

## 3.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética de 39 genótipos elite de cevada com base em características morfoagronômicas avaliadas em sistema de produção irrigado no Cerrado. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições, em maio de 2009, na Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, localizada a 15°35'30" S de latitude, 47°42'30" L de longitude e 1.007 m de altitude, num LATOSSOLO VERMELHO argiloso. Foram avaliadas as características: distância do último nó à ráquis, distância da folha bandeira à ráquis, comprimento da espiga, número de grãos por espiga, área da folha bandeira, altura de plantas, espigamento, grau de acamamento, rendimento de grãos, peso de mil sementes, teor de proteína e classificação comercial de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância, e as médias foram utilizadas para estimar a distância genética entre todos os pares de genótipos, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Utilizando a matriz de distâncias genéticas foram realizadas análises de agrupamento, tendo como critério o método do UPGMA. Foram observadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características avaliadas. O elevado coeficiente de variação genético evidencia a possibilidade de obter ganhos genéticos para todas as características. As características que mais contribuíram para a variabilidade foram a área foliar da folha bandeira e o espigamento, enquanto o teor de proteína e o acamamento foram as que menos contribuíram. Com base nas análises de agrupamento, verificou-se a formação de pelo menos três grandes grupos de similaridade. Uma tendência de agrupamento dos materiais dísticos e hexásticos foi verificada. Os genótipos PFC 2005123, Antártica-1, Nandi e FM 404 foram os mais divergentes em relação aos demais.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., diversidade genética, melhoramento genético, recursos genéticos.

# GENETIC VARIABILITY IN ELITE BARLEY GENOTYPES BASED ON THE AGRO-MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS EVALUATED UNDER IRRIGATED SYSTEM IN THE BRAZILIAN SAVANNA

## 3.2 ABSTRACT

The purpose of this study was to assess the genetic variability in 39 elite barley genotypes based on the agro-morphological traits of a crop irrigated in the Savanna system. An irrigation experiment in the design of complete randomized block with four replicates was conducted, in May 2009, at Embrapa Cerrados (Federal District - Brazil) located at 15°35'30" S latitude, 47°42'30" E longitude and 1.007 m of altitude. The morphoclimatic domain is Savanna, with tropical seasonal climate (Aw), in a Dark Red Latossol, clay texture. The following traits were evaluated: distance from the last knot to the rachis, distance from the flag leaf to rachis, spike length, number of grains by ear, flag leaf area, plant height, silking, lodging, grain yield, thousand-seed weight, protein content and grain commercial classification. The analysis of variance was used to evaluate the data and the means were used to estimate the genetic distance among all genotypes pairs based on the Mahalanobis' generalized distance. Cluster analysis using genetic distance matrix was performed having UPGMA as the criteria. Highly significant differences were found among the genotypes for all traits evaluated. The high coefficient of genetic variation indicates the possibility of having genetic gains for all traits. The traits that most contributed to the variability were the flag leaf area and silking, while the protein content and lodging were the traits that contributed the least. Based on the cluster analysis, at least three major groups of similarity were found. A clustering trend of two and six-rowed materials was found. The most divergent genotypes were PFC 2005123, Antártica-1, Nandi and FM 404 in relation to other.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., genetic diversity, genetic breeding, genetic resources.

### 3.3 INTRODUÇÃO

O sistema de produção agrícola do Cerrado tem agregado inovações tecnológicas provenientes das necessidades crescentes de diversificação de cultivo irrigado. Espécies anteriormente consideradas inaptas ou marginais têm se mostrado plenamente adaptadas à região, como a cevada que é o quarto cereal mais semeado no mundo (FAOSTAT, 2010). No Brasil começou a ser produzida comercialmente a partir de 1930, contudo somente foi inserida no Cerrado quatro décadas após (MINELLA, 1999a). Desde então, a cultura vem se destacando por sua adaptação às condições edafoclimáticas locais, baixa incidência de doenças e elevado potencial produtivo, apresentando alto potencial para integrar o sistema de produção irrigado do Cerrado (AMABILE et al., 2007a). Considerada como alimento funcional (FERNANDES et al., 2006) seu uso estende-se como fonte de alimentação humana, nas formas integral e transformados industriais, e ainda como alimento animal (FONTANELI et al., 2007).

A cevada foi introduzida no bioma Cerrado como uma cultura de inverno, tendo como objetivos básicos suprir a demanda interna de malte e fornecer ao agricultor do Cerrado alternativa para diversificar e integrar o sistema de produção irrigado, assegurando, assim, uma produção total mais estável. A demanda por essa *commodity* é crescente, e a produção nas regiões tradicionais, como nos estados do Sul, está longe de atender as necessidades do mercado, cujo déficit é suprido com importações que oneram a balança comercial nacional, aumentando a vulnerabilidade do Brasil no que tange à produção de malte. Resultados recentes de pesquisa indicam que o Cerrado tem potencial para suprir essa demanda por grãos de cevada, dando oportunidade e oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais (AMABILE et al., 2009 a, b, c).

Para o desenvolvimento da cevada no Cerrado, o melhoramento genético da cultura é estratégico e uma importante demanda para a pesquisa (DUBOC et al., 2009). Um programa de melhoramento genético tem como premissa básica fornecer novas constituições genéticas qualitativa e quantitativamente superiores. A oferta contínua de genótipos adaptados é imperativa para a manutenção e aumento da competitividade do agronegócio da cevada, podendo ser obtida pela introdução e geração de genótipos. O progresso genético, nos programas de melhoramento, depende da amplitude da diversidade genética disponível no germoplasma utilizado (POEHLMAN & SLEPER, 1995) e da taxa em que os caracteres desejáveis são herdáveis, para a aplicação dos mais eficientes procedimentos de melhoramento (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003). Dessa forma, é essencial a caracterização e a avaliação da diversidade genética, objetivando a organização do germoplasma, a identificação de genitores, a recomendação de cultivares para determinadas

regiões, tanto para a obtenção de populações com ampla variabilidade genética, como para a busca das melhores combinações gênicas nas progênies (CRUZ et al., 1994; MOHAMMADI & PRASANNA, 2003; CRUZ et al., 2004), uma vez que a diversidade expressa a diferença entre as frequências alélicas das populações (FALCONER & MACKAY, 1996). O estudo da diversidade genética passa, necessariamente, pela caracterização e avaliação da variabilidade morfológica de caracteres qualitativos e quantitativos (MOREIRA et al., 1994; VALOIS, 1998; WETZEL & FERREIRA, 2007). A caracterização da diversidade genética da cevada é um componente importante de informação para a conservação e a utilização dos recursos de germoplasma existente (KNÜPFER & HINTUM, 1995; BAUM et al., 2000; AHMAD et al., 2008) e para a valoração dos recursos genéticos dessa espécie (RASMUSSEN, 2001).

Existe divergência quanto à magnitude da variabilidade genética dos acessos utilizados em programas de melhoramento genético de cevada malteira. Wych & Rasmusson (1983), Manninen, (2000) e Matus & Hayes (2002) indicaram o uso de uma base genética estreita nos programas devido a restrições do uso de novas cultivares pela indústria malteira (HAYES et al., 2003), enquanto outros estudos indicam o uso de grande variabilidade existente no germoplasma mundial (OSTER, 1987; BOTHMER, 1991; TSUCHIYA et al., 1995; MOLINA-CANO et al., 1997; BHATTY, 1999; LASA et al., 2001; MANJUNATHA et al., 2007; VERMA & SARKAR, 2010) e também nas coleções de germoplasma no Brasil (ARIAS, 1995; MINELLA, 1999b).

Considerando a existência de grande variabilidade genética, Wright (2001) sustentou que o uso do germoplasma de cevada, com qualidade industrial, deve ser amplamente testado para selecionar genótipos superiores em ambientes específicos. Entretanto, no Brasil, e especificamente no Cerrado, são escassos os estudos sobre a variabilidade genética da cevada. Mesmo com o progresso dos estudos da cevada irrigada no Cerrado, poucas informações acerca da variabilidade genética existente nas coleções de germoplasma são disponíveis na literatura, bem como sobre o desempenho desses acessos nesse ambiente.

No melhoramento genético, as técnicas de análise multivariada são comumente usadas para a predição da divergência genética entre acessos e, entre eles, os métodos aglomerativos têm sido muito utilizados. Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos e, assim, conhecer a estrutura genética da população (SNEATH & SOKAL, 1973; MARDIA et al., 1979; JOHNSON & WICHERN, 1982). Esses métodos dependem de medidas de divergências estimadas previamente e, dentre essas médias, a distância generalizada  $D^2$  de Mahalanobis tem sido atestada, com propriedade, nos estudos de divergência genética em cevada (SOLEIMANI et al., 2005; ALAM et al., 2007;

KUCZYŃSKA et al., 2007; KARIM et al., 2010; SETOTAW et al., 2010), uma vez que é tida como mais robusta, por considerar as correlações residuais entre os caracteres analisados (ARUNACHALAM, 1981).

Diante desse contexto, objetivou-se neste trabalho estudar e quantificar a variabilidade genética de 39 acessos elite de cevada, avaliados em sistema de produção irrigado no Cerrado, a partir de caracteres morfoagronômicos, componentes de produção e teor de proteína.

### 3.4 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 39 acessos elite de cevada de diversas origens, dística e hexástica, cervejeira e nua, incluindo-se as testemunhas BRS 180 e BRS 195, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados (Tabela 1). O experimento foi conduzido, sob sistema de irrigação convencional, no Campo Experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, em 2009, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, num LATOSSOLO VERMELHO Distrófico típico, argiloso. A área, de acordo com Köppen, está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989), cujos dados climatológicos, durante a condução do ensaio, foram: temperatura mínima, média e máxima do ar de 13,8 °C, 20,7 °C e 27,9 °C, respectivamente; umidade mínima, média e máxima do ar, correspondentemente, de 29,9%, 53,5% e 79,3%; velocidade do vento de 1,9 m s<sup>-1</sup>, 444,9 cal/cm<sup>2</sup>/dia de radiação solar e na ausência de chuvas. Os resultados médios das análises do solo (10-20 cm), conforme EMBRAPA (1997), indicaram ausência de Al; 38,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 8,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 24,69 mg kg<sup>-1</sup> de P; 6,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de K; 23,0 g kg<sup>-1</sup> de M.O.; e pH<sub>(água)</sub> de 6,07; areia grossa = 60 g kg<sup>-1</sup>; areia fina = 380 g kg<sup>-1</sup>; silte = 130 g kg<sup>-1</sup> e argila = 430 g kg<sup>-1</sup>.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas foram de 6 linhas de 5 metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, com uma densidade de 300 plantas m<sup>2</sup>. O preparo do solo constou da incorporação dos restos culturais de soja, com arado de discos de 32'', seguido de uma gradagem com a grade niveladora de 20''. Utilizou-se o herbicida Pendimethalin em pré-emergência na dosagem 3,0 L ha<sup>-1</sup>. Foram aplicados, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N por ocasião do surgimento da quinta folha plenamente expandida (AMABILE et al., 2007a).

As irrigações, por aspersão, foram efetuadas com base na umidade volumétrica do solo ( $\theta$ ), medida por uma sonda de perfil (Profile probe Delta-T) instalada na linha de plantio, nas profundidades de 0,10 m; 0,20 m e 0,30 m. As regas ocorreram quando a umidade, na

profundidade de 0,10 m, atingia valores em torno de  $0,26 \text{ cm}^3 \cdot \text{cm}^{-3}$ , o que correspondeu ao consumo de 50% da água disponível, conforme a curva característica de umidade da área (GUERRA et al., 2003). A quantidade de água por irrigação foi calculada com base nas leituras diárias da sonda, elevando-se a umidade no perfil de solo, de 0 a 0,35 m, até a capacidade de campo ( $0,35 \text{ cm}^3 \cdot \text{cm}^{-3}$ ), com uma lâmina líquida total de irrigação de 420 mm.

Foram avaliados os seguintes caracteres do colmo principal: 1. DNR - distância do último nó à ráquis (cm); 2. DFBR - distância da folha bandeira à ráquis (cm); 3. CESP - comprimento da espiga (cm); 4. NGESE - número de grãos por espiga; 5. AFB - área da folha bandeira - durante a fase linear do enchimento de grãos, sendo a área da folha bandeira determinada pelo programa ImageJ (RASBAND, 2006); e ainda: 6. ESP - espigamento (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis), em dias; 7. ALT - altura de plantas (cm); e ainda: 1. ACAM - grau de acamamento (dados transformados em  $\arcsen X^{0,5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); 2. REND - rendimento estimado de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); 3. PMS - peso de mil sementes (g) (BRASIL, 2009); 4. PROT - teor de proteína total (%) pelo método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001) e 5. CLASS - classificação comercial de primeira (%), de acordo com Brasil (1996).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância (SCOTT & KNOTT, 1974). Foram também estimados os coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ), genético ( $CV_g$ ) e o coeficiente de correlação relativa ( $CV_r$ ), para cada uma das características, com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Para a análise de variância, de cada caracter, foi considerado modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$ , onde:  $Y_{ij}$  = valor observado relativo da característica da i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;  $\mu$  = média geral;  $G_i$  = efeito da i-ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );  $B_j$  = efeito do j-ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ );  $\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório (fatores não controlados),  $\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

A distância genética foi estimada, entre todos os pares de acessos, pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{2 \text{ ij}}$ ), definida pela expressão:  $D_{2 \text{ ij}} = (X_i - X_j)' E^{-1} (X_i - X_j)$ , em que:  $X_i$  e  $X_j$  são os vetores médios associados aos acessos i e j respectivamente;  $E^{-1}$  é a matriz de covariância residual obtida na análise da variância multivariada (CRUZ et al., 2004). Baseadas na matriz de distâncias genéticas foram realizadas análises de agrupamento, por meio de dendograma, utilizando o método hierárquico aglomerativo da média aritmética não ponderada entre pares (UPGMA) como critério de agrupamento (SNEATH & SOKAL 1973). A dispersão gráfica foi gerada de escalas multidimensionais usando o método das coordenadas principais, com auxílio do Programa SAS (SAS Institute Inc., 2008) e Statistica (Statsoft Inc., 1999). O momento de parada do algoritmo de aglomeração [corte do

dendograma], com o intuito de definir os de grupos de similaridade, foi realizado conforme Sobral (2009), a uma distância morfológica de 25% no agrupamento hierárquico. Para a estimativa do ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ) entre as distâncias genéticas originais e aquelas representadas pelo dendrograma entre os pares de acessos, conforme Sokal & Rohlf (1962), através do programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). A contribuição relativa dos caracteres avaliados quanto à diversidade genética foi mensurada empregando-se o método de Singh (SINGH, 1981), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

### 3.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análises de variância revelaram diferenças altamente significativas entre os genótipos, evidenciando a existência de variabilidade genética dos acessos elite de cevada quanto aos caracteres analisados (Tabela 2). Essa variabilidade era esperada, considerando que a coleção de trabalho da Embrapa Cerrados é formada de acessos elite hexásticos e dísticos de diversas origens (Tabela 1). Além das diferenças genéticas, também verificadas por Molina-Cano et al. (1997); Lasa et al. (2001); Žáková & Benkov (2006); Abdellaoui et al. (2007); Manjunatha et al. (2007); Karim et al. (2009) e Verma & Sarkar (2010), a resposta diferenciada dos genótipos a ambientes diversos, ou seja, a interação genótipo x ambiente pode aumentar a variação dos caracteres quantitativos nos diferentes acessos de cevada (MOLINA-CANO et al., 1997; KACZMAREK et al., 1999).

O experimento apresentou adequada precisão experimental. Com base no valor de F, a precisão experimental foi considerada apropriada para ensaios de avaliação genotípica, uma vez que os valores logrados foram superiores a 2,0 (Tabela 2), conforme o prescrito por Resende & Duarte (2007). Com base nos coeficientes de variação ambiental ( $CV_e$ ), os valores de pequena magnitude, com exceções dos observados para os caracteres ACAM e DFBR (Tabela 2) evidenciam também a adequada precisão experimental. Costa et al. (2002) e Žáková & Benková (2006) já haviam verificado valores elevados para acamamento, uma vez que esse caráter é muito influenciado pelo ambiente e por apresentar dificuldade de determinação devido à falta de acuidade visual.

Outras estatísticas que consideram a variância genotípica, como a herdabilidade e o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), evidenciam a variabilidade genética dos acessos de cevada avaliados neste trabalho (Tabela 2). Altos valores de herdabilidade e  $CV_g$  são determinantes para uma eficaz inferência sobre o valor genotípico do material genético a partir das avaliações fenotípicas (RESENDE, 2002). A relação  $CV_g/CV_e$ , que quantifica a variabilidade genotípica disponível (SANTOS, 1985) e infere acerca das possibilidades de



êxito no melhoramento genético (VENCOVSKY, 1987), foi extremamente superior a uma unidade para várias características, excetuando-se para PROT e ACAM (Tabela 2). Quando o valor de  $CV_g$  é superior ao  $CV_e$ , pode-se dizer que a característica é favorável a processos de seleção e ganhos genéticos na específica condição experimental.

Foram constatadas diferenças estatisticamente significativas entre as médias dos acessos de cevada pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância para todas as características avaliadas (Tabela 2). O agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott mostrou a formação de 2 a 9 grupos de similaridade. As características com menor grupo de médias foram o teor de proteína e o acamamento e a de maior número de grupos foi a área da folha bandeira.

A distância média do último nó à ráquis (DNR) foi de 21,97 cm, oscilando entre 14,4 cm para cultivar Prestige a 30,8 cm (CIMMYT 48), sendo identificados cinco grupos pelo teste de Scott-Knott (Tabela 2). Para Pinthus (1973), a distância internodal, devido a sua estrutura e característica morfológica, pode vir a promover o acamamento. Entretanto, observou-se que o acamamento ocorreu em todos os grupos formados, independentemente da distância DNR obtida.

A distância média da folha bandeira à ráquis (DFBR) foi de 0,363 cm, com o genótipo PFC 2004216 apresentando uma disposição negativa da espiga em relação à folha bandeira, de -5,53 cm e a cultivar estadunidense Foster um extrusamento positivo da espiga de 10,04 cm. Todos os genótipos norte-americanos e mexicanos apresentaram um comportamento positivo similar, independente de serem dísticas ou hexásticas, mesmo estando em grupos distintos pelo teste de Scott-Knott. Atualmente, o programa de cevada brasileira busca selecionar genótipos com extrusamento negativo, pelo fato de a folha bandeira proteger a espiga de uma possível quebra do pedúnculo, o que favoreceria o acamamento. Todas as novas cultivares avaliadas (BRS 195, BRS Greta, BRS Elis e a BRS Sampa) apresentaram essa característica negativa de posicionamento da espiga quanto à folha bandeira (Tabela 2), entretanto, observou-se pequeno acamamento para as cultivares BRS Elis e BRS Sampa.

O caráter comprimento da espiga (CESP) expressou ampla variabilidade, também notada em outros estudos de diversidade morfológica (LASA et al., 2001; AHMAD et al., 2008; KARIM et al., 2010; SETOTAW et al., 2010). A amplitude dessa variação foi de 6,54 cm, e os genótipos foram divididos em seis grupos pelo teste de Scott-Knott, com médias de cada grupo de 11,84 cm; 10,77 cm; 9,86 cm; 8,93 cm; 7,66 cm e 6,0 cm (Tabela 2).

Para o caráter número de grãos por espiga (NGESP), a variação entre os genótipos foi de 20,65 (PFC 2005123) a 78,25 (Foster), ocorrendo a formação de oito grupos de similaridade. O maior grupo, com 22 acessos, incluindo a testemunha BRS 195, deteve uma

média de 30,24 grãos por espiga, inferior à média geral de 37,75 grãos por espiga (Tabela 2). Esta grande variabilidade, também observada por Cross (1994), Ahmad et al. (2008) e por Setotaw et al. (2010), pode estar associada ao maior ou menor número de afilhos, o que, segundo Windes et al. (2011), afeta o número de grãos por espiga (NGESP), podendo ou não afetar o rendimento de grãos (SIMMONS et al., 1981).

O maior número de grupos de médias foi verificado para o caráter área da folha bandeira (AFB). Formaram-se nove grupos com uma amplitude de 164,24 cm<sup>2</sup>, valor este bem superior ao observado por Ahmad et al. (2008). Vários genótipos divergiram, para mais ou para menos, em relação às testemunhas BRS 180 e BRS 195, que apresentaram, respectivamente, valores de 23,35 cm<sup>2</sup> e de 12,15 cm<sup>2</sup> (Tabela 2). Isso é oportuno, pois implica grande diversidade da folha bandeira, por ela ser considerada a principal fonte de carboidratos dos cereais (SICHER, 1993), entre outros aspectos relacionados à produção (THORNE, 1965; YAP & HARVEY, 1972; TUNGLAND et al., 1987). Os acessos Foster, Antártica-1, FM 404 e Nandi apresentaram as maiores médias da área da folha bandeira, sendo que o Nandi teve a maior média de 172,12 cm<sup>2</sup>. Pelo teste de Scott-Knott, as médias desses quatro genótipos foram diferentes entre si e não formaram grupos com outras médias dos outros acessos (Tabela 2).

Em relação ao rendimento de grãos (REND), ocorreu a formação de cinco grupos de médias e uma amplitude de variação de 3.406 kg ha<sup>-1</sup>, sendo que o genótipo dístico PFC 2001049 deteve o maior rendimento com 7.153,5 kg ha<sup>-1</sup>, bem maior que o rendimento médio nacional de 3.145 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2011), todavia, não diferindo significativamente das médias de rendimento apresentadas pelos materiais exóticos Foster, Vicente Morales e Lacey (Tabela 2); da cultivar e testemunha BRS 180 e dos genótipos PFC 99324 e PFC 98252, todos hexásticos. É necessário salientar que os altos rendimentos dos três materiais exóticos Foster e Lacey (estadunidenses) e Vicente Morales (mexicano) mostram que o ambiente irrigado do Cerrado confere uma possibilidade de introdução de materiais genéticos provenientes de outros programas de cevada irrigada. Amabile et al. (2007c, 2009a), avaliando a variabilidade genética em cevada irrigada no Cerrado, já haviam registrado as melhores produtividades para o genótipo PFC 2001049 ao lado da cultivar mexicana Vicente Morales, corroborando este resultado encontrado e identificando genótipos promissores com alto potencial de rendimento para serem explorados em programas de melhoramento genético. Rendimentos experimentais elevados, de até 9.700,00 kg ha<sup>-1</sup>, foram apresentados por Amabile et al. (2007b), quando da avaliação de linhagens introduzidas do CIMMYT, porém sem qualidade malteira, e por Amabile et al. (2007c, 2008, 2009a) e Silva et al. (2000), revelando a viabilidade técnica e econômica da cevada para integrar o sistema de produção irrigado do Cerrado. Por outro lado,

menores desempenhos foram observados para a cultivar Antártica-1 (3.769,75 kg ha<sup>-1</sup>), um dos primeiros materiais genéticos, do Sul do Brasil, a ser testado nas condições irrigantes do Cerrado e do genótipo PFC 2005123, com rendimento de 3.747,5 kg ha<sup>-1</sup>, bem abaixo da testemunha dística BRS 195, cuja produtividade foi de 4.969,25 kg ha<sup>-1</sup>.

Quanto ao teor de proteína, foi verificada a formação de apenas dois grupos pelo teste de Scott-Knott, com médias de 12,3% e 13,52%. O acesso CIMMYT 2 obteve o menor teor (11,49%), porém sem diferenças estatísticas das testemunhas BRS 180 e BRS 195 (Tabela 2). Os acessos CEV 96046, Foster, Lacey, M 14, CPAC 20020098, BRS Deméter, BRS 195, BRS 180, Prestige, PFC 2004345, BRS Sampa, Vicente Morales e Nandi detiveram valores de 12,5% de conformidade com o nível prescrito por Brewing and Malting Barley Research Institute (2011), que o grão de cevada para produção de malte deve conter. Mesmo assim, verifica-se que, não obstante serem genótipos elite, ocorreu grande variação no teor de proteína, chegando ao valor de 14,13% (C-70). A testemunha BRS 180 apresentou valor acima por ocasião de seu lançamento como cultivar (SILVA et al., 2000), sendo similar ao observado por Amabile et al. (2009b). Essa variação no teor de proteína do mesmo acesso, como verificado para a cultivar BRS 180, pode ser devida às interações genótipo x ambiente (CORRELL et al., 1994; MOLINA-CANO et al., 1997; SILVA et al., 2000; FIGUERÊDO et al., 2002; TAMM, 2003; PASSARELLA et al., 2005; QI et al., 2005; MAYER et al., 2007; YALÇIN et al., 2007). No Cerrado irrigado, Amabile et al. (2004b, 2005, 2007c, 2008, 2009a) observaram grande variabilidade do teor de proteína, quer seja dentro do mesmo ano ou entre anos. Certamente, as altas temperaturas e as baixas umidades relativas do ar, que ocorreram no período de enchimento dos grãos no Cerrado, promoveram acréscimo no teor de proteína, corroborando estudos de Chapman & Carter (1976) que descreveram que, em ambientes secos e quentes, os grãos de cevada acusam elevados teores de proteína. Isto também foi constatado por Correll et al. (1994) e Passarella et al. (2005) ao afirmarem que altas temperaturas durante o enchimento dos grãos resultam numa diminuição em tamanho de grão e no aumento da proteína. Contudo, salienta-se que uma proteína alta pode ser útil, uma vez que, quando a cevada disponível no mercado brasileiro apresentar proteína muito baixa, aquelas se tornam um banco de proteína a ser utilizado para uma blendagem de malte.

De um modo geral, os genótipos apresentaram índices elevados de classificação comercial de grãos de primeira (CLASS), sendo a média de 83,54%. A cultivar dística PFC 2005123 apresentou índice de 94,5%, sendo superior estatisticamente em relação às testemunhas, porém não às cultivares BRS Deméter, Lacey e Scarlett (Tabela 2). No programa de cevada irrigada do Cerrado tem-se como critério obter genótipos com uma classificação de grãos acima de 80%. Assim sendo, apenas os genótipos Antártica-1, um dos

primeiros a serem utilizados em plantios no Cerrado; o genótipo de cevada nua CPAC 20011, com a menor classificação (31%) e o genótipo M 14 apresentaram valores abaixo de 80% e significativamente distintos das testemunhas. Os genótipos PFC 213106, PFC 2003122, PFC 214827-10 e CIMMYT 25 apresentaram índice de classificação comercial de grãos de primeira abaixo de 80%, entretanto não diferiram significativamente das testemunhas. Esses resultados encontrados indicam genótipos promissores para serem utilizados como fonte de genes para grãos de melhor classificação.

Quanto ao peso de mil sementes (PMS), um dos caracteres muito utilizados em programas de melhoramento (CROSS, 1994; ŽÁKOVÁ & BENKOVÁ, 2006; MANJUNATHA et al., 2007; AHMAD et al., 2008; SETOTAW et al., 2010), oito agrupamentos foram formados, sendo que a média foi de 44,25 g, valor este superior ao observado por Kuczyńska et al. (2007). Vários genótipos divergiram em relação às testemunhas, sendo que a cevada nua CPAC 20011 apresentou o menor peso de mil sementes (PMS), com 32,5 g, estatisticamente inferior aos padrões. Ademais, dois genótipos exóticos, introduzidos do CIMMYT (CIMMYT 2 e CIMMYT 48), foram os que registraram os maiores pesos, de 52,75 g e 51,13g, respectivamente (Tabela 2).

Para a altura de plantas (ALT), a cultivar BRS Deméter expressou a máxima altura (98,0 cm), divergindo estatisticamente do padrão dístico BRS 195, enquanto o genótipo PFC 2005123 foi o que apresentou menor altura, com 52,0 cm (Tabela 2). Essa variabilidade de altura já havia sido citada por Amabile et al. (2004a, 2005, 2007c, 2008, 2009a). É válido ressaltar que as plantas maiores não promoveram o acamamento, uma vez que esses genótipos elite foram selecionados não só pela estatura de plantas, mas sim pela arquitetura em geral, como colmos mais grossos e entrenós menores. De onde se conclui que é mais importante selecionar plantas pela arquitetura em geral, mantendo-se as boas características de produtividade e qualidade dos grãos, do que pela altura delas.

Um ciclo curto de produção é uma característica desejada nas culturas de inverno no Cerrado, desde que assegurado o adequado processo fisiológico da produção de grãos, pois se deseja que a área irrigada seja liberada o mais rápido possível para o cultivo subsequente. Dessa forma, o período da semeadura até o espigamento (ESP) tem grande importância para o sistema de produção de cevada irrigada no Cerrado. Esse período foi em média de 59,4 dias, sendo que os genótipos PFC 2001090, Alliot e PFC 2004345 apresentaram o ESP mais longo (69,0 dias), estatisticamente semelhante à testemunha BRS 195, reconhecidamente mais tardia (MINELLA et al., 2001; AMABILE et al., 2008). Cita-se que esse material é um dos pais do genótipo PFC 2001090, o que muito provavelmente favoreceu-o a ter um ESP similar. O genótipo mais precoce foi o PFC 2005123, com apenas 38,0 dias. Esse genótipo apresentou o

menor rendimento, evidenciando que a seleção de genótipos muito precoces pode desfavorecer a produtividade de grãos (Tabela 2).

O acamamento das plantas (ACAM), uma das características com menor variação observada neste trabalho (Tabela 2), é muito importante para o sistema de produção de cevada irrigada no Cerrado e também para outros sistemas de produção e ambientes (ŽÁKOVÁ & BENKOVÁ, 2006; MANJUNATHA et al., 2007; AMABILE et al., 2009c). Os genótipos PFC 213660 e PFC 99318 tiveram acamamento mais acentuado, mas não apresentaram decréscimo drástico na produtividade e na qualidade dos grãos. O mesmo foi constatado para genótipos com um baixo índice de acamamento, como o genótipo Vicente Morales, provavelmente, devido ao fato de que esse fenômeno ocorreu num momento de não interferência fisiológica, tanto na assimilação e na translocação de carboidratos e de minerais como na fotossíntese. É importante relatar que, nas condições experimentais deste trabalho, houve grande variação da porcentagem de acamamento entre as parcelas, fazendo com que fosse obtido um alto coeficiente de variação experimental para essa característica. Esse fato, fez com que as médias dos materiais com valores absolutos muito distintos fossem consideradas estatisticamente iguais quando agrupadas pelo teste de Scott-Knott.

Com referência à importância relativa dos caracteres para a divergência morfoagronômica dos acessos de cevada, estudados neste trabalho, segundo Singh (1981), as características com maior influência foram área foliar da folha bandeira (AFB) e o espigamento (ESP), perfazendo 65,93% e 11,15% da variação total, respectivamente. No outro extremo, verificou-se que o teor de proteína total (PROT) com 0,161% e o grau de acamamento (ACAM) com 0,058% foram os que menos contribuíram (Tabela 2). Semelhantemente, Shekhawat et al. (2001) encontrou no caráter espigamento, aquele com maior influência na distância de Mahalanobis, enquanto Alam et al. (2007) relataram que os caracteres dias para maturação, grãos por espiga e peso de mil sementes foram os que mais contribuíram para a diversidade.

A análise de variabilidade genética, com base na distância generalizada de Mahalanobis, entre cada par de acessos, indicou que os genótipos PFC 2004345 e Nandi foram os mais divergentes entre si, apresentando a maior distância ( $D^2 = 7.536,0$ ). A menor estimativa da distância ( $D^2 = 9,2$ ) ocorreu entre a testemunha BRS 195 e o genótipo Alliot, embora não fosse verificado nenhum grau de parentesco entre eles segundo a genealogia. O mesmo ocorreu entre o genótipo hexástico CPAC 20020098 que apresentou a menor distância da testemunha BRS 180 ( $D^2 = 13,2$ ). Essa amplitude obtida reflete uma ampla variabilidade genética dos acessos, condição essencial para futuros trabalhos de seleção e melhoramento genético, como também foi averiguado em outras coleções avaliadas com base em caracteres

morfoagronômicos por Cross (1994), Lasa et al. (2001), Shekhawat et al. (2001), Alam et al. (2007), Ahmad et al. (2008) e Setotaw et al. (2010). Fato interessante foi que o genótipo Nandi ter sido o mais distante entre as testemunhas BRS 195 ( $D^2 = 6.991,3$ ) e BRS 180 ( $D^2 = 5.806,5$ ), sendo ainda o que apresentou maiores médias de distâncias em relação a todos os demais genótipos.

O dendrograma gerado pelo método UPGMA expressou ajuste com a matriz de distâncias genéticas verificado pelo coeficiente de correlação cofenético alto e significativo ( $r = 0,77$ ,  $p \leq 0,001$ ), sendo superior ao valor de 0,70 proposto por Rohlf (2000). Isto indica um ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas e a sua matriz original, assegurando que sejam realizadas inferências por meio da avaliação do dendrograma (Figura 1). No dendrograma foi observada a formação de cinco grupos de similaridade, com vários subgrupos, adotando-se o ponto de corte ( $dg_E = 439,7$ ). O grupo I foi o mais divergente dos demais, sendo constituído pelos genótipos Nandi e FM 404. Esses genótipos podem ser indicados para o uso em combinações híbridas com os demais acessos, objetivando a obtenção de populações segregantes com elevada variabilidade, para assim, de acordo com Falconer & Mackay (1996), possibilitar a seleção dos genótipos transgressivos. Verificou-se também a formação de dois grupos unitários bem característicos e divergentes, constituídos pelos genótipos Antártica-1 (grupo II) e PFC 2005123 (grupo III). Antártica-1 e FM 404 são dois genótipos brasileiros utilizados no início do programa de melhoramento de cevada para o Cerrado, com características morfoagronômicas muito diversas do que as propostas atualmente para o programa de melhoramento. Essas características diversas provavelmente fizeram com que esses genótipos ficassem em grupos mais divergentes quando comparados com os demais genótipos brasileiros. O genótipo australiano Nandi foi o que apresentou a maior distância genética em relação aos demais genótipos, provavelmente em razão de ser um genótipo de cevada nua (pálea e a lema não aderida à semente) e por ter a maior área foliar da folha bandeira (AFB) característica que mais contribuiu (65,2%) para a distância generalizada de Mahalanobis.

Os três genótipos mais divergentes não apresentaram superioridade de produção em relação aos demais (Tabela 2). A distância observada entre esses genótipos em relação aos demais pode ser útil ao programa por ocasião da escolha de novos progenitores para as hibridações a serem realizadas visando à diversidade morfoagronômica, pelo possível aporte de novas combinações gênicas que serão geradas (ABREU et al., 1999). Todavia, deve-se considerar o proposto por Rasmusson & Philips (1997) em que, para a cevada, pode haver ganho genético, mesmo com combinações que envolvem genitores próximos geneticamente. Dessa forma, como o objetivo dos programas de melhoramento para cevada irrigada é obter

materiais com alto rendimento e alta qualidade de grãos, ao selecionar os genitores para futuros cruzamentos, além da distância genética entre eles, deve levar em consideração a alta performance *per se* e as características que venham a complementar ou suplementar alguma deficiência de um dos genitores.

Verifica-se, na Figura 1, a contribuição da genealogia na formação do grupo IV, no qual todos eles são hexásticos e que reúne dos dez genótipos que compõe o agrupamento, cinco de origem mexicana (CPAC 20011, CIMMYT 25, CIMMYT 42, Vicente Morales e CPAC 20020098), três americanos (Lacey, Foster e BRS 180) além do genótipo PFC 98252 brasileiro, porém obtido da seleção de uma população americana. Houve a formação de um grande grupo (grupo V) composto de 26 dos 39 genótipos avaliados. Essa conglomeração indica que a maior parte dos genótipos apresenta níveis de similaridade morfoagronômica elevada e que esta se deve ao fato de a maioria dos acessos pertencer a uma coleção de trabalho elite da Embrapa Cerrados. Dentro desse grupo principal, observa-se a estruturação de um subgrupo envolvendo as cultivares BRS Elis, BRS Sampa e Scarlett, em que tanto a BRS Elis como a BRS Sampa têm como um dos seus genitores a BRS 195 e, ainda, a BRS Elis tem como o outro genitor a cultivar Scarlett. Um subgrupo maior foi composto ainda da BRS 195, com os genótipos acima, indicando que a alta similaridade encontrada é devida, em grande parte, à ancestralidade gênica proveniente da cultivar BRS 195. Um fato interessante foi a ocorrência de um subgrupo distinto relacionado às cultivares estadunidenses contendo somente cultivares dísticas, sendo elas a M-14 e C-70.

A distribuição da variabilidade genética em função das diversas origens geográficas ocorreu de maneira dispersiva, não sendo identificada tendência de agrupamentos específicos quanto à origem dos acessos (Figura 2). Essa mesma tendência de não agrupamento dos acessos pela origem geográfica também foi verificada por Cross (1994) e Ahmad et al. (2008). Os caracteres morfoagronômicos utilizados para as estimativas de distâncias genéticas entre os materiais são variáveis complexas e dependem da expressão de grande número de genes que, por sua vez, depende do ambiente (CECCARELLI et al., 2007), o que explica em parte, o não agrupamento dos acessos com base na origem geográfica deles. Possivelmente, os genótipos elite analisados de cada procedência possuam um *pool* gênico da obtenção dos genótipos nos programas de melhoramento genético da cevada realizados em cada país de origem. A única tendência de concentração de genótipos por origem ocorreu entre os mexicanos, à exceção dos genótipos CIMMYT 2 e CIMMYT 48. Esse agrupamento com genótipos mexicanos ocorreu em função de que, em certo momento no programa de melhoramento deu-se ênfase à seleção e à obtenção de materiais hexásticos e destinados à ambiente irrigado. Os genótipos brasileiros apresentaram pouca dispersão, exteriorizando

apenas os genótipos Antártica-1, FM 404 e PFC 2005123, sendo que os dois primeiros surgiram antes do redirecionamento e da remodelação do programa de cevada irrigada brasileira, em 2000. Em relação aos genótipos em uso no programa de melhoramento genético brasileiro (Figura 3) apenas esses mesmos genótipos brasileiros, conjuntamente com o genótipo australiano Nandi não têm sido usados em cruzamentos. Apesar de esses materiais não terem bom rendimento de grãos, o genótipo FM 404 poderia compor os novos cruzamentos, uma vez que apresenta ótimo desempenho malteiro já verificado na década de 1980 quando se instalou a cultura da cevada irrigada no Cerrado.

Observa-se um agrupamento dos genótipos de cevada em relação ao número de fileiras de grãos por espiga (hexástica/dística) de acordo com a distância no plano cartesiano (Figura 4). Formou-se um agrupamento com vinte genótipos dísticos, reunindo os genótipos PFC 2001090, Alliot, BRS 195, PFC 214827-10, Cellar, Scarlett, BRS Sampa, BRS Elis, Prestige, PFC 2004345, M14, CEV 96046, PFC 213660, C-70, PFC 2004033, PFC 99318, PFC 213106, PFC 2003122, Danuta e BRS Deméter. Outro subgrupamento com tendência a dispor genótipos hexásticos foi composto de 12 genótipos hexásticos: CIMMYT 2, CIMMYT 25, CIMMYT 42, CIMMYT 48, PFC 99324, Foster, BRS 180, CPAC 20020098, Lacey, PFC 98252, Vicente Morales e CPAC 20011.

### **3.6 CONCLUSÕES**

Foram observadas diferenças altamente significativas entre os genótipos para todas as características morfoagronômicas avaliadas. O elevado coeficiente de variação genético evidencia a possibilidade de obter ganhos genéticos para todas as características.

As características que mais contribuíram para a variabilidade foram a área foliar da folha bandeira e o espigamento, enquanto o teor de proteína e o acamamento foram as que menos contribuíram.

Com base nas análises de agrupamento, verificou-se a formação de pelo menos três grandes grupos de similaridade. Foi verificada uma tendência de agrupamento dos materiais dísticos e hexásticos. Os genótipos PFC 2005123, Antártica-1, Nandi e FM 404 foram os mais divergentes.

Materiais genéticos promissores para as características agronômicas avaliadas foram identificados no trabalho, podendo ser explorados em blocos de cruzamentos em programas de melhoramento que visam ao desenvolvimento de cultivares mais adaptadas aos sistemas de produção irrigado no Cerrado.



### 3.7 TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Genótipos elite de cevada malteira e respectivas informações sobre uso ou não em programas de melhoramento no Brasil, origem, tipo de espiga. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Genótipo</b>	<b>Genótipo usado no Brasil</b>	<b>Origem</b>	<b>Tipos de espiga</b>
PFC 2001090	Sim	Brasil	Dística
CEV 96046	Sim	Brasil	Dística
PFC 213660	Sim	Brasil	Dística
PFC 99318	Sim	Brasil	Dística
PFC 213106	Não	Brasil	Dística
PFC 2003122	Sim	Brasil	Dística
Alliot	Não	Inglaterra	Dística
Foster	Sim	EUA	Hexástica
C-70	Não	EUA	Dística
Lacey	Sim	EUA	Hexástica
M 14	Não	EUA	Dística
CPAC 20011	Não	México	Hexástica
PFC 2005123	Não	Brasil	Dística
CIMMYT 42	Não	México	Hexástica
CIMMYT 48	Não	México	Hexástica
CIMMYT 2	Não	México	Hexástica
CIMMYT 25	Não	México	Hexástica
PFC 2001049	Sim	Brasil	Dística
Danuta	Sim	Alemanha	Dística
BRS 195	Sim	Brasil	Dística
BRS 180	Sim	EUA	Hexástica
Cellar	Sim	Inglaterra	Dística
CPAC 20020098	Sim	México	Hexástica
BRS Deméter	Sim	Brasil	Dística
Prestige	Sim	Inglaterra	Dística
Scarlett	Sim	Alemanha	Dística
PFC 2004345	Não	Brasil	Dística
BRS Sampa	Sim	Brasil	Dística
PFC 2004216	Não	Brasil	Dística
BRS Elis	Sim	Brasil	Dística
PFC 98252	Não	Brasil	Hexástica
Vicente Morales	Não	México	Hexástica
BRS Greta	Sim	Brasil	Dística
PFC 99324	Sim	Brasil	Hexástica
PFC 2004033	Sim	Brasil	Dística
PFC 214827-10	Não	Brasil	Dística
Antártica-1	Não	Brasil	Dística
Nandi	Não	Austrália	Hexástica
FM 404	Não	Brasil	Dística

**Tabela 2.** Médias da distância do primeiro nó à ráquis (DNR), distância da folha bandeira à ráquis (DFBR), comprimento da espiga (CESP), número de grãos por espiga (NGESP), área da folha bandeira (AFB), espigamento (ESP), rendimento estimado de grãos (REND), peso de mil sementes (PMS), classificação comercial de primeira (CLASS), altura de plantas (ALT), teor de proteína total (PROT) e grau de acamamento (ACAM) em 39 genótipos de cevada submetidos ao teste de Scott-Knott a 1% e das estimativas da herdabilidade ao nível de média ( $h_a^2$ ), dos coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e ambiental ( $CV_e$ ), da relação  $CV_r$  e a contribuição relativa para a diversidade genética (CRDG) avaliadas em 39 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Genótipo</b>	<b>DNR (cm)</b>	<b>DFBR (cm)</b>	<b>CESP (cm)</b>	<b>NGESP</b>	<b>AFB (cm<sup>2</sup>)</b>	<b>ESP (dias)</b>	<b>REND (kg ha<sup>-1</sup>)</b>	<b>PMS (g)</b>	<b>CLASS (%)</b>	<b>ALT (cm)</b>	<b>PROT (%)</b>	<b>ACAM (arsen)</b>
<b>PFC 2001090</b>	23,7 c	3,09 c	8,28 e	38,18 e	12,08 h	69,00 a	5.877,50 b	45,75 d	89,50 a	89,00 b	13,92 a	0,0000 b
<b>CEV 96046</b>	17,3 e	-3,63 e	9,96 c	31,15 f	13,33 g	62,00 c	6.018,00 b	41,00 f	82,00 b	79,00 c	12,01 b	0,0000 b
<b>PFC 213660</b>	17,1 e	-2,94 d	9,08 d	28,15 f	12,05 h	62,00 c	6.039,00 b	48,83 b	85,50 b	78,00 c	12,84 b	0,0501 a
<b>PFC 99318</b>	22,8 c	0,77 d	11,11 b	32,40 f	15,00 g	61,00 c	5.602,00 b	47,50 c	84,50 b	88,00 b	12,64 b	0,0475 a
<b>PFC 213106</b>	23,0 c	0,53 d	9,73 c	29,95 f	14,53 g	61,00 c	4.633,50 c	46,40 c	78,25 b	95,00 a	12,66 b	0,0371 a
<b>PFC 2003122</b>	24,2 c	1,60 c	8,76 d	31,30 f	12,03 h	61,25 c	5.760,75 b	44,65 d	75,75 b	91,75 a	12,95 a	0,0401 a
<b>Alliot</b>	18,8 d	-2,56 d	9,78 c	31,15 f	10,58 h	69,00 a	4.868,50 c	40,13 f	81,75 b	87,00 b	12,65 b	0,0329 a
<b>Foster</b>	30,7 a	10,04 a	9,53 c	78,25 a	29,90 d	53,00 e	7.092,00 a	42,75 e	90,75 a	96,00 a	11,50 b	0,0112 b
<b>C-70</b>	18,8 d	-1,97 d	9,33 d	27,85 f	11,23 h	60,50 c	5.938,75 b	49,13 b	90,50 a	78,25 c	14,13 a	0,0000 b
<b>Lacey</b>	27,3 b	5,76 b	8,67 d	62,03 b	24,95 e	52,75 e	6.874,75 a	43,63 e	92,75 a	91,25 a	12,52 b	0,0000 b
<b>M 14</b>	23,2 c	3,38 c	10,35 b	31,60 f	7,88 i	66,25 b	5.164,75 c	36,63 g	66,00 c	86,25 b	11,84 b	0,0000 b
<b>CPAC 20011</b>	17,9 e	1,26 c	7,61 e	60,95 b	16,68 g	53,00 e	4.641,50 c	32,50 h	31,00 e	71,00 d	13,76 a	0,0000 b
<b>PFC 2005123</b>	17,4 e	-2,69 d	5,65 f	20,65 h	8,23 i	38,00 f	3.747,50 e	48,88 b	94,50 a	52,00 e	14,06 a	0,0000 b
<b>CIMMYT 42</b>	29,2 a	6,33 b	6,36 f	46,98 d	21,90 e	52,75 e	5.504,50 b	44,00 d	85,25 b	86,00 b	13,78 a	0,0249 b
<b>CIMMYT 48</b>	30,8 a	9,01 a	8,64 d	26,25 g	15,20 g	62,00 c	4.882,25 c	51,13 a	90,75 a	81,00 c	13,22 a	0,0079 b
<b>CIMMYT 2</b>	23,4 c	1,48 c	7,13 e	26,75 g	15,80 g	54,00 e	5.020,25 c	52,75 a	89,00 a	81,25 c	11,49 b	0,0000 b
<b>CIMMYT 25</b>	24,6 c	3,92 c	8,18 e	74,63 a	13,35 g	53,00 e	6.054,25 b	37,50 g	78,00 b	86,00 b	12,97 a	0,0273 a
<b>PFC 2001049</b>	19,9 d	-0,93 d	8,79 d	29,45 f	15,60 g	55,00 e	7.153,50 a	40,13 f	82,25 b	80,00 c	12,84 b	0,0000 b

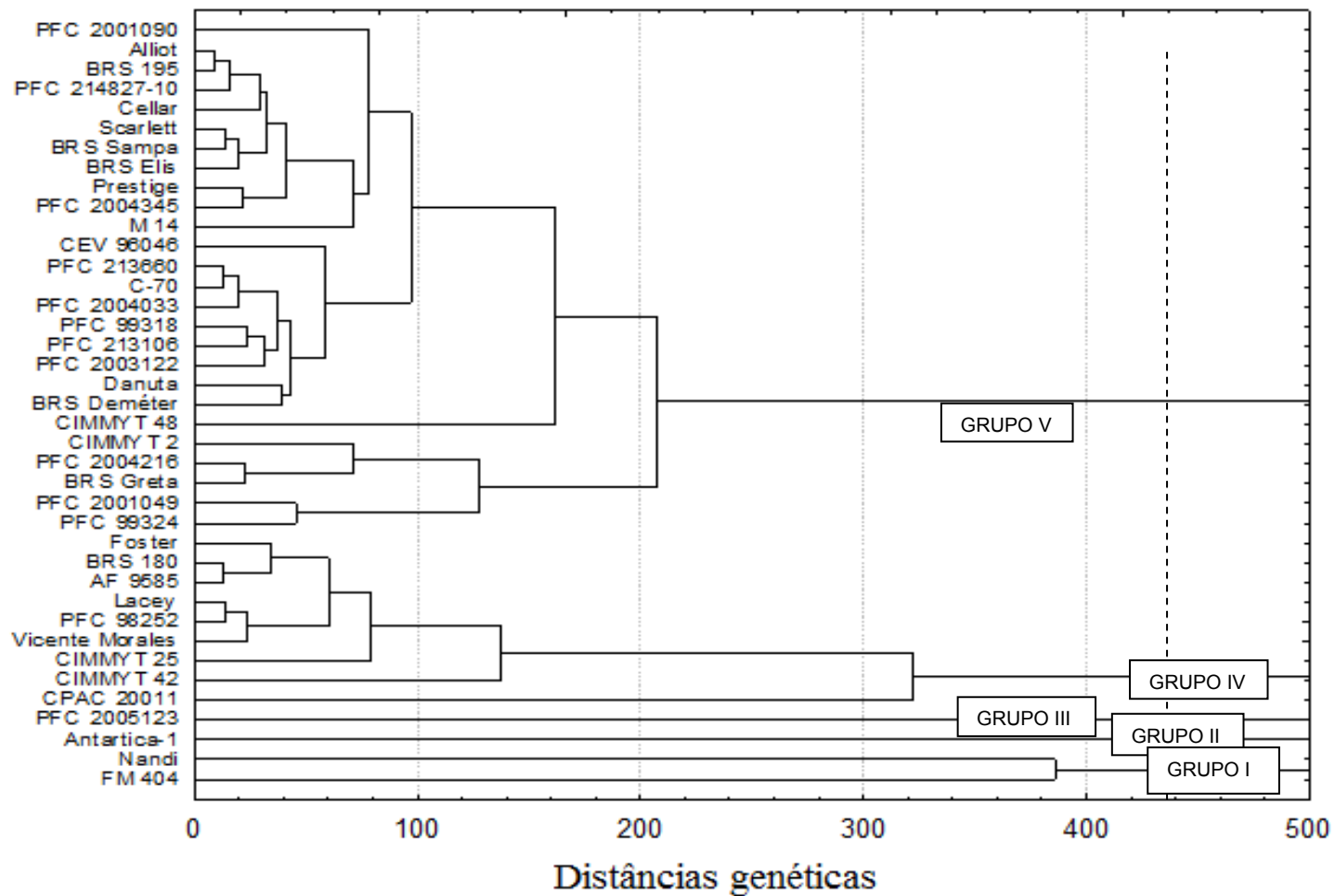
Tabela 2. Continuação...

Genótipo	DNR	DFBR	CESP	NGESP	AFB	ESP	REND	PMS	CLASS	ALT	PROT	ACAM
<b>Danuta</b>	21,2 d	-3,72 e	9,76 c	30,30 f	9,10 i	61,00 c	5.976,25 b	50,38 b	92,25 a	89,00 b	13,49 a	0,0000 b
<b>BRS 180</b>	27,6 b	6,20 b	10,17 c	77,15 a	23,35 e	54,00 e	7.006,75 a	40,88 f	84,00 b	93,00 a	12,35 b	0,0000 b
<b>BRS 195</b>	17,7 e	-3,15 d	8,75 d	28,68 f	12,15 h	69,00 a	4.969,25 c	40,40 f	81,75 b	80,00 c	11,99 b	0,0000 b
<b>Cellar</b>	15,8 e	-4,13 e	7,85 e	29,15 f	9,73 i	68,00 a	4.756,00 c	44,75 d	84,50 b	79,00 c	13,79 a	0,0191 b
<b>CPAC 20020098</b>	29,5 a	8,37 a	9,27 d	72,25 a	22,00 e	54,00 e	6.269,50 b	40,00 f	83,50 b	96,00 a	12,00 b	0,0000 b
<b>BRS Deméter</b>	25,7 c	2,92 c	9,49 c	31,65 f	12,25 h	60,00 c	6.311,50 b	49,50 b	94,25 a	98,00 a	12,16 b	0,0177 b
<b>Prestige</b>	14,4 e	-4,39 e	9,95 c	28,50 f	10,05 i	68,00 a	5.251,50 c	46,00 d	92,00 a	81,00 c	11,87 b	0,0000 b
<b>Scarlett</b>	18,0 e	-4,66 e	10,05 c	31,10 f	11,00 h	68,00 a	5.709,25 b	45,13 d	92,75 a	89,00 b	13,08 a	0,0000 b
<b>PFC 2004345</b>	17,1 e	-2,73 d	10,15 c	30,33 f	7,93 i	69,00 a	5.907,75 b	42,13 e	81,00 b	83,00 b	12,51 b	0,0000 b
<b>BRS Sampa</b>	16,6 e	-4,23 e	8,99 d	29,25 f	8,43 i	66,00 b	5.798,50 b	47,00 c	90,75 a	86,00 b	12,53 b	0,0158 b
<b>PFC 2004216</b>	18,9 d	-5,53 e	7,50 e	29,15 f	12,15 h	54,00 e	5.837,00 b	44,88 d	87,75 a	80,00 c	13,12 a	0,0000 b
<b>BRS Elis</b>	18,6 d	-2,53 d	8,80 d	26,85 g	11,00 h	67,00 b	5.961,00 b	43,13 e	84,75 b	84,00 b	13,79 a	0,0346 a
<b>PFC 98252</b>	24,9 c	4,35 c	7,21 e	54,40 c	24,53 e	53,00 e	6.519,50 a	43,38 e	89,75 a	86,00 b	13,03 a	0,0079 b
<b>Vicente Morales</b>	27,1 b	5,91 b	7,76 e	60,45 b	23,95 e	53,00 e	7.083,75 a	39,13 f	80,50 b	84,00 b	12,29 b	0,0274 a
<b>BRS Greta</b>	18,0 e	-5,38 e	7,88 e	24,15 g	12,33 h	54,00 e	5.118,00 c	47,75 c	87,50 a	78,00 c	13,99 a	0,0000 b
<b>PFC 99324</b>	21,0 d	-2,85 d	11,48 a	32,98 f	18,58 f	53,00 e	6.701,75 a	42,75 e	87,25 a	93,00 a	13,16 a	0,0000 b
<b>PFC 2004033</b>	19,9 d	-0,91 d	8,94 d	29,48 f	10,65 h	62,00 c	5.177,25 c	45,75 d	86,50 a	84,00 b	13,70 a	0,0112 b
<b>PFC 214827-10</b>	20,7 d	-2,21 d	9,16 d	30,85 f	9,85 i	67,00 b	4.995,50 c	39,88 f	77,75 b	90,00 b	12,85 b	0,0250 a
<b>Antártica-1</b>	19,2 d	-4,79 e	10,86 b	30,88 f	79,48 c	57,00 d	3.769,75 e	47,23 c	54,75 d	73,00 d	13,46 a	0,0125 b
<b>Nandi</b>	27,1 b	2,98 c	7,22 e	21,70 h	172,12 a	61,00 c	4.360,25 d	45,45 d	86,75 a	74,00 d	12,00 b	0,0000 b
<b>FM 404</b>	27,7 b	3,69 c	12,19 a	35,30 e	140,82 b	60,00 c	4.614,75 c	47,33 c	90,00 a	86,00 b	12,86 b	0,0386 a
<b>Média</b>	21,97	0,36	8,98	37,75	23,38	59,46	5.614,56	44,26	83,54	84,08	12,87	0,0125

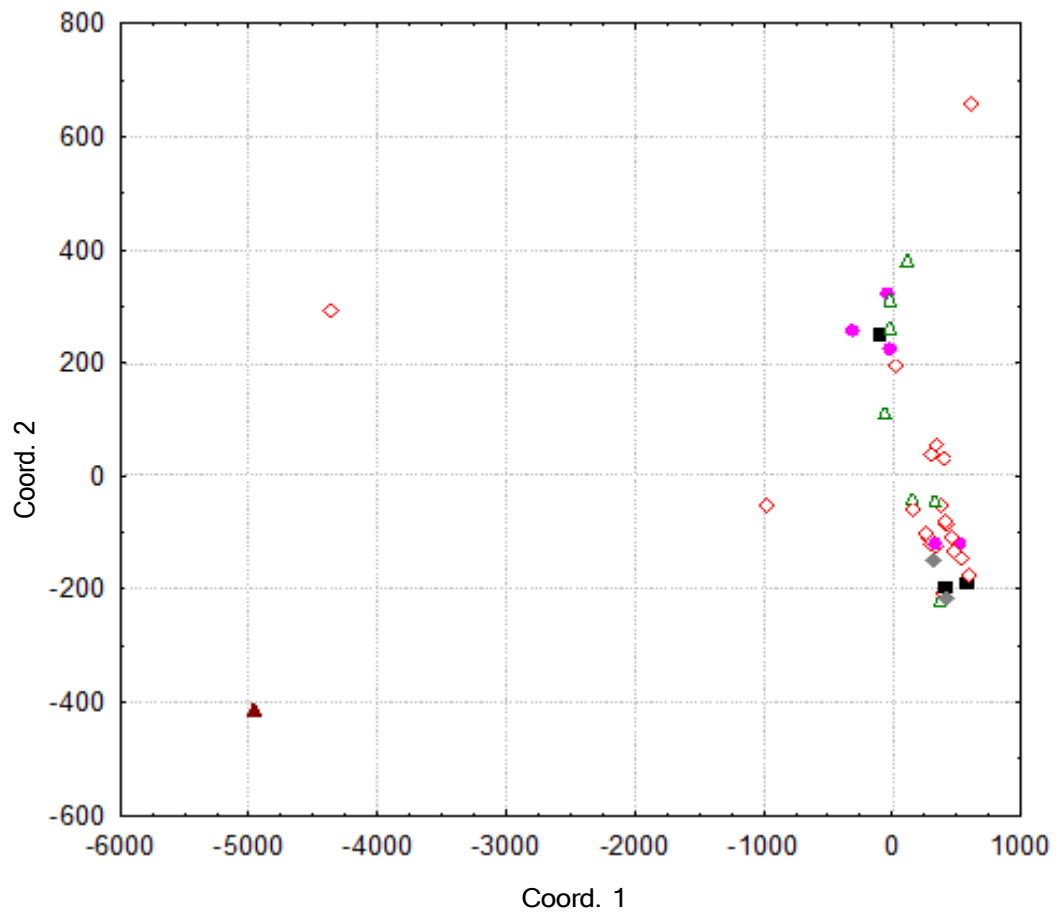
**Tabela 2.** Continuação...

<b>Genótipo</b>	<b>DNR</b>	<b>DFBR</b>	<b>CESP</b>	<b>NGESP</b>	<b>AFB</b>	<b>ESP</b>	<b>REND</b>	<b>PMS</b>	<b>CLASS</b>	<b>ALT</b>	<b>PROT</b>	<b>ACAM</b>
<b>QM</b>	83,31**	77,55**	7,59**	1.067,61**	4.533,31**	185,21**	3.100.108,26**	73,83**	532,05**	279,89**	2,21**	0,001**
<b>Teste F</b>	26,242	30,355	19,519	113,4326	1.052,110	169,8972	30,484	37,35	29,985	13,2047	3,8223	2,1557
$h_n^2$ (%)	96,19	96,71	94,98	99,12	99,91	99,41	96,72	97,32	96,67	92,43	73,84	53,61
<b>CV<sub>g</sub></b>	20,37	119,42	14,95	43,09	143,94	11,41	15,42	9,58	13,57	9,56	4,97	92,83
<b>CV<sub>e</sub></b>	8,11	44,08	6,87	8,13	8,88	2,14	5,68	3,18	5,04	5,48	5,91	172,71
<b>CV<sub>r</sub></b>	2,51	2,71	2,17	5,30	16,21	5,33	2,72	3,02	2,69	1,75	0,84	0,54
<b>CRDG<sup>1</sup> (%)</b>	2,164	1,976	2,059	9,741	65,928	11,155	1,892	2,198	1,532	1,136	0,1611	0,058

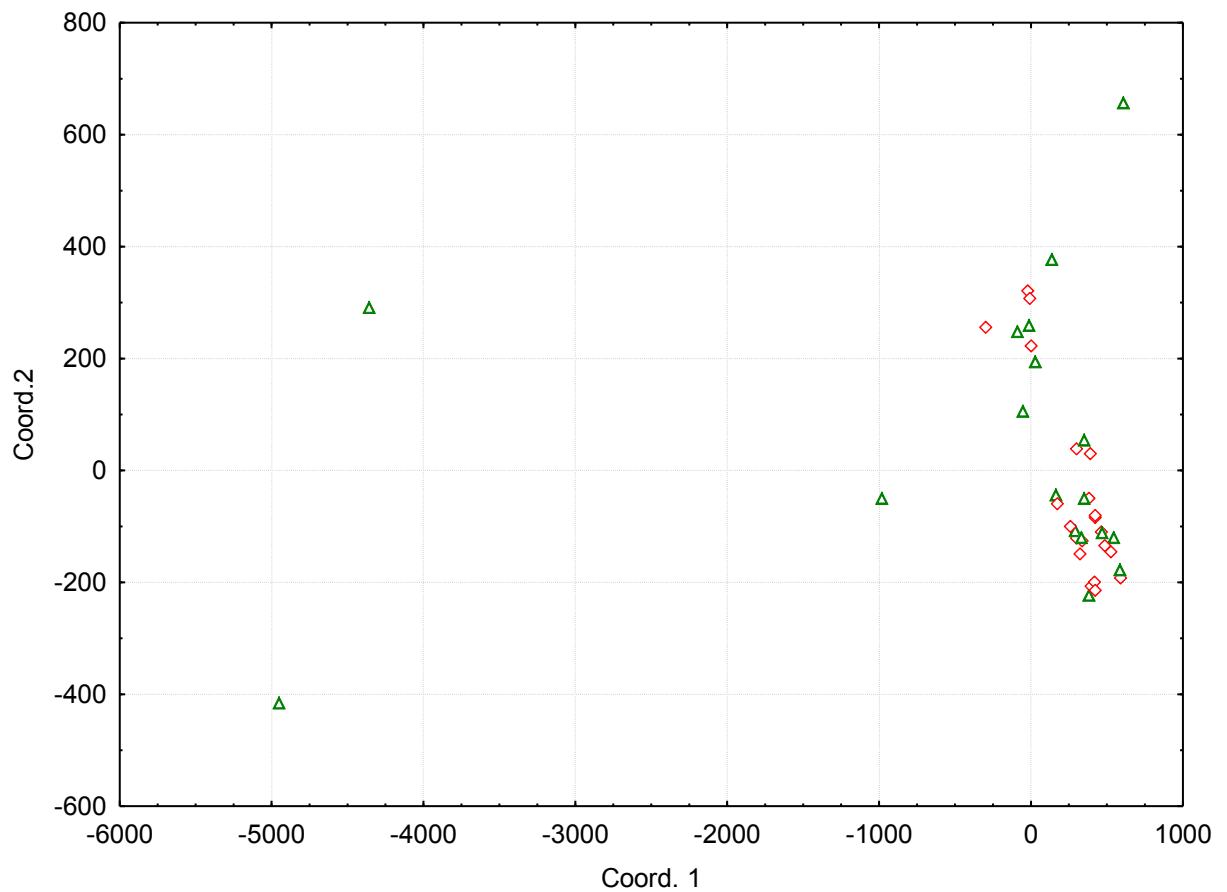
\*\* Significativo a 1% pelo teste F; <sup>1</sup> Contribuição Relativa para a Diversidade Genética, utilizando o método de Singh (1981).



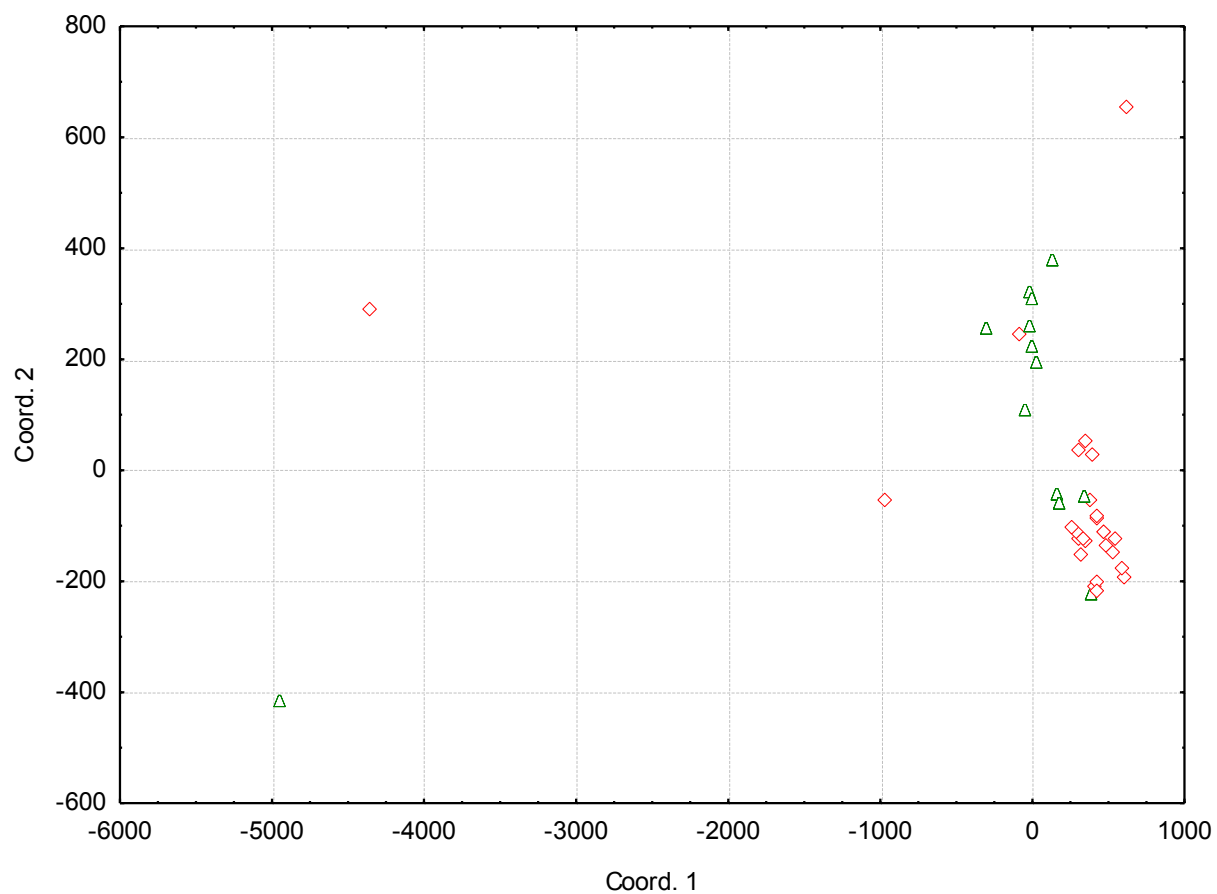
**Figura 1.** Análise de agrupamento de 39 genótipos de cevada, com base na matriz de distâncias genéticas calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, de 12 caracteres morfoagronômicos. O método do UPGMA foi utilizado como critério de agrupamento. O valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ) é de 0,77. Ponto de corte: distância morfológica média de 439,7. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 2.** Dispersão gráfica de 39 acessos de cevada de diferentes origens geográficas com base na matriz de distâncias genéticas calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, de 12 caracteres morfoagronômicos. Origem dos materiais genéticos: (◇) Brasil; (△) México; (●) Inglaterra; (■) Alemanha; (◆) Estados Unidos e (▲) Austrália. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 3.** Dispersão gráfica de 39 acessos de cevada, com base na matriz de distâncias genéticas calculada empregando a distância generalizada de Mahalanobis, de 12 caracteres morfoagronômicos. (◊) Materiais genéticos usados atualmente e (△) não usados em programas de melhoramento no Brasil. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



**Figura 4.** Dispersão gráfica de 39 acessos de cevada, com base na matriz de distâncias genéticas calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, de 12 caracteres morfoagronômicos. Materiais hexásticos ( $\Delta$ ). Materiais dísticos ( $\diamond$ ). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.



### 3.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELLAOUI, R.; M'HAMED, C. H.; NACEUR, B.; BETTAIEB-KAAB, L.; BEN HAMIDA. Morpho-physiological and molecular characterization of some Tunisian barley ecotypes. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 261-268, 2007.
- ABREU, A. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Selection potential for seed yield from intra end inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, v. 108, n. 2, p. 121-127, 1999.
- AHMAD, Z.; AJMAL, S. U.; MUNIR, M.; ZUBAIR, M.; MASOOD, M. S. Genetic diversity for morpho-genetic traits in barley germplasm. **Pakistan Journal of Botany**, v. 40, n. 3, 1217-1224, 2008.
- ALAM, A. K. M. M.; BEGUM, M.; CHAUDHURY, M. J. A.; NAHER N.; GOMES R.; D<sup>2</sup> analysis in early maturity hull-less barley (*Hordeum vulgare* L.). **International Journal of Sustainable Crop Production**, v. 2, n. 1, p. 15-17, 2007.
- AMABILE, R. F.; LOPES, F. G.; GOMES A. C.; FIDELIS, L. R. G. Quantificação de parâmetros agronômicos da cevada cervejeira irrigada no Cerrado sob efeito de épocas de semeadura. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 25., 2005, Guarapuava, PR. **Anais...** Guarapuava, PR: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2005. p. 162-166.
- AMABILE, R. F.; LOPES, F. G.; OLIVEIRA, F. A. Estudo de épocas de semeadura na cevada cervejeira irrigada no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 24., 2004, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2004b. v. 1, n. 1, p. 499-512.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; ARAÚJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; INÁCIO, Á. Á. do N.; GUERRA, A. F.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação de introduções de linhagens de cevada industriais de coleções nacionais e internacionais, em sistema irrigado In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007b. p. 379-394.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009a. 1 CD-ROM.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E. GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; INÁCIO, Á. Á. do N.; ARAÚJO, D. S.; MONTEIRO, V. A.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; YAMANATA, C.; GUERRA, A. F. Ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º ano de cevada irrigada no cerrado em 2006. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007c. p. 364-378. (Embrapa Trigo. Documentos, 76).
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007a. p. 263-268.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, F. A.; GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da, LOPES, F. G.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q. Avaliação do comportamento de genótipos de cevada hexástica irrigada no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 24., 2004. Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2004a. v. 1, n. 1, p. 134-141.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; PEREIRA, V. C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; BARBOSA, F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C.; NASCIMENTO, W. F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2008. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009c. 1 CD-ROM.

ARIAS, G. **Mejoramiento genético y producción de cebada cervecera en América del Sur**. Santiago: FAO, 1995. 157 p.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 226-236, 1981.

BAUM, B. R.; MECHANANDA, S.; SOLEIMANI, V. Identification of Canadian six row barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars with primers derived from STSs obtained from RAPD diagnostic bands. **Seed Science and Technology**, v. 28, p. 445-466, 2000.

BHATTY, R. S. The potential of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 589-599, 1999.

BOTHMER, R. The wild species of *Hordeum*: relationships and potential for improvement of cultivated barley. In: SHEWRY, P. R. (Ed.). **Barley: genetics, molecular biology and biotechnology**. London-UK, CAB International. 1991. p. 3-18.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de nov de 1996. Brasília, 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 26 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF: MAPA, 2009. 395 p.

BREWING AND MALTING BARLEY RESEARCH INSTITUTE. **Quality factors in malting barley**. Disponível em: <<http://www.bmbri.ca/>>. Acesso em: 30 ago. 2011.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; CAPETTINI, F.; BAUM, M. Barley Breeding for Sustainable Production. In: KANG, M.; PRIYADARSHAN, P. M. (Ed.). **Breeding Major Food Staples**, p. 193-216. Iowa, USA: Blackwell Publishing, 2007. p. 193-216.

CHAPMAN, S. R.; CARTER, L. P. **Crop production: principles and practices**. San Francisco, USA: Montana State University, 1976. 566 p.

CONAB. **Análise de safras.** Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/10\\_12\\_21\\_17\\_22\\_40\\_boletim\\_ingles\\_dez\\_2010\\_com\\_capa.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/10_12_21_17_22_40_boletim_ingles_dez_2010_com_capa.pdf)>. Acesso em: 22 abr. 2011.

CORRELL, R.; BUTLER, J.; SPOUNCER, L.; WRIGLEY, C. The relationship between grain-protein content of wheat and barley and temperatures during grain filling. **Australian Journal of Plant Physiology**, v. 21, p. 869-873, 1994.

CROSS, R. J. Geographical trends within a diverse spring barley collection as identified by agro/morphological and electrophoretic data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 88, p. 597-603, 1994.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Versão Windows – 2007. Viçosa, MG: UFV, 1997. v. 1. 442 p.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOSK, Y. R. Estudos sobre divergência genética: II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 183-190, 1994.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

DUBOC, E.; MARTINS, C. F.; CARVALHO, A. M. de. **Sistemas alternativos e diversificados para a produção.** In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. de (Ed). Savanas: demandas para pesquisa. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. p. 117-139.

EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solo.** Rio de Janeiro: Serviço Nacional de Levantamento e Conservação de Solos, 1997. n.p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics.** 4th. ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FAOSTAT. **Statistical Databases.** Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 01 ago. 2010.

FERNANDES, L. R.; XISTO, M. D.; PENNA, M. G.; MATOSINHOS, I. M.; LEAL, M. C.; PORTUGAL, L. R.; LEITE, J. I. A. Efeito da goma guar parcialmente hidrolisada no metabolismo de lipídeos e na aterogênese de camundongos. **Revista de Nutrição**, v. 19, n. 5, p. 563-571, 2006.

FIGUERÊDO, S. F.; GUERRA, A. F.; AMABILE, R. F.; SILVA, D. B. da. Manejo da irrigação e da adubação nitrogenada para a cevada BRS 195 no Cerrado. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 22., 2002, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2002. v. 1. p. 501-507.

FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos; MINELLA, E.; FONTANELI, R. S. Avaliação de genótipos de cevada para rendimento de forragem, valor nutritivo e grãos em Passo Fundo, RS, de 2003 a 2005. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007. p. 329-334.

GUERRA, A. F.; RODRIGUES, G. C.; ROCHA, O. C.; EVANGELISTA, W. **Necessidade hídrica no cultivo de feijão, trigo, milho e arroz sob irrigação no bioma Cerrado.**

- Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2003. 15 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 100).
- HAYES, P.; CASTRO, A.; MARQUEZ-CEDILLO, L.; COREY, A.; HENSON, C.; JONES, B. L.; KLING, J.; MATHER, D.; MATUS, I.; ROSSI, C.; SATO, K. Genetic Diversity Inherited Agronomic and Malting Quality Traits. In: BOTHMER, R. von.; HINTUM, Th. J. L. van.; KNÜPFER, H.; SATO, K. (Ed.). **Diversity in barley (*Hordeum vulgare*)**. Amsterdam: Elsevier Science B.V., 2003. p. 201-226.
- JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. Englewood Cliffs: Prentice-Hall, 1982. 594 p.
- KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. M.; M'BAREK, B. N. RAPD markers and morpho-physiological characterization of some Tunisian Barley ecotypes. **Biological Diversity and Conservation**, v. 3/2, p. 1-11, 2010.
- KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. Genetic diversity in barley genetic diversity in local Tunisian barley based on RAPD and SSR analysis. **Biological Diversity and Conservation** 2/1. p. 27-35, 2009.
- KNÜPFER, H.; HINTUM, Th. J. L. van. The Barley core collection: an international effort. In: HODGKIN, T.; BROWN, A. H. D.; HINTUM, Th. J. L. van.; MORALES, E. A. V. (Ed.). **Core collections of plant genetic resources**. Wiley: Chichester, 1995. p. 171-178.
- KACZMAREK, J.; ADAMSKI, T.; SURMA, M.; JEŻOWSKI, S.; LEŚNIEWSKA-FRITCZAK, M. Genotype-environment interaction of barley double haploids with regard to malting quality. **Plant Breeding**, v. 118, p. 243-247, 1999.
- KUCZYŃSKA, A.; SURMA, M.; KACZMAREK, Z.; ADAMSKI, T. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the frequency of transgression effects in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Plant Breeding**, v. 126, p. 361-368, 2007.
- LASA, J. M.; IGARTUA, E.; CIUDAD, F. J.; CODESAL, P.; GARCIA, E. V.; GRACIA, M. P.; MEDINA, B.; ROMAGOSA, I.; MOLINA-CANO, J. L.; MONTOYA, J. L. Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. **Hereditas**, v. 135, p. 217-225, 2001.
- MANJUNATHA, T.; BISHT, I. S.; BHAT, K. V.; SINGH, B. P. Genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) landraces from Uttaranchal Himalaya of India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, p. 55-65, 2007.
- MANNINEN, O. 2000. Genetic mapping of traits important in barley breeding. U Jokioinen: University of Helsinki, Division of Genetics, Department of Biosciences, Faculty of Science and Agricultural Research Centre of Finland, Plant Production Research, Crops and Soil, 2000. Disponível em: <<http://ethesis.helsinki.fi/julkaisut/mat/bioti/vk/manninen/>>. Acesso em: 01 ago. 2011.
- MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 512 p.
- MATUS, A.; HAYES, P. M. Canadian access to full text made available through the Depository Services Program. **Genome**, v. 45, n. 6, p. 1095-1106, 2002.

MAYER, E. T.; FUKU, G.; NÖRNBERG, J. L.; MINELLA, E. Caracterização nutricional de grãos integrais e descascados de cultivares de cevada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 11, p. 1635-1640, 2007.

MINELLA, E. **Cevada brasileira**: situações e perspectivas. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 1999a. Comunicado Técnico Online, 23. Disponível em: <[http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p\\_co23.htm](http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/p_co23.htm)>. Acesso em: 01 jun. 2009.

MINELLA, E. Melhoramento de cevada. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999b. p. 253-272.

MINELLA, E.; SÓ E SILVA, M.; ARIAS, G.; LINHARES, A. G. Cultivar BRS 195 de cevada. In: REUNIÃO ANUAL DE PESQUISA DE CEVADA, 21., 2001, Guarapuava. **Anais e ata...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2001. v. 1, p. 421-424.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

MOLINA-CANO, J. L.; FRANCESCH, M.; PEREZ-VENDRELL, A. M.; RAMO, T.; VOLTAS, J.; BRUFAU, J. Genetic and environmental variation in malting and feed quality of barley. **Journal of Cereal Science**, v. 25, p. 37-47, 1997.

MOREIRA, J. A. N.; SANTOS, J. W. dos; OLIVEIRA, S. R. M. **Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma**. Campina Grande, MS: Embrapa-CNPA, 1994. 115 p.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro: IBGE, 1989. 422 p.

OSTER, A. E. Barley. In: FEHR, W. R. (Ed.). **Principles of cultivar development: crop species**. New York: MacMillan Publishing Company, 1987.

PASSARELLA, V. S.; SAVIN, R.; SLAFER, G. A. Breeding effects on sensitivity of barley grain weight and quality to events of high temperature during grain filling. **Euphytica**, v. 141, p. 41-48, 2005.

PINTHUS, M. J. Lodging in wheat, barley, and oats: the phenomenon, its causes, and preventive measures. In: BRADY, N. C. (Ed.). **Advances in agronomy**. New York, NY: Academic Press Inc., 1973. v. 25, p. 209-263.

POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. 4th. ed. Ames: Iowa State University, 1995. 473 p.

QI, J.; CHEN, J.; WANG, J.; WU, F.; CAO, L.; ZHANG, G. Protein and hordein fraction content in barley seeds as affected by sowing date and their relations to malting quality. **Journal of Zhejiang University-Science B**, v. 6, n. 11, p. 1069-1075, 2005.

RASBAND, W. S. **ImageJ**. Bethesda, Maryland, USA: U. S. National Institutes of Health, 1997-2006. Disponível em: <<http://rsb.info.nih.gov/ij/>>. Acesso em: 01 ago. 2011.

RASMUSSEN, D. C. Learning about Barley Breeding. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium**: proceedings of an International Symposium. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 1-6.

- RASMUSSEN, D. C.; PHILLIPS, R. L. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 303-310, 1997.
- RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system**, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 98 p.
- SANTOS, M. X. dos. **Estudo do potencial de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento**. 1985. 186 f. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, SP. 1985.
- SAS INSTITUTE INC. **SAS/STAT @ 9.2 user’s guide**. Cary, 2008. 7857 p. Disponível em: <<http://support.sas.com/documentation/cdl/en/statug/59654/PDF/default/statug.pdf>>. Acesso em: 8 mar. 2010.
- SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, p. 507-512, 1974.
- SETOTAW, T. A.; DIAS, L. A. dos S.; MISSIO, R. F. Genetic divergence among barley accessions from Ethiopia. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 116-123, 2010.
- SHEKHAWAT, U. S.; PRAKASH, V.; SINGHANIA, D. L. Genetic divergence in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Agricultural Research**, v. 35, n. 2, p. 121-123, 2001.
- SILVA, D. B. da; GUERRA, A. F.; MINELLA, E.; ARIAS, G. BRS 180: cevada cervejeira para cultivo irrigado no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1689-1694, 2000.
- SIMMONS, S. R.; RASMUSSEN, D. C.; WIERSMA, J. V. Tillering in barley: genotype, row spacing, and seedling rate effects. **Crop Science**, v. 22, n. 4, p. 801-805, 1981.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic diversity. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- SICHER, R. C. Assimilate partitioning within leaves of small grain cereals. In: YASH, P. A.; PRASANNA, M.; VINDJEE, D. (Ed.). *Photosynthesis Photoreactions to Plant Productivity*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, the Netherlands, p. 351-360. 1993.
- SNEATH, P. H. A.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W. H. Freeman, 1973. p. 573.
- SOBRAL, P. V. C. **Caracterização morfoagronômica e divergência genética entre acessos africanos de feijão-caupi**. 2009. 131 f. Dissertação (Mestrado) Teresina-PI. Teresina: Universidade Federal do Piauí.

- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, p. 30-40, 1962.
- SOLEIMANI, V. D.; BAUM, B. R.; JOHNSON, D. A. Genetic diversity among barley cultivars assessed by sequence-specific amplification polymorphism. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 110, n. 7, p. 1290-1300, 2005.
- STATSOFT INC. **Statistica for Windows** [Computer program manual] Tulsa: StatSoft Inc., 1999.
- TAMM, U. The variation of agronomic characteristics of European malting barley varieties. **Agronomy Research**, v. 1, p. 99-103, 2003.
- THORNE, G. N. Photosynthesis of ear and flag leaves of wheat and barley. **Annals of Botany**, v. 29, n. 3, p. 317-329, 1965.
- TSUCHIYA, Y.; ARAKI, S.; SAHARA, H.; TAKASHIO, M.; KOSHINO, S. Identification of malting barley varieties by genome analysis. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 79, p. 429-432, 1995.
- TUNGLAND, L.; CHAPKO, L. B.; WIERSMA, J. V.; RASMUSSEN, D. C. Effect of erect leaf angle on grain yield in barley. **Crop Science**, v. 27, n. 1, p. 37-40, 1987.
- VALOIS, A. C. C. **Genética aplicada a recursos fitogenéticos**. Brasília, DF: UNEB, 1998. 318 p.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas, SP: Fundação Cargill, 1987. v. 1. 795 p.
- VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 80, n. 6, p. 493-500, 2010.
- WETZEL, M. M. V. S.; FERREIRA, F. R. Sistema de curadorias de germoplasma. In: NASS, L. L. (Ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 858.
- WINDES, J. M.; OLSON, K.; OBERT, D. **Production Guidelines for CHARLES: A New Two-rowed Winter Malt Barley**. Disponível em: <[http://www.idahobarley.org/barleycropmanagement\\_files/Charles%20Production%20Guideline%20Sept%2009.pdf](http://www.idahobarley.org/barleycropmanagement_files/Charles%20Production%20Guideline%20Sept%2009.pdf)>. Acesso em: 10 mai. 2011.
- WRIGHT, L. Malting barley for new millennium. In: VIVAR, H. E.; MCNAB, A. (Ed.). **Breeding barley in the new millennium: proceedings of an International Symposium**. Mexico, DF: CIMMYT, 2001. p. 28-33.

WYCH, R. D.; RASMUSSEN, D. C. Genetic improvement in malting barley cultivars since 1920. **Crop Science**, v. 23, p. 1037-1040, 1983.

YALÇIN, E.; ÇELİK, S.; AKAR, T.; SAYIM, I.; KÖKSEL, H. Effects of genotype and environment on  $\beta$ -glucan and dietary fiber contents of hull-less barley grown in Turkey. **Food Chemistry**, v. 101, p. 171-176, 2007.

YAP, T. C.; HARVEY, R. L. Relations between grain yield and photosynthetic parts above the flag leaf node in barley. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 52, p. 241-246, 1972.

YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.

ŽÁKOVÁ, M.; BENKOVÁ, M. Characterization of spring barley accessions based on multivariate analysis. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 1, n. 2, p. 124-134, 2006.



## **CAPÍTULO IV**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS,  
GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM CEVADA IRRIGADA NO CERRADO**

**ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS, PHENOTYPIC, GENOTYPIC AND  
ENVIRONMENTAL CORRELATIONS ON BARLEY GROWN UNDER  
IRRIGATION CONDITIONS IN THE BRAZILIAN SAVANNA**

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS, CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM CEVADA IRRIGADA NO CERRADO

## 4.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais relacionadas aos componentes de produção e caracteres agromorfológicos (altura de plantas - ALT, espigamento - ESP, grau de acamamento - ACAM, rendimento de grãos - REND, peso de mil sementes - PMS, teor de proteína - PROT e classificação comercial de grãos - CLASS) de uma coleção elite de 39 genótipos cevada irrigada no bioma Cerrado. O experimento foi conduzido num delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições, em maio de 2009, na Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, localizada a 15°35'30" S de latitude, 47°42'30" L de longitude e 1.007 m de altitude, num LATOSSOLO VERMELHO argiloso. Foi observada a presença de variabilidade genética entre os genótipos de cevada testados nas condições irrigadas do Cerrado. As correlações genotípicas foram, para todos os caracteres, em valores absolutos, superiores às suas correspondentes correlações fenotípicas e ambientais. Houve grande contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres, sendo que a expressão fenotípica é diminuída ante as influências do ambiente. A acurácia seletiva foi alta para todos os caracteres. As elevadas magnitudes das estimativas da herdabilidade ampla indicaram a existência de variabilidade genética apontando a possibilidade de obterem-se ganhos genéticos com a seleção para todos os caracteres.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., diversidade genética, recursos genéticos, fenotípico, correlações genéticas.

# ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS, PHENOTYPIC, GENOTYPIC AND ENVIRONMENTAL CORRELATIONS ON BARLEY GROWN UNDER IRRIGATION CONDITIONS IN THE BRAZILIAN SAVANNA

## 4.2 ABSTRACT

The purpose of the present study was to estimate the heritability of traits through phenotypic, genetic and environmental parameters related to the production components and agro-morphological characters (plant height - ALT, days to heading - ESP, lodging - ACAM, grain yield - REND, thousand kernels weight - PMS, protein content - PROT and commercial classification of grains - CLASS) of an elite collection of 39 barley genotypes grown under irrigated conditions in the Savanna of Central Brazil. A complete randomized block design with four replicates was used. The experiment was planted under irrigation on May 2009 at Embrapa Cerrados (Federal District - Brazil) located at 15°35'30" S latitude, 47°42'30" E longitude and 1.007 m above sea level. The morphoclimatic domain is Savanna, with tropical seasonal climate (Aw), in a Dark Red Latossol soil with clay texture. Genetic variability was observed among the tested genotypes. The genotypic correlations (in absolute values) found for all traits were greater than their corresponding phenotypic and environmental correlations. A significant influence of genetic factors on the traits expression was observed and it could be concluded that the phenotypic expression is decreased depending on the environment conditions. The selection accuracy was rated high for all traits. The high magnitudes found in the estimation of broad sense heritability indicated the existence of a genetic variability showing the possibility of obtaining genetic gains through the selection for all characters.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., genetic diversity, genetic resources, phenotypic, genotypic correlations.

### 4.3 INTRODUÇÃO

A cevada (*Hordeum vulgare* L.), espécie da família Poaceae, da tribo Triticeae, foi uma das primeiras plantas a serem domesticadas para alimentação humana e é considerada o mais antigo cereal cultivado (BORÉM, 2009). O progresso genético obtido através de séculos de melhoramento genético da cevada vem garantindo a manutenção da competitividade da cultura, mantendo-a entre os quatro cereais mais plantados no mundo, atrás do milho, do arroz e do trigo (FAOSTAT, 2011). Essa espécie é utilizada como fonte de alimentação humana – nas formas integral e transformados industriais, sendo considerada um alimento funcional – (OSCARSSON et al., 1996; BHATTY, 1999, FERNANDES et al., 2006, YALÇIN et al., 2007) e também como alimento animal (FONTANELI et al., 2007).

No Brasil, a indústria malteira absorve a grande parte da produção nacional, e o remanescente é utilizado na alimentação animal ou como semente (AMABILE et al., 2007; MINELLA, 2010). Em 2009, a produção mundial, segundo a FAO (FAOSTAT, 2011), foi de aproximadamente 150 milhões de toneladas, sendo que o Brasil contribui com menos de 1% da produção mundial, o quarto produtor da América Latina. A demanda nacional por esta *commodity* é crescente, e a produção nas regiões tradicionais, como nos estados do Sul, está longe de atender às necessidades do mercado, cujo déficit é suprido com importações que oneram a balança comercial nacional. A produção nacional está concentrada nos estados do Sul do Brasil, em pequenas áreas irrigadas em São Paulo e, no bioma Cerrado, em Goiás (CONAB, 2011).

O Cerrado tem potencial para suprir a demanda nacional por grãos de cevada, dando oportunidade e oferta ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais (AMABILE et al., 2007), principalmente como alternativa para compor os sistemas irrigados da região, cuja área irrigada por pivot central é estimada em 478 mil hectares (LIMA et al., 2009). A cevada foi introduzida no Cerrado brasileiro com os objetivos de suprir a demanda interna de malte e proporcionar ao agricultor do Brasil Central alternativa para diversificar e integrar os sistemas de produção irrigada. Entretanto, a sua inserção no sistema agrícola sob irrigação, ainda necessita de estudos direcionados à sua adaptação a esse ambiente, na busca de estratégias agronômicas que visem explorar, com maior eficiência, a produção desse cereal (AMABILE et al., 2007).

Cultivares de melhor desempenho agronômico, mais produtivas e adaptadas ao sistema irrigado, são demandas imperiosas, tanto do lado da inovação tecnológica, quanto da busca dos produtores. Programas de melhoramento genético são dinâmicos e representam uma oportunidade de ofertar novos genótipos às exigências prementes dos sistemas agrícolas, contribuindo para a pluralização desses sistemas, além de favorecer o regime técnico-

econômico das *commodities* agrícolas. No caso da cevada irrigada no Cerrado, o desafio expresso está na obtenção de cultivares com melhores qualidades agrônômica e industrial, mais produtivas e adaptadas ao sistema irrigado e que atendam às exigências industriais, fixando a cevada como alternativa agrônômica e econômica para essa região (AMABILE et al., 2007).

A estimativa de parâmetros genéticos é essencial na quantificação da magnitude da variabilidade e a extensão em que os caracteres desejáveis são herdados, a fim de efetuar o planejamento com vistas a promover o avanço de um programa eficiente de melhoramento genético (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). O conhecimento do grau da associação entre caracteres é de extremo valor nas estratégias do melhoramento, pois esclarecem e quantificam as relações entre eles, principalmente, quando a seleção de um caráter promove modificações em outros caracteres correlacionados (RAMALHO et al., 1979; KHALIQ et al., 2004; RAMALHO et al., 2008). É uma importante ferramenta que permite a seleção indireta usada quando a seleção de um caráter de interesse for dificultada devido à baixa herdabilidade ou a problemas de mensuração e de aferição (FALCONER & MACKAY, 1996; CRUZ et al., 2004). Além disso, segundo SANTOS & VENCOVSKY (1986), outra importante aplicação das correlações é contribuir para a eficiência na seleção simultânea de características de interesse.

A eficiência da seleção passa necessariamente pela predição dos valores genéticos que dependem e podem ser obtidos, das estimativas dos componentes de variância genética e fenotípica (RAMALHO et al., 2000; SMITH et al., 2001; CRUZ et al., 2004). Por meio da relação entre as variâncias genéticas e fenotípicas, podem-se estimar a herdabilidade e a acurácia que quantificam a precisão nas inferências das médias genotípicas a partir das médias fenotípicas (RESENDE & DUARTE, 2007; CARGNELUTTI FILHO & STORCK, 2009; STORCK et al., 2010). As informações sobre a natureza e a grandeza dos componentes da variância genética para caracteres quantitativos, de importância agrônômica e de qualidade, são essenciais para o planejamento de um programa de melhoramento eficiente. Para esses caracteres que são, em geral, fortemente influenciados pelo fator ambiental, é fundamental o conhecimento da herdabilidade e da acurácia e seus componentes de variância, permitindo orientar de maneira mais efetiva um programa de melhoramento, predizer o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base científica, as técnicas de seleção alternativas que podem ser mais eficazes (CRUZ et al., 2004).

Segundo Resende & Duarte (2007), os estudos de avaliação de genótipos devem ser abordados não apenas sob a perspectiva estatística, mas também pela ótica genética, considerando-se a acurácia seletiva, uma vez que esta estatística considera as proporções entre

as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação, além da amplitude da variação residual. Sendo assim, a utilização dessas estatísticas associadas auxilia o melhorista a maximizar seus ganhos no processo de seleção de caracteres quantitativos.

No caso da cevada brasileira, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos tem sido muito pequena, sendo que praticamente inexistem estudos e informações sobre tais estimativas a partir de populações, coleções e acessos úteis para programas de melhoramento da cultura, avaliados no Cerrado, em sistemas de produção irrigada. Nesse sentido, objetivou-se, neste trabalho, obter informações acerca da coleção elite de cevada para programas de melhoramento no Brasil com a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais relacionadas aos componentes de produção e caracteres agromorfológicos da cevada irrigada no Cerrado.

#### 4.4 MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi conduzido na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30'' de latitude Sul e 47°42'30'' de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m. O ensaio foi realizado entre 1° de maio a 30 de setembro de 2009, sob sistema de irrigação convencional. O solo foi classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distroférico típico argiloso, cujos resultados das análises químicas e físicas do solo, determinados conforme EMBRAPA (1997), indicaram ausência de Al; 38,2 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Ca; 8,4 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de Mg; 24,69 mg kg<sup>-1</sup> de P; 6,8 mmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup> de K; 23,0 g kg<sup>-1</sup> de M.O.; e pH<sub>(água)</sub> de 6,07; areia grossa = 60 g kg<sup>-1</sup>; areia fina = 380 g kg<sup>-1</sup>; silte = 130 g kg<sup>-1</sup> e argila = 430 g kg<sup>-1</sup>. Segundo a classificação de Köppen, a área está inserida no domínio morfoclimático do Cerrado, com clima tropical estacional (Aw) (NIMER, 1989) cujos dados climatológicos, durante a condução do ensaio, foram: temperatura mínima, média e máxima do ar de 13,8 °C, 20,7 °C e 27,9 °C, respectivamente; umidade mínima, média e máxima do ar, correspondentemente, de 29,9%, 53,5% e 79,3%; velocidade do vento de 1,9 m s<sup>-1</sup>, 444,9 cal/cm<sup>2</sup>/dia de radiação solar e na ausência de chuvas.

Foram avaliados 39 genótipos elite de cevada, hexástica e dística, incluindo-se as testemunhas BRS 180 e BRS 195, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, de origem mexicana, estadunidense, canadense, australiana, inglesa, alemã, além das linhagens brasileiras obtidas do programa de melhoramento de cevada da Embrapa (Tabela 2).

Adotou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas foram de 6 linhas de 5 metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, a uma densidade de 300 plantas m<sup>-2</sup>. O preparo do solo

constou da incorporação dos restos culturais de soja, utilizando-se de arado de discos de 32”, seguido de uma gradagem com a grade niveladora de 20”. Utilizou-se o herbicida Pendimethalin em pré-emergência na dosagem 3,0 L ha<sup>-1</sup>. Foram aplicados, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N no surgimento da quinta folha plenamente expandida.

As irrigações, por aspersão, foram efetuadas com base na umidade volumétrica do solo ( $\theta$ ), medida por uma sonda de perfil (Profile probe Delta-T) instalada na linha de plantio, nas profundidades de 0,10 m; 0,20 m e 0,30 m. As regas foram realizadas quando a umidade, na profundidade de 0,10 m, atingia valores em torno de 0,26 cm<sup>3</sup>.cm<sup>-3</sup>, o que correspondeu ao consumo de 50% da água disponível, conforme a curva característica de umidade da área (GUERRA et al., 2003). A quantidade de água por irrigação foi calculada com base nas leituras diárias da sonda, buscando elevar a umidade no perfil de solo, de 0 a 0,35 m, até a capacidade de campo (0,35 cm<sup>3</sup>.cm<sup>-3</sup>), totalizando 420 mm de lâmina líquida de irrigação na condução do ensaio.

Foram avaliados os caracteres altura de plantas - ALT (cm); espigamento - ESP (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis), em dias; grau de acamamento - ACAM (dados transformados em  $\arcsen x^{0,5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); rendimento estimado de grãos - REND, (kg ha<sup>-1</sup>); peso de mil sementes (g) - PMS, (BRASIL, 2009); teor de proteína, em %, (PROT) pelo método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001) e classificação comercial de primeira (%) - CLASS, de acordo com Brasil (1996), em que a classe de primeira representa aquela cevada cujos grãos inteiros e sadios fiquem retidos na peneira de crivos oblongos de 2,5 mm de largura.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Para a análise de variância, de cada caracter, foi considerado modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$ , onde:  $Y_{ij}$  = valor observado relativo da característica da i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;  $\mu$  = média geral;  $G_i$  = efeito da i-ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );  $B_j$  = efeito do j-ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ );  $\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório (fatores não controlados),  $\varepsilon_{ij} \sim NID(0, \sigma^2)$ . Na Tabela 1, encontra-se o esquema da análise de variância desse modelo.

**Tabela 1.** Esquema da análise de variância do modelo em blocos completos casualizados.

FV	GL	QM	E (Q.M.)	F
<b>Blocos</b>	r - 1	QMb	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
<b>Genótipos</b>	g - 1	QMg	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	QMg/QMe
<b>Erro</b>	(r - 1) (g - 1)	QMe	$\sigma_e^2$	

Foram obtidas as estimativas das variâncias fenotípica ao nível de média ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), genotípica entre os acessos ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e da ambiental média ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), herdabilidade ao nível de média ( $h_a^2$ ), os coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) e genético ( $CV_g$ ), o coeficiente de correlação relativa ( $CV_r$ ) e a acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ), para cada uma das características analisadas, utilizando-se programa Genes (CRUZ, 2007), em que:

$$\text{Variância fenotípica entre as médias dos tratamentos} - \hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMg}{r}$$

$$\text{Variância ambiental} - \hat{\sigma}_e^2 = \frac{QMe}{r}$$

$$\text{Variância genotípica} - \hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMg - QMe}{r}$$

$$\text{Herdabilidade ao nível de média} - h_a^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{QMg} 100$$

$$\text{Coeficiente de variação experimental} - CV_e(\%) = \frac{100\sqrt{QMe}}{m_c}, \text{ onde } m_c = \text{média do caráter.}$$

$$\text{Coeficiente de variação genético} - CV_g = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m_c}, \text{ onde } m_c = \text{média do caráter.}$$

$$\text{Coeficiente de variação relativo} - CV_r = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}}$$

$$\text{Acurácia seletiva} - \hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - 1/F}$$

Utilizando as estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre os caracteres dois a dois, foram determinadas as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, conforme Kempthorne (1966), com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007), por meio das seguintes equações:

$$\text{Coeficiente de correlação genotípica} - r_g = \frac{Cov_g(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2(X) \cdot \hat{\sigma}_g^2(Y)}}$$

$$\text{Coeficiente de correlação fenotípica} - r_f = \frac{Cov_f(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2(X) \cdot \hat{\sigma}_f^2(Y)}}$$

$$\text{Coeficiente de correlação ambiental} - r_a = \frac{Cov_a(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2(X) \cdot \hat{\sigma}_a^2(Y)}}, \text{ em que:}$$



$C\hat{ov}_g(X,Y)$ ,  $C\hat{ov}_f(X,Y)$  e  $C\hat{ov}_a(X,Y)$  = Estimadores da covariância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, entre dois caracteres  $X$  e  $Y$ ;

$\hat{\sigma}_g^2(X)$ ,  $\hat{\sigma}_f^2(X)$  e  $\hat{\sigma}_a^2(X)$  = Estimadores da variância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, do caráter  $X$ ;

$\hat{\sigma}_g^2(Y)$ ,  $\hat{\sigma}_f^2(Y)$  e  $\hat{\sigma}_a^2(Y)$  = Estimadores da variância genotípica, fenotípica e ambiental, respectivamente, do caráter  $Y$ .

#### 4.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância dos dados obtidos para cada caráter evidenciam a existência de efeitos significativos dos genótipos, sendo esses efeitos de elevada magnitude com base na análise estatística  $F$  ( $p \leq 0,01$ ), para todos os caracteres (Tabela 3). Tais efeitos indicaram a existência de variabilidade genética e de diferenças entre os acessos estudados quanto aos caracteres avaliados. O valor de  $F$  também tem sido utilizado como indicador do grau de precisão experimental (CARGNELUTTI FILHO & STORCK, 2007; CARGNELUTTI FILHO & STORCK, 2009). Para Resende & Duarte (2007) o valor de  $F$  de ensaios de avaliação genotípica deve ser maior que 2,0. Os valores de  $F$  encontrados no trabalho, que variaram de 2,16 a 114,75, foram adequados e enquadrados na classe de precisão dada como de alta a muito alta.

Os coeficientes de variação ambiental ( $CV_e$ ) apresentaram pequena magnitude, com exceção do obtido para o caráter acamamento de plantas de 172,71% (Tabela 3). Altos valores de  $CV_e$  para o acamamento têm sido verificados por vários autores (COSTA et al., 2002; ŽÁKOVÁ & BENKOVÁ (2006). Essa característica é muito influenciada pelo ambiente e também apresenta dificuldade de determinação devido à falta de acuidade visual. A análise do valor do  $CV_e$  deve considerar as particularidades da cultura avaliada e, principalmente, da natureza do caráter abordado (GARCIA, 1989; SCAPIM et al., 1995; COSTA et al., 2002), para que haja um melhor entendimento dos resultados. Para os demais caracteres, os valores do  $CV_e$  variaram de 2,14% para espigamento a 5,91% para teor proteico, considerados baixos pelo critério de Pimentel-Gomes (1990), indicando alta precisão experimental.

Segundo Resende & Duarte (2007), não é suficiente fixar-se apenas no valor de  $CV_e$  para realizar inferências acerca da qualidade experimental. Mesmo com baixos  $CV_e$ , outras estatísticas que levam em conta a variância genotípica, como o coeficiente de variação genético e a acurácia seletiva, são determinantes para uma eficaz inferência sobre o valor genotípico do material genético a partir das avaliações fenotípicas (RESENDE, 2002). De acordo com os resultados deste trabalho (Tabela 3), notou-se que a estimativa da variância

genotípica foi o principal componente da variância fenotípica entre os genótipos, com exceção do caráter grau de acamamento. Observou-se, que a variância genética compôs, para os caracteres REND, PMS, CLASS, ALT e ESP, mais de 90% da variância fenotípica e 73,8% para a PROT. Esses resultados evidenciaram, além da elevada variabilidade genética disponível, o correto controle ambiental, eficiência experimental e acurácia genotípica, muito provavelmente, devido às acertadas práticas agrícolas realizadas na condução do trabalho, o desenho experimental incluindo o tamanho da parcela experimental e número de repetições, além do cuidado nas avaliações das características. A variabilidade genética e a acurácia experimental apresentadas são primordiais para nortear o programa de melhoramento, permitindo uma apurada seleção e ganhos genéticos (ALLARD, 1999; CHAPMAN, 1985; CRUZ et al., 2004).

O coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) é um parâmetro que permite deduzir a magnitude da variabilidade genética presente nas populações e em diferentes caracteres (RESENDE, 2002) e a proporcionalidade do ganho em relação à média (FALEIRO et al., 2002). Os caracteres com situações mais favoráveis ao melhoramento apresentam  $CV_g$  superior ao  $CV_e$ . Deste modo, observou-se, pela Tabela 3, que o  $CV_g$  discriminou-se superiormente em relação ao  $CV_e$ , da mesma forma que a variância genética quando comparada com a ambiental, para os caracteres REND (15,42%), PMS (9,58%), CLASS (13,57%), ALT (9,56%), ESP (11,41%). No entanto foi inferior ao  $CV_e$ , para os caracteres PROT e ACAM, sugerindo-se uma condição pouco favorável à seleção fenotípica para esses caracteres. Os coeficientes  $CV_r$ , obtidos por meio da razão  $CV_g/CV_e$ , foram superiores a 1, excetuando-se para os caracteres PROT e ACAM (Tabela 3), indicando que para a maioria dos caracteres aferidos há a possibilidade de êxito na seleção fenotípica uma vez que a variância genética superou a ambiental (SANTOS, 1985; VENCOVSKY, 1987). Entretanto, apesar de o  $CV_r$  ser inferior à unidade, para o parâmetro PROT, pelo número de repetições utilizadas no ensaio (4), este, adicionalmente, assegurou elevada precisão e acurácia seletiva, em que os dados de  $CV_r$  igual a 0,84 e acurácia seletiva igual a 0,86 (Tabela 3) estão perfeitamente ajustados aos valores estabelecidos por Resende & Duarte (2007). Para o caráter acamamento, a razão entre o coeficiente de variação genético e o ambiental ( $CV_r$ ) foi de 0,54. Esse valor sugere uma condição pouco favorável à seleção do caráter. Todavia, da mesma forma que para PROT, a acurácia seletiva ACAM foi de 0,732, caracterizando-a como alta. Mesmo não sendo uma acurácia ideal, conforme preconizaram Resende & Duarte (2007), os valores apresentados pelas variáveis PROT e ACAM alcançaram uma acurácia seletiva classificada como alta, dentro das classes fornecidas por aqueles autores, permitindo uma boa inferência do genótipo a partir do fenótipo.

Os demais valores das acurácias seletivas ( $\hat{r}_{gg}$ ) para REND, PMS, CLASS, ALT, ESP foram classificados como muito alta, dentro das categorias de precisão fornecidas por Resende & Duarte (2007), (Tabela 3). Conforme Resende (2002), quanto maior o valor da acurácia, melhor será a inferência do valor genotípico a partir do fenotípico, promovendo informações corretas para fins de seleção, uma vez que ela é o principal elemento do progresso genético que o melhorista pode alterar visando maximizar o ganho genético.

Outro parâmetro importante para analisar a acurácia experimental é a herdabilidade. Observou-se na Tabela 3, que as estimativas da herdabilidade no sentido amplo, para os caracteres REND, PMS, CLASS, ALT e ESP, registraram valores superiores a 90%, indicando uma correspondência preditiva entre o valor fenotípico e o valor genético conforme relatado por Vencovsky & Barriga (1992) e por Falconer & Mackay (1996). Tal afirmação é comprovada pela grande contribuição da variância genotípica em relação à ambiental para com a variância fenotípica (SEARLE et al., 1992). Altas estimativas de herdabilidade possibilitam maior eficiência no processo seletivo, de modo que tais caracteres, nas condições em questão, esboçam a possibilidade de serem herdados de maneira expressiva de uma geração para outra. É importante destacar que, devido ao alto grau de homozigose dos genótipos, em virtude de apresentarem mais de oito gerações de autofecundação, expressiva parte da herdabilidade é em razão da presença dos efeitos dos genes aditivos.

A maior estimativa da herdabilidade foi verificada para o caráter ESP (99,13%) (Tabela 3). Altas herdabilidades para o espigamento foram também obtidas por Marquez-Cedillo et al. (2001), da ordem de 92% e de 83,1% por Manzjuk & Barsukov (1974). Frey (1954) referiu valores considerados elevados de 47% a 92%, em populações distintas, enquanto Delogu et al. (1988) revelaram valores de herdabilidade de espigamento de 65% a 79% e Gut et al. (2004) de 62,5% a 79,5%. Assim, é pressuposto de que, nas condições do Cerrado, houve eficiente controle de variação ambiental, melhor expressão de diferenças genéticas e, portanto, maior herdabilidade.

Para o PMS a herdabilidade foi de alta magnitude, da ordem de 97,32% (Tabela 3). Chand et al. (2008) também encontraram elevada herdabilidade (99,9%) para PMS em uma coleção de genótipos elite em três ambientes diversos. Jalata et al. (2011) e Kole (2006) apresentaram valores de herdabilidade ampla para PMS, de 85,6% e 78,4%, respectivamente. Valores inferiores, mas considerados ainda altos, foram citados por Therrien (2006) em que, avaliando mais de 32 ambientes e 120 genótipos de cevada, apontou uma herdabilidade ampla de 63,7% a 75,2%, com uma média de 68,5%. Esse valor foi próximo ao dos dados de Delogu et al. (1988), 66% e 68%, para duas populações, e de Manzjuk & Barsukov (1974) com 78,5%, mas superiores aos valores encontrados por Lu et al. (1999) que oscilaram entre 27% e

55%, mostrando grande variação de acordo com os materiais genéticos e com os ambientes empregados. Tinker et al. (1996) certificaram que a estimativa da herdabilidade para o caráter peso de mil grãos divergiu de acordo com o ambiente imposto (49% a 82%), com média de 71%, sugerindo que a variação entre as herdabilidades encontradas pode ser explicada pela considerável heterocedasticidade (diferenças na quantidade de variância não genética) entre os ambientes. O elevado nível de herdabilidade observado fornece uma indicação de que o peso de grãos de cevada, *per se*, ou dos componentes que contribuem para esse peso, pode ser introgridido em novos genótipos, com grande possibilidade de sucesso.

A herdabilidade para ao caráter REND foi de 96,72%, sendo expressivo o valor obtido (Tabela 3). Marquez-Cedillo et al. (2001) consideraram ter encontrado alta herdabilidade para o rendimento de grãos (83%), na média de nove ambientes, enquanto Hayes et al. (1993), analisando 16 ambientes, evidenciaram uma herdabilidade de 77% e Jalata et al. (2011) uma herdabilidade ampla de 71,4%. Gut et al. (2004) confirmaram valores de até 88%. Em contraste, estimativas de menores amplitudes têm sido verificadas (RUTGER, 1966; DELOGU et al., 1988; NADZIAK et al., 1994). Segundo Al-Yassin et al. (2005), as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para rendimento de grãos, variam consideravelmente na literatura dentro da mesma espécie, como uma provável consequência da diferença no tipo de material genético e dos ambientes em que estudos foram realizados. Esses autores descreveram que a herdabilidade variou para um mesmo cruzamento em função da relação genótipo x local e do genótipo x ano. Para um certo cruzamento, o valor oscilou de 0% a 68,1%. Observaram, igualmente, que, para determinado cruzamento de cevada, a média da estimativa da herdabilidade no sentido amplo variou de 17,3% (quando o rendimento foi de 29 kg ha<sup>-1</sup>) a 75,8%, quando a produtividade foi de 3.923 kg ha<sup>-1</sup>. Mesma variação da herdabilidade para rendimento de grãos foi registrada por Delogu et al. (1988) e Gut et al. (2004). Tinker et al. (1996) também relataram que a estimativa da herdabilidade desse caráter divergiu de acordo com o ambiente imposto (de 0% a 66%). Da mesma forma, Bouzerzour & Dekhili (1995) observaram que, em contraste com o ambiente, a herdabilidade para rendimento de grãos de cevada variou de 0% a 93%, mostrando o grande efeito do ambiente sobre a herdabilidade, devendo-se considerar esse fato para prever uma melhor resposta e método de seleção.

Annicchiarico et al. (2005) afirmaram que, para o estudo da herdabilidade, torna-se necessário considerar a interação genótipo x ambiente, genótipo x local e genótipo x ano, concordando com Falconer & Mackay (1996) que consideram que a herdabilidade não é uma propriedade somente de um caráter, mas igualmente da variância genética e do ambiente aos quais os genótipos estão sujeitos, da população e das circunstâncias de ambientes às quais os

indivíduos estão sujeitos. Esse alto valor obtido pode ter sido devido ao menor estresse do ambiente imposto aos genótipos, corroborando o proposto de Frey (1964) que observou maiores herdabilidades em ambientes sem estresses, do que quando comparado com aqueles com algum tipo de estresse. Ainda, o ambiente irrigado do Cerrado, por ter promovido essa alta herdabilidade, pode ser tido um ambiente propício para uma seleção baseada nessa estatística, uma vez que segundo Johnson & Frey (1967), estimativas de herdabilidade podem ser usadas como critério para identificar os ambientes em que a seleção seria mais eficaz.

Para o caráter CLASS, - grãos maiores que 2,5 mm de largura -, a herdabilidade verificada de 96,67% (Tabela 3) foi tão elevada quanto os valores encontrados por Fox (2008), de 88% a 95% para sementes entre 2,5 mm a 2,8 mm e de 89% a 98% para sementes maiores que 2,8 mm. A elevada herdabilidade assinala um nível relativamente alto de variação genética em relação à variação total e/ou que as condições ambientais mostraram-se favoráveis para a seleção.

Quanto ao caráter ALT, a herdabilidade foi alta (92,43%) (Tabela 3), sendo que esse parâmetro pode ser empregado na predição de valores genotípicos, servindo para a seleção de genótipos superiores. Esse resultado reforça a hipótese de que o caráter altura de plantas, na cevada, tem alto grau de herdabilidade e pode ser transmitido de uma geração para outra assim como já tinha sido determinado por Frey (1954), que obteve um índice de até 92%. Do mesmo modo, Hayes et al. (1993) anotaram uma herdabilidade de 96%, em 16 ambientes avaliados, enquanto Marquez-Cedillo et al. (2001) de 95%, Manzjuk & Barsukov (1974) de 74,2% e Delogu et al. (1988) entre 64% e 78%. De modo geral, a herdabilidade para esse caráter em cevada é alta. Chand et al. (2008) obtiveram uma herdabilidade no sentido amplo de até 95,2% e Eshghi & Akhundova (2010), referindo-se à herdabilidade ampla, constataram índices de 80% e de 87%, considerados altos pelos autores.

Em relação ao caráter PROT, a herdabilidade foi da ordem de 73,84% (Tabela 3), considerada alta (CRUZ, 2005). Apesar de inferior às demais, essa estimativa pode ser considerada satisfatória para o sucesso na seleção desse caráter. Resultados similares de proteína foram reportados por Fox (2008) que obteve valores entre 60% e 80%; por Olsen (1974) que evidenciou uma estimativa de 73%; de Bichoński & Burek (2000) que registraram uma herdabilidade de 72% e de Therrien (2006) de 53,4% a 94%, quando testou cerca de 120 genótipos em 32 ambientes. Vale ressaltar que para Therrien (2003), a proteína é altamente herdável e passível de melhoramento genético, mesmo com um valor de herdabilidade encontrado no seu trabalho de 63,9%.

No que se refere ao caráter ACAM, a herdabilidade foi a mais baixa (53,61%) dentre os caracteres avaliados (Tabela 3). Entretanto, o valor superior ao do intervalo obtido por

Tinker et al. (1996), de 3% a 52% e dentro do encontrado por Gut et al. (2004), entre 11% e 54,8%. Mesmo sendo considerada uma herdabilidade alta (CRUZ, 2005), os dados designam que existe pouca variabilidade de ordem genética na coleção, contribuindo para uma menor intensidade no avanço genético do programa de melhoramento.

De modo geral, os resultados apresentados indicaram que a seleção fenotípica foi eficiente, devido às altas herdabilidades observadas e, muito provavelmente, os adequados controles ambientais obtidos, confirmados pelos parâmetros estatísticos, promoveram a expressão da variabilidade genotípica nos caracteres estudados.

Com relação às estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, entre pares de caracteres (Tabela 4), verificou-se que as correlações genotípicas foram, para todos os caracteres, em valores absolutos, superiores aos coeficientes de correlações fenotípicas e ambientais. Isso evidencia a maior contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres do que os de ambiente e que o fenótipo reflete adequadamente o genótipo. Apesar das poucas estimativas das correlações genéticas encontradas na literatura sobre cevada, resultados análogos foram observados por Shoufu et al. (1996); Bhutta et al. (2005) e Kole (2006). Destacou-se, também, que os sinais dos coeficientes genotípicos e fenotípico tiveram o mesmo sinal e que, segundo Cruz et al. (2004), esse fato é decorrente da ausência de erros na amostragem e avaliação.

Para alguns pares de caracteres, as correlações genotípicas e ambientais apresentaram diferenças de sinais (Tabela 4) indicando que o ambiente favoreceu um caráter em detrimento de outro. Além disso, essas combinações de pares de caracteres em que os sinais são contrastantes indicam que as causas da variação genética e ambiental, presumivelmente afetaram os caracteres por meio de dessemelhantes mecanismos fisiológicos (FALCONER & MACKAY, 1996). Esse fato foi constatado entre as correlações REND e PMS, REND e ALT, REND e PROT, REND e ACAM, PMS e ALT, PMS e ESP, PMS e PROT, CLASS e ALT e CLASS e ESP.

As maiores magnitudes de correlações genotípica (0,6076) e fenotípica (0,5677) ocorreram entre PMS e CLASS (0,6076), sendo esta positiva (Tabela 4), determinando que a seleção, visando ao incremento de um caráter provocará alterações no outro, no mesmo sentido. A correlação ambiental não apresentou diferença de sinal em relação à respectiva correlação genética, revelando que o ambiente não afetou as variáveis associadas, favorecendo a seleção indireta. Considerando que o PMS é mensurado antes do caráter CLASS, a efetividade de uma seleção indireta, via peso de mil sementes em detrimento da classificação de grãos, é facilitada, uma vez que a classificação comercial dos grãos é um processo que demanda muita mão de obra e tempo. Segundo Cruz et al. (2004), em alguns

casos, é possível obter progressos mais rápidos com a seleção indireta com base na resposta correlacionada, do que a seleção direta do caráter desejado.

O caráter REND correlacionou-se genotípica (0,6017) e fenotipicamente (0,5677) e de forma positiva ao caráter ALT (Tabela 4), revelando que a seleção de genótipos mais altos resultaria em genótipos com melhores rendimentos, sendo importante no processo de seleção. Associações semelhantes, porém com uma grandeza menor, foram observadas por Shoufu et al. (1996); Bhutta et al. (1991); Bhutta et al. (2005) e de Gut et al. (2004), tanto para um grupo de cevada dística como hexástica, corroborando com os resultados obtidos. No entanto, as correlações fenotípicas foram de sinal inverso às de Rutger et al. (1967) que, apesar de contrária, foi de baixa magnitude, conforme Ceccarelli et al. (1992). É importante evidenciar, em face da variação da magnitude dos dígitos de correlações deparadas na literatura, há necessidade de se obter estimativas de correlação para cada população em particular, semelhante ao prescrito por Unêda-Trevisoli (2000).

Ceccarelli et al. (1992) apontaram que a eficiência relativa da seleção indireta em relação à direta pode ser prevista pela magnitude da herdabilidade e do coeficiente de correlação genética. Assim sendo, como para a associação entre PMS e CLASS, bem como para REND e ALT, que detiveram altas herdabilidades (Tabela 4), é de se esperar que a seleção indireta, conforme previu (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), nestes casos, seja efetiva, podendo-se selecionar os genótipos mais elevados e com maiores pesos de grãos. Entretanto para Briggs (1978), devido às várias correlações positivas e negativas dentro das características agrônômicas e de qualidade em cevada, torna-se um problema complexo esse tipo de seleção em programa de melhoramento genético.

O caráter PMS correlacionou-se genética e fenotipicamente de forma negativa com o rendimento e a altura (Tabela 4), sendo conflitantes com os dados encontrados por Shoufu et al. (1996); Bhutta et al. (2005) e Kole (2006), porém concordantes com os de Gut et al. (2004) para as cevadas dísticas. Essa divergência observada na literatura relaciona-se com os diferentes genótipos e ambientes utilizados em cada trabalho.

Em todas as combinações associadas ao caráter acamamento, não ocorreu diferenças em sinal, em relação às respectivas correlações genotípicas e ambientais, assinalando que o ambiente interferiu da mesma forma sobre as variáveis envolvidas (Tabela 4). Pode-se verificar, pelos inexpressivos coeficientes de correlações genotípicos e fenotípicos entre a altura de plantas e o acamamento, que é possível a seleção de plantas altas e com uma boa arquitetura que minimize o acamamento, uma vez que a exiguidade observada nos coeficientes de correlações, segundo Ceccarelli et al. (1992), reflete a ausência de uma relação linear entre os caracteres avaliados (CRUZ et al., 2004). Esses resultados vão de encontro ao

que os programas de melhoramento genético têm predito, entre suas metas, quanto a uma seleção de plantas baixas para que não ocorra o acamamento. É de se destacar que a predisposição ao acamamento está relacionada a caracteres de ordem morfológica e anatômica, assim como aspectos fisiológicos, fatores estes inter-relacionados aos ambientais, evidenciando que os genótipos estudados apresentaram pequena disposição a esse fenômeno.

#### **4.6 CONCLUSÕES**

Foram verificados efeitos genéticos altamente significativos dos materiais cevada testados nas condições irrigadas do Cerrado para todas as características agronômicas avaliadas.

Baixos coeficientes de variação ambiental para quase todas as características, exceto para o acamamento, indicaram boa precisão experimental e altos valores de herdabilidade, coeficientes de variação genéticos e acurácia seletiva evidenciaram condição favorável à seleção dos materiais para as características agronômicas avaliadas.



#### 4.7 TABELAS E FIGURAS

**Tabela 2.** Genótipos de cevada avaliados, tipo de espiga e origem. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Genótipo</b>	<b>Tipos de espiga</b>	<b>Origem</b>
PFC 2001090	Dística	Brasil
CEV 96046	Dística	Brasil
PFC 213660	Dística	Brasil
PFC 99318	Dística	Brasil
PFC 213106	Dística	Brasil
PFC 2003122	Dística	Brasil
Alliot	Dística	Inglaterra
Foster	Hexástica	EUA
C-70	Dística	EUA
Lacey	Hexástica	EUA
M 14	Dística	EUA
CPAC 20011	Hexástica	México
PFC 2005123	Dística	Brasil
CIMMYT 42	Hexástica	México
CIMMYT 48	Hexástica	México
CIMMYT 2	Hexástica	México
CIMMYT 25	Hexástica	México
PFC 2001049	Dística	Brasil
Danuta	Dística	Alemanha
BRS 195	Dística	Brasil
BRS 180	Hexástica	EUA
Cellar	Dística	Inglaterra
CPAC 20020098	Hexástica	México
BRS Deméter	Dística	Brasil
Prestige	Dística	Inglaterra
Scarlett	Dística	Alemanha
PFC 2004345	Dística	Brasil
BRS Sampa	Dística	Brasil
PFC 2004216	Dística	Brasil
BRS Elis	Dística	Brasil
PFC 98252	Hexástica	Brasil
Vicente Morales	Hexástica	México
BRS Greta	Dística	Brasil
PFC 99324	Hexástica	Brasil
PFC 2004033	Dística	Brasil
PFC 214827-10	Dística	Brasil
Antártica-1	Dística	Brasil
Nandi	Hexástica	Austrália
FM 404	Dística	Brasil

**Tabela 3.** Quadrados médios de genótipos (QMg) e do erro (QMe), valor de F e estimativas das variâncias fenotípica ao nível de média ( $\sigma_f^2$ ), genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e ambiental ( $\sigma_e^2$ ), da herdabilidade ao nível de média ( $h_a^2$ ), dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) e genético ( $CV_g$ ), da relação  $CV_r$  e da acurácia ( $\hat{r}_{\hat{g}g}$ ) de cada carácter avaliado em 39 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013 <sup>1</sup>.

Parâmetros genéticos	Caracteres						
	REND	PMS	CLASS	ALT	ESP	PROT	ACAM <sup>(2)</sup>
QMg	3.100.108,26	73,83	532,05	279,89	185,21	2,21	0,00101
QMe	101.696,24	1,98	17,74	21,20	1,61	0,58	0,000469
F	30,48**	37,36**	29,99**	13,21**	114,75**	3,82**	2,16**
$\sigma_f^2$	775.027,06	18,46	133,01	69,97	46,30	0,55	0,000252
$\sigma_e^2$	25.424,06	0,49	4,44	5,30	0,40	0,14	0,000117
$\sigma_g^2$	749.603,00	17,96	128,58	64,67	45,90	0,41	0,000135
$h_a^2$ (%)	96,72	97,32	96,67	92,43	99,13	73,84	53,61
$CV_e$ (%)	5,68	3,18	5,04	5,48	2,14	5,91	172,71
$CV_g$ (%)	15,42	9,58	13,57	9,56	11,41	4,97	92,83
$CV_r$ (%)	2,72	3,02	2,69	1,75	5,33	0,84	0,54
$\hat{r}_{\hat{g}g}$	0,98	0,99	0,98	0,96	1,00	0,86	0,73

<sup>1</sup> Rendimento de grãos (REND). Peso de mil sementes (PMS). Classificação comercial de primeira (CLASS). Altura de plantas (ALT). Espigamento (ESP). Teor de proteína (PROT). Grau de acamamento (ACAM).

<sup>2</sup> Dados transformados em  $\arcsen x^{0,5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento.

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

**Tabela 4.** Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre os caracteres de REND (rendimento de grãos), PMS (Peso de mil sementes), CLASS (Classificação comercial de primeira), ALT (Altura de planta), ESP (Dias até a formação da espiga), PROT (Teor de proteína) e ACAM (Acamamento transformado) em 39 genótipos de cevada. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

Caracteres	Corre- lações	Caracteres					
		PMS	CLASS	ALT	ESP	PROT	ACAM
REND	$r_g$	-0,2365	0,3119	0,6017	-0,1182	-0,3104	-0,1028
	$r_f$	-0,2266	0,3020	0,5677	-0,1177	-0,2584	-0,0718
	$r_a$	0,0964	0,0138	-0,0248	-0,1179	0,0424	0,0179
PMS	$r_g$		0,6076	-0,1141	0,0172	0,1985	0,1074
	$r_f$		0,5994	-0,1061	0,0158	0,1671	0,0801
	$r_a$		0,3370	0,0471	-0,0743	-0,0135	0,0220
CLASS	$r_g$			0,2257	0,0428	-0,1045	-0,0411
	$r_f$			0,2094	0,0417	-0,0941	-0,0186
	$r_a$			-0,0780	-0,0122	-0,0624	-0,2225
ALT	$r_g$				0,3052	-0,4399	0,2670
	$r_f$				0,2924	-0,3752	0,2190
	$r_a$				0,0122	-0,0833	0,1657
ESP	$r_g$					-0,1381	0,2323
	$r_f$					-0,1231	0,1753
	$r_a$					-0,1035	0,0946
PROT	$r_g$						0,0592
	$r_f$						0,0504
	$r_a$						0,0378

#### 4.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2nd. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999. 254 p.
- AL-YASSIN, A.; GRANDO, S.; KAFWIN, O.; TELL, A.; CECCARELLI, S. Heritability estimates in contrasting environments as influenced by the adaptation level of barley germplasm. **Annals of Applied Biology**, v. 147, p. 235-244, 2005.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007. p. 263-268.
- ANNICCHIARICO, P.; BELLAH, F.; CHIARI, T. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs: a case study. **Crop Science**, v. 45, p. 1741-1749, 2005.
- BHUTTA, M. A.; IQBAL, J.; KHALIQ, I.; SADAQAT, H. A. Correlation and path coefficient analysis of some economic traits in six- rowed barley. **Journal of Animal and Plant Sciences**, 1:171-173, 1991.
- BHUTTA, W. M.; BARLEY, T. IBRAHIM, M. Path-coefficient analysis of some quantitative characters in husked barley. **Caderno de Pesquisa Série Biologia**, v. 17, n. 1, p. 65-70, 2005.
- BICHOŃSKI, A.; BUREK, J. Zmienność i współzależność pomiędzy wybranymi cechami jakościowymi jęczmienia ozimego browarnego. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 161-166, 2000. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Variability and interdependences between some qualitative traits of winter barley malting forms.
- BOUZERZOUR, H.; DEKHILI, M. Heritabilities, gains from selection and genetic correlations for grain yield of barley grown in two contrasting environments. **Field Crops Research**, v. 41, p. 173-178, 1995.
- BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2009. 625 p.
- BHATTY, R. S.  $\beta$ -glucan and flour yield of hull-less barley. **Cereal Chemistry**, v. 76, p. 314-315, 1999.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de nov de 1996. Brasília, 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 26 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília, DF, 2009. 395 p.
- BRIGGS, D. E. **Barley**. London: Chapman and Hall Ltd. 1978. 612 p.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 17-24, 2007.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 111-117, 2009.

- CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; HAMBLIN, J. Relationship between barley grain yield measured in low- and high-yielding Environments. **Euphytica**, v. 49-58, 1992.
- CHAND, N.; VISHWAKARMA, S. R.; VERMA, O. P.; KUMAR, M. Worth of genetic parameters to sort out new elite barley lines over heterogeneous environments. **Barley Genetics Newsletter**, v. 38, p. 10-13, 2008.
- CHAPMAN, A. B. General and quantitative genetics. Amsterdam: Elsevier Science Publishers B.V., 1985. 408 p.
- CONAB. **Análise de safras**. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/10\\_12\\_21\\_17\\_22\\_40\\_boletim\\_ingles\\_dez\\_2010\\_com\\_capa.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/10_12_21_17_22_40_boletim_ingles_dez_2010_com_capa.pdf)>. Acesso em: 22 mai. 2011.
- COSTA, N. H. de A. D.; SERAPHIN, J. C.; ZIMMERMANN, F. J. P. Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 243-249, 2002.
- CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows – 2007, Viçosa, MG. UFV.
- DELOGU, G.; LORENZONI, C.; MAROCCO, A.; MARTINIELLO, P.; ODOARDI, M.; STANCA, A. M. A recurrent selection programme for grain yield in winter barley. **Euphytica**, v. 37, p. 105-110, 1988.
- EMBRAPA. Serviço Nacional de Levantamento e Conservação de Solos. **Manual de métodos de análise de solo**. Rio de Janeiro: EMBRAPA-CNPq, 1997. 212 p.
- ESHGHI, R.; AKHUNDOVA, E. Inheritance of some important agronomic traits in hulless barley. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 12, p. 73-76, 2010.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th. ed. Edinburgh : Longman Group Limited, 1996. 464 p.
- FALEIRO, F. G.; CRUZ, C. D.; CASTRO, C. de; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. de. Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 12, p. 1675-1680, dez. 2002.
- FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jun. 2011.
- FERNANDES, L. R.; XISTO, M. D.; PENNA, M. G.; MATOSINHOS, I. M.; LEAL, M. C.; PORTUGAL, L. R.; LEITE, J. I. A. Efeito da goma guar parcialmente hidrolisada no metabolismo de lipídeos e na aterogênese de camundongos. **Revista de Nutrição**, v. 19, n. 5, p. 563-571, 2006.

FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos; MINELLA, E.; FONTANELI, R. S. Avaliação de genótipos de cevada para rendimento de forragem, valor nutritivo e grãos em Passo Fundo, RS, de 2003 a 2005. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 26., 2007, Passo Fundo **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2007. p. 329-334.

FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley.** 2008. 179 f. PhD thesis. Southern Cross University. Lismore, Australia, 2008.

FREY, K. J. Inheritance and heritability of heading date in barley. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 226-228, 1954.

FREY, K. J. Adaptation reaction of oat strains selected under stress and non stress environmental conditions. **Crop Science**, v. 4, p. 55-58, 1964.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação.** Piracicaba, SP: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 1989. 12 p. (Circular Técnica, 171).

GUERRA, A. F.; RODRIGUES, G. C.; ROCHA, O. C.; EVANGELISTA, W. **Necessidade hídrica no cultivo de feijão, trigo, milho e arroz sob irrigação no bioma Cerrado.** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2003. 15 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 100).

GUT, M.; BICHOŃSKI, A.; WĘGRZYN, S. Heritability, variation and relationship between frost resistance of winter barley and some of its characters. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 1, 2004. Disponível em: <http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue1/agronomy/art-02.html>, 2004. Acesso em: 02 mai. 2011.

HAYES, P. M.; LIU, B. H.; KNAPP, S. J.; CHEN, F.; JONES, B.; BLAKE, T.; FRANCKOWIAK, J.; RASMUSSEN, D.; SORELLS, M.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D.; KLEINHOF, A. Quantitative trait locus effects and environmental interaction in a sample of North American barley germoplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 1, p. 392-401, 1993.

JALATA, Z.; AYANA, A.; ZELEKE, R. Variability, heritability and genetic advance for some yield and yield related traits in ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 5, n. 1, p. 44-52, 2011.

JOHNSON, G. R.; FREY, K. J. Heritabilities of quantitative attributes of oats at varying levels of environmental stress. **Crop Science**, v. 7, p. 43-46, 1967.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics.** New York: John Wiley & Sons, 1966. 545 p.

KHALIQ, I.; PARVEEN, N.; CHOWDHRY, M. A. Correlation and path coefficient analyses in bread wheat. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 6, n. 4, p. 633-635, 2004.

KOLE, P. C. Variability, correlation and regression analysis in third somaclonal generation of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 44-47, 2006.

LIMA, J. E. F. W.; SANO, E. E.; SILVA, E. M. da; LOPES, T. S. S. Irrigação por pivô-central no Cerrado: levantamento da área irrigada elaborado com base na análise de imagens de satélite. **Revista ITEM-Irrigação e Tecnologia Moderna**, p. 38-44, 2009.

LU, M. Q.; O'BRIEN, L.; STUART, I. M. Environmental and genetic variation for grain yield and barley malting quality attributes. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 50, p. 1425-1434, 1999.

MANZJUK, V. T.; BARSUKOV, P. N. Genetic studies of some quantitative characters of barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 4, n. 2, p. 48-49, 1974. (Research notes.)

MARQUEZ-CEDILLO, L. A.; HAYES, P. M.; KLEINHOF, A.; LEGGE, W. G.; ROSSNAGEL, B. G.; SATO, K.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D. M. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American cultivars representing different germplasm groups. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 625-637, 2001.

MINELLA, E. Demanda em alta, produção em baixa. **A Granja**, n. 738. p. 43-45, jun. 2010.

NADZIAK, J.; KUDŁA, M.; MAŁYSA, M. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Polskim Banku Genów. **Biul. IHAR**, n. 215, p. 39-57, 1994. Título e texto em polonês e inglês. Título equivalente: Evaluation of winter barley cultivars collected in the polish gene bank.

NIMER, E. **Climatologia do Brasil**. Rio de Janeiro, RJ: IBGE, 1989. 422 p.

OSCARSSON, M.; ANDERSON, R.; SALOMONSSON, A. C.; AMAN, P. Chemical composition of barley samples focusing on dietary fiber components. **Journal of Cereal Science**, v. 24, p. 161-170, 1996.

OLSEN, O. A. Ultrastructure and genetics of the barley line hiproly. **Hereditas**, v. 77, p. 287-302, 1974.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 4. ed. Lavras: UFLA, 2008. 463 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; SANTA CECÍLIA, F. C.; ANDRADE, M. A. de. Seleção de progênies no feijão "pintado" e estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos. **Ciência e Prática**, v. 3, p. 51-57, 1979.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

RUTGER, J. N.; SCHALLER, C. W.; DICKSON, A. D.; WILLIAMS, J. C. Variation and covariation in agronomic and malting quality characters in barley: I. heritability estimates. **Crop Science**, v. 6, p. 231-234, 1966.

RUTGER, J. N.; SCHALLER, C. W.; DICKSON, A. D. Variation and covariation in agronomic and malting quality characters in barley: II. interrelationships of characters. **Crop Science**, v. 7, p. 325-326, 1967.

SANTOS, M. X. dos. **Estudo do potencial de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento**. 1985. 186 f. Tese (Doutorado). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, SP. 1985.

SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência e Prática**, v. 10, n. 3. p. 265-272, 1986.

SCAPIM, C. A. S.; CARVALHO, C. G. P. de; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501 p.

SHOUFU, X.; WEN, F.; RUNSHENG, J. Correlation analysis of several quantitative characters of barley. **Barley Newsletter Genetic**, v. 27, 1996. Disponível em: <<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn/27/xfltxt.html>>. Acesso em: 02 mai. 2011.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, 2001.

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D.; MISSIO, E. L.; RUBIN, S. de A. L. Avaliação da precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 34, n. 3, p. 572-578, 2010.

THERRIEN, M. C. Estimates of heritability of major malting quality traits in canadian barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 36, p. 10-11, 2006.

THERRIEN, M. C. Heritability estimates for forage quality in barley. **Barley Genetics Newsletter**, v. 33, p. 16-17, 2003.

TINKER, N. A.; MATHER, D. E.; ROSSNAGEL, B. G.; KASHA, K. J.; KLEINHOF, A.; HAYES, P. M.; FALK, D. E.; FERGUSON, T.; SHUGAR, L. P.; LEGGE, W. G.; IRVINE, R. B.; CHOO, T. M.; BRIGGS, K. G.; ULLRICH, S. E.; FRANCKOWIAK, J. D.; BLAKE, T. K.; GRAF, R. J.; DOFING, S. M.; SAGHAI MAROOF, M. A.; SCOLES, G. J.; HOFFMAN, D.; DAHLEEN, L. S.; KILIAN, A.; CHEN, F.; BIYASHEV, R. M.; KUDRNA, D. A.; STEFFENSON, B. J. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. **Crop Science**, v. 36, n. 4, p. 1053-1062, 1996.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja**. 2000. 228 f. Tese (Doutorado em Genética e



Melhoramento de Plantas). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, SP. 2000.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas, SP: Fundação Cargill, 1987. v. 1. 795 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

YALÇIN, E.; ÇELİK, S.; AKAR, T.; SAYIM, I.; KÖKSEL, H. Effects of genotype and environment on  $\beta$ -glucan and dietary fiber contents of hull-less barley grown in Turkey. **Food Chemistry**, v. 101, p. 171-176, 2007.

YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.

ŽÁKOVÁ, M.; BENKOVÁ, M. Characterization of spring barley accessions based on multivariate analysis. **Communications in Biometry and Crop Science**, v. 1, n. 2, p. 124-134, 2006.

## **CAPÍTULO V**

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO BASEADA EM DADOS MOLECULARES, QUANTITATIVOS E QUALIDADE MALTEIRA**

**GENETIC DIVERSITY OF IRRIGATED BARLEY BASED ON MOLECULAR, QUANTITATIVE AND MALT QUALITY DATA**

## **DIVERSIDADE GENÉTICA DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO BASEADA EM DADOS MOLECULARES, QUANTITATIVOS E QUALIDADE MALTEIRA**

### **5.1 RESUMO**

O objetivo deste trabalho foi quantificar a diversidade genética de genótipos elite de cevada por meio de marcadores moleculares, caracteres quantitativos e de qualidade malteira, como subsídio para seleção de genótipos elite e genitores a serem utilizados no programa de melhoramento genético de cevada irrigada no Cerrado. Trinta genótipos elite de cevada da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados foram avaliados com base em 160 marcadores moleculares RAPD, 12 características agrônômicas, relacionadas aos componentes de produção e caracteres agromorfológicos e 10 características de qualidade malteira. As matrizes de distâncias genéticas, com base em marcadores moleculares, caracteres quantitativos e qualitativos foram calculadas, e análises de agrupamento foram realizadas, utilizando o método do UPGMA como critério de agrupamento. Foi observada elevada diversidade genética entre os acessos. As divergências genéticas estimadas com base em marcadores moleculares, características quantitativas e qualitativas foram fracamente correlacionadas, evidenciando a complementaridade dos diferentes grupos de características no estudo da diversidade genética. A utilização de índices de seleção e a análise da dispersão gráfica dos genótipos permitiram a seleção de genótipos promissores e a indicação de cruzamentos para maximizar efeitos heteróticos e complementaridade gênica no programa de melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., variabilidade, recursos genéticos, melhoramento genético.

## GENETIC DIVERSITY OF IRRIGATED BARLEY BASED ON MOLECULAR, QUANTITATIVE AND MALT QUALITY DATA

### 5.2 ABSTRACT

The objective of this study was to quantify the genetic diversity of elite genotypes of barley using molecular markers, quantitative agronomic traits and malt quality characteristics, and to select elite genotypes and parents to be used in a breeding program for irrigated barley in the Brazilian Savanna. Thirty genotypes of barley from the elite collection of Embrapa Cerrados were evaluated using 160 RAPD molecular markers, 12 agronomic traits related to yield components traits and 10 parameters of malt quality. The genetic distances matrices based on molecular markers, quantitative traits and characters of malt quality were calculated and a cluster analysis was performed using the UPGMA method as grouping criterion. We observed high genetic diversity among accessions. The genetic differences estimated based on molecular markers, quantitative and malt quality characteristics were weakly correlated, showing the complementarity of different groups of characters for genetic diversity studies. The use of selection indices and dispersion graphical analysis of genotypes allowed the selection of promising genotypes and crosses to maximize the heterotic effects in breeding programs for irrigated barley in the Savanna.

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., variability, genetic resources, genetic breeding.

### 5.3 INTRODUÇÃO

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) foi uma das primeiras espécies vegetais domesticadas (BORÉM, 2009), e a versatilidade em adaptar-se a diversos ambientes proporcionou sua disseminação por vários países, sendo atualmente o quarto cereal mais produzido e comercializado no mundo. O Brasil é o segundo maior importador de cevada da América e o 12º importador mundial (FAOSTAT, 2012). No Brasil, o que determina a produção e o perfil qualitativo do grão é a indústria malteira que absorve a maior parte da produção, sendo o restante utilizado ainda na alimentação humana e animal (AMABILE et al., 2007).

A cevada cultivada no Cerrado tem demonstrado aptidão de cultivo em função da baixa incidência de doenças, eficiência no uso da água e elevado potencial produtivo, apresentando rendimentos comerciais acima de 7,0 t ha<sup>-1</sup>, uma excelente classificação comercial e qualidade de grãos (AMABILE et al., 2007). Todavia, poucas cultivares são recomendadas para sistemas irrigados no Cerrado. A oferta contínua de cultivares produtivas, estáveis, agronomicamente superiores e, obrigatoriamente, com qualidade malteira, cujo perfil de malte atenda à maioria das especificações da indústria cervejeira, é uma demanda para a pesquisa e imperativo para a manutenção e aumento da competitividade do agronegócio do malte.

Existe divergência quanto à magnitude da variabilidade genética dos acessos utilizados em programas de melhoramento genético de cevada malteira. Matus & Hayes (2002) preconizaram a existência de uma base genética estreita para cevada com qualidade industrial, ao passo que outros estudos mostram a presença de uma grande variabilidade (CANCI et al., 2003; FOX et al., 2006; VERMA & SARKAR, 2010). Assim, esta deve ser amplamente testada, para servir à indústria e às novas áreas potencialmente favoráveis a produção desse cereal. Nesse sentido, para um programa de melhoramento genético de cevada, com ênfase tanto para um bom perfil agrônômico quanto para a qualidade de malteira, há necessidade de estudos sobre a diversidade genética disponível, principalmente considerando genótipos elite.

Para esse desafio premente, é primordial realizar a exploração da divergência genética, por meio de caracterizações e quantificações sistemáticas dos genótipos no ambiente desejado, identificando genótipos para novas hibridações, permitindo a geração de populações com elevadas frequências de combinações gênicas desejáveis. Uma das formas de avaliar a estimativa da diversidade genética em um conjunto de genótipos de cevada é por meio de estudos baseados em caracteres fenológicos e quantitativos (MANJUNATHA et al., 2007; SHAKHATREH et al., 2010), bem como alicerçado em determinações analíticas de qualidade malteira (EVANS et al., 2010). Marcadores moleculares RAPD, também, vêm sendo utilizados com elevada frequência em cevada, por consistirem em uma adequada ferramenta

para avaliação da constituição genômica de um genótipo e avaliação da variabilidade genética intraespecífica (ABDELLAOUI et al., 2007; KARIM et al., 2009).

No que se refere à cevada nacional, não há relatos, na literatura, sobre o uso, conjunto e complementar, de estudos relativos a caracteres morfoagronômicos, de qualidade malteira e marcadores moleculares, que visam orientar e criar estratégias para programas de melhoramento genético. Nesse contexto, o estudo da variabilidade genética entre genótipos elite de cevada irrigada no Cerrado e das possíveis correlações entre os caracteres relacionados à qualidade industrial torna-se estratégico, pois é mediante a caracterização adequada que ocorrerá a identificação de genótipos superiores que poderão ser utilizados como progenitores em hibridações. Neste trabalho, objetivou-se quantificar a diversidade genética de genótipos elite de cevada por meio de marcadores moleculares, caracteres quantitativos e de qualidade malteira, como subsídio para seleção de genótipos elite e genitores a serem utilizados no programa de melhoramento genético de cevada irrigada no Cerrado.

#### **5.4 MATERIAL E MÉTODOS**

O ensaio foi conduzido na área experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30" de latitude Sul e 47°42'30" de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, entre 1° de maio a 30 de setembro de 2009, sob sistema de irrigação convencional. O solo foi classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distroférico típico argiloso.

Foram avaliados 30 genótipos elite de cevada malteira, hexástica e dística, provenientes da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados, de origens mexicana, estadunidense, inglesa, alemã, além das linhagens brasileiras obtidas no programa de melhoramento de cevada da Embrapa (Tabela 1). Adotou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas foram de 6 linhas de 5 metros de comprimento, espaçadas 20 cm entre si, com a área útil de 4,8 m<sup>2</sup> para cada parcela, a uma densidade de 300 plantas m<sup>-2</sup>. Para o preparo do solo, foi feita a incorporação dos restos culturais de soja, utilizando arado de discos de 32", seguido de uma gradagem niveladora. Utilizou-se o herbicida Pendimethalin em pré-emergência na dosagem 3,0 L ha<sup>-1</sup>. Aplicaram-se, no sulco de semeadura e de acordo com os resultados das análises do solo, 16 kg ha<sup>-1</sup> de N; 120 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; 64 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O; e 40 kg ha<sup>-1</sup> de N por ocasião do surgimento da quinta folha plenamente expandida (AMABILE et al., 2007).

As irrigações por aspersão foram efetuadas com base na umidade volumétrica do solo ( $\theta$ ), medida por uma sonda de perfil (Profile probe Delta-T) instalada na linha de plantio, nas profundidades de 0,10 m; 0,20 m e 0,30 m. As regas foram realizadas quando a umidade, na

profundidade de 0,10 m, atingia valores em torno de  $0,26 \text{ cm}^3 \text{ cm}^{-3}$ , o que corresponde ao consumo de 50% da água disponível. A quantidade de água por irrigação foi calculada com base nas leituras diárias da sonda, buscando elevar a umidade no perfil de solo de 0 a 0,35 m, até a capacidade de campo ( $0,35 \text{ cm}^3 \text{ cm}^{-3}$ ), totalizando, durante a condução do ensaio, 420 mm de lâmina líquida de irrigação.

Foram avaliados 12 caracteres morfoagronômicos quantitativos: DNR - distância do último nó à ráquis (cm); DFBR - distância da folha bandeira à ráquis (cm); CESP - comprimento da espiga (cm); NGESE - número de grãos por espiga; AFB - área da folha bandeira - durante a fase linear do enchimento de grãos, sendo a área da folha bandeira determinada pelo programa ImageJ (RASBAND, 2006); ESP - período para o espigamento (50% das espigas, da área útil da parcela, visíveis), em dias; ALT - altura de plantas (cm); ACAM - grau de acamamento (dados transformados em  $\arcsen X^{0,5} \cdot 100^{-1}$ , onde x = ao valor, em %, do acamamento); REND - rendimento estimado de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); PMS - peso de mil sementes (g); CLASS - classificação comercial de primeira (%), de acordo com Brasil (1996) e PROT - teor de proteína total (%), pelo método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001). Os dados quantitativos obtidos foram submetidos à análise de variância e 10 caracteres com diferenças significativas entre os genótipos foram utilizados para estimar a distância generalizada de Mahalanobis ( $D_2$ ), com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2007).

Após a colheita, amostras de grãos foram enviadas ao Laboratório de Qualidade da Malteria do Vale para o micromalteio, onde foram realizadas as seguintes determinações analíticas: teor de proteína total (%) dos grãos de classificação comercial de primeira, de acordo com o método de Kjeldahl (YASUHARA & NOKIHARA, 2001), rendimento de extrato M.F. i.a. (%), índice de Hartong VZ (45 °C), viscosidade 8,6 °P (mPa.s), cor após fervura (EBC), teor de nitrogênio solúvel (mg/100g), índice de Kolbach (%), friabilidade (%), vidrados (%) e betaglucanas, de acordo com a European Brewery Convention (1997).

A distância genética entre os 30 acessos, com base nos dez caracteres de qualidade malteira, foi estimada por meio da Distância Euclidiana Média Padronizada com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2007). Para subsidiar a seleção de genótipos elite e de potenciais genitores com base em caracteres de qualidade do malte, utilizou-se de um índice de seleção baseado num ideótipo (genótipo ideal proposto pelo melhorista), utilizando para cada característica malteira avaliada, os valores dos genótipos mais próximos aos considerados ideais pela indústria malteira brasileira: teor de proteínas totais - 11,6%; rendimento de extrato - 80,9%; índice de Hartong VZ - 39,9; viscosidade - 1,5; cor após fervura - 6,5; teor de nitrogênio solúvel - 781  $\text{mg} \cdot 100\text{g}^{-1}$ ; índice de Kolbach - 42,4%;

friabilidade - 87,6%; vidrados - 0,2% e betaglucanas - 25 mg.L<sup>-1</sup>. As distâncias euclidianas médias entre os 30 genótipos elite e o ideótipo foram estimadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Os genótipos foram ordenados de acordo com a distância registrada em relação ao ideótipo, sendo considerados como superiores os que apresentaram as menores distâncias.

Para a obtenção dos marcadores moleculares RAPD, amostra de DNA genômico de cada um dos 30 genótipos elite foi extraída de folíolos, oito dias após a germinação, pelo método do CTAB, com algumas modificações (FALEIRO et al., 2003). Foi realizada a quantificação do DNA de cada amostra por espectrofotometria a 260 nm ( $A_{260}$ ) e a análise de pureza foi feita com base na relação de absorbância a 260 e 280 nm. Posteriormente, as amostras de DNA de cada genótipo foram amplificadas para a obtenção de marcadores RAPD, conforme Costa et al. (2005).

Inicialmente 48 *primers* decâmeros (Operon Technologies Inc., Alameda, CA, EUA: OPD) foram testados para os ajustes nas reações de PCR. Na sequência, foram selecionados quinze iniciadores que geraram maior quantidade e qualidade das amplificações: OPD (03, 07 e 08), OPF (05, 09, 14 e 20), OPG (05, 08, 15 e 17), OPH (04, 12, 14 e 20). Os produtos amplificados foram aplicados em gel de agarose (1,2%), corado com brometo de etídio, submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM). A separação eletroforética foi de quatro horas a 90 volts. Ao término da corrida, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta.

Os marcadores RAPD gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os genótipos, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li, utilizando o Programa Genes (CRUZ, 2007).

Com base nas matrizes de divergência genética, obtidas das características agronômicas quantitativas, de qualidade malteira e de marcadores moleculares RAPD, foram realizadas três análises de agrupamento, empregando o método do UPGMA e a dispersão gráfica baseada em escalas multidimensionais pelo método das coordenadas principais, através do programa Genes (CRUZ, 2007). Para as análises de agrupamento, as distâncias genéticas foram transformadas em valores percentuais em que a menor distância foi considerada 0% e a maior 100%. O ajuste entre a matriz de distâncias genéticas e o dendrograma gerado foi calculado pelo coeficiente de correlação cofenético ( $r$ ), pelo programa computacional NTSYS pc 2.1 (ROHLF, 2000). Posteriormente, foram estimadas as correlações entre as estimativas de distâncias genéticas com base nos diferentes grupos de características.



Visando à seleção de genótipos elite e potenciais genitores para avanços no programa de melhoramento genético, com base em diferentes características de interesse, empregou-se o índice de seleção livre de pesos e parâmetros (ELSTON, 1963) com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007). Os pontos de corte (valores de  $k_i$ ) foram definidos com base na média das características CESP (8,85 cm); NGESP (20,66), AFB (14,38 cm<sup>2</sup>), ESP (37,5 dias), PMS (36,62 g) e DNR (30,83 cm). Para a característica REND, o valor de  $k_i$  foi definido como sendo a média mais  $\frac{1}{2}$  ó (6.187 kg ha<sup>-1</sup>) e para CLASS o valor de  $k_i$  foi de 80%, valor este recomendado pelo MAPA (BRASIL, 1996). Os valores de  $k_i$  para ACAM e ALT foram definidos como 0% e 96,5 cm. Foram selecionados os genótipos com médias acima dos valores de  $k_i$  para as características CESP, NGESP, AFB, PMS, REND, CLASS e abaixo para ESP, DNR, ALT e ACAM. Foi calculado o índice de seleção para cada genótipo. Foram estimados, também, os ganhos por seleção direta pela seguinte expressão:  $\Delta G\% = (ds \times h^2)100/X_0$ , em que:  $\Delta G\%$  = ganho esperado com a seleção (%);  $ds$  é o diferencial de seleção;  $X_0$  é a média original por caráter; e  $h^2$  é o coeficiente de herdabilidade ampla, com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2007).

## 5.5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variabilidade genética com base nos caracteres morfoagronômicos, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, indicou que os genótipos PFC 2004345 e PFC 2005123 foram os mais distantes entre si. A menor estimativa da distância ocorreu entre a testemunha dística BRS 195 e o genótipo Alliot, embora não se tenha verificado nenhum grau de parentesco entre eles segundo a genealogia. O mesmo ocorreu entre o genótipo hexástico CPAC 20020098 que apresentou a menor distância da testemunha hexástica BRS 180. O genótipo PFC 2005123 foi o mais distante das testemunhas BRS 195 e BRS 180, sendo ainda o que apresentou as maiores médias de distâncias em relação a todos os demais genótipos. Essa amplitude obtida reflete uma ampla variabilidade genética entre os genótipos, condição essencial para o melhoramento genético, como também foi verificado em coleções de cevada avaliadas com caracteres morfoagronômicos por Manjunatha et al. (2007) e Shakhathreh et al. (2010).

As análises de agrupamento mostraram a formação de três grupos, adotando-se, como ponto de corte, a distância genética média relativa de 24,73% (Figura 1A). O grupo I, constituído apenas pelo genótipo PFC 2005123, foi o mais divergente. No agrupamento II, com exceção do genótipo dístico C-70, todos os demais são hexásticos, sendo três de origem mexicana (Vicente Morales, CIMMYT 25, CIMMYT 42), dois estadunidenses (BRS 180 e C-70), além dos genótipos brasileiros PFC 98252, obtido da seleção de uma população

americana, e CPAC 20020098, selecionado entre uma população de plantas mexicanas. Notoriamente, observa-se a tendência de concentração de genótipos por origem mexicana, exceção ao genótipo CIMMYT 48. Esse fato sobreveio devido à ênfase dada à seleção e à obtenção de materiais hexásticos e destinados a ambiente irrigado no programa de melhoramento mexicano.

Houve a constituição de um grande grupo (grupo III) composto de 21 dos 30 genótipos avaliados. Essa conglomeração indica que a maior parte dos genótipos apresenta níveis de similaridade morfoagronômica elevada e que esta se deve ao fato de a maioria dos acessos pertencerem a uma coleção de trabalho elite da Embrapa Cerrados. Dentro desse grupo principal, verifica-se a estruturação de um subgrupo envolvendo a cultivar BRS Elis, BRS Sampa e a cultivar Scarlett, no qual tanto a BRS Elis como a BRS Sampa têm como um dos seus genitores a BRS 195 e, ainda, a BRS Elis tem como o outro genitor a cultivar Scarlett. Um subgrupo maior foi composto da BRS 195, com os genótipos acima, indicando que a alta similaridade encontrada é devida, em grande parte, à ancestralidade gênica proveniente da cultivar BRS 195.

As estimativas de distâncias genéticas, com base na qualidade malteira, entre os genótipos, evidenciaram como mais próximos PFC 214827-10 e PFC 2004033, ambos do programa de melhoramento genético brasileiro. A maior distância foi verificada entre o genótipo mexicano CIMMYT 25 e a cultivar BRS Elis.

As análises de agrupamento permitiram a formação de cinco grupos distintos, adotando-se, como ponto de corte, a distância genética média relativa de 43,46% (Figura 1 B). Três grupos unitários foram formados pelos genótipos PFC 2001090, BRS Elis e a variedade Scarlett. Não foi identificada tendência de agrupamentos específicos quanto à origem dos acessos, uma vez que os caracteres qualitativos são variáveis complexas e dependem da interação da expressão de um grande número de genes (CECCARELLI et al., 2007) os quais não estão relacionados à origem geográfica dos acessos. Possivelmente, os acessos elite analisados de cada origem possuam uma mistura genética, que pode ter ocorrido durante a obtenção dos materiais nos programas de melhoramento genético da cevada realizados em cada país de origem. Desta forma, fundamentado na distância genética entre os acessos dos diferentes agrupamentos, os pais contrastantes podem ser selecionados e utilizados no programa de hibridação para a geração de maior variabilidade quanto à qualidade malteira, o que é recomendado por Sarkar et al. (2008).

Em relação aos marcadores moleculares, 15 iniciadores decâmeros utilizados geraram um total de 160 marcadores RAPD, dos quais 141 (88,12%) foram polimórficos, perfazendo uma média de 10,7 bandas por *primer*. Os iniciadores OPD07, OPD08, OPF05 e OPH12

apresentaram maior número de bandas polimórficas, enquanto o OPH14 foi aquele que possibilitou a obtenção de maior quantidade de bandas monomórficas. A alta porcentagem de marcadores polimórficos e a elevada média de marcadores obtidos por iniciador evidenciam a existência de alta variabilidade genética entre os genótipos elite de cevada da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados. Essa variabilidade pode ser explicada pela ampla base genética disponível no banco de germoplasma do Brasil; alta variabilidade genética entre genótipos de cevada também já havia sido relatada em outras coleções (ABDELLAOUI et al., 2007; KARIM et al., 2009). A dissimilaridade genética estimada revelou que as cultivares Foster e C-70, ambas norte-americanas, foram os mais similares, enquanto a cevada inglesa Prestige e a brasileira FM 404 foram as mais dissimilares entre si.

A análise de agrupamento, efetuada pelo método UPGMA, revelou a formação de oito grupos, com vários subgrupos, utilizando como ponto de corte a distância genética média relativa de 45,6% (Figura 1C). Formou-se um grande grupo, no qual todos os genótipos hexásticos foram alocados, independentemente da origem. Esses genótipos elite foram procedentes de seleções e/ou hibridações realizadas nos EUA, no México e de introduções e hibridações realizadas no Brasil junto aos programas de melhoramento genético desses países. Dentro desse grupo principal, pode-se evidenciar ainda a disposição de subgrupos de grande similaridade. Um deles envolve a cultivar BRS 195 e o genótipo PFC 2003122, o que pode ser explicado pelo fato de a BRS 195 ser o genitor do genótipo PFC 2003122. Nota-se, também, que todos os genótipos de origens mexicanas, americanas e inglesa agruparam nesse conjunto. Essas análises mostram que esse grupamento é uma consequência da pressão de seleção gerada pelos melhoristas dessas procedências. Ressalta-se que a aglomeração dos materiais genéticos mexicanos e americanos ocorreu por que em certo momento do programa de melhoramento da cevada realizado nesses países, os melhoristas deram ênfase à seleção de materiais hexásticos para ambientes irrigados. De forma contrária, os materiais brasileiros e alemães apresentaram maior dissimilaridade genética, não estando reunidos em um único grupo, sendo opções interessantes para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento. Por sua vez, observa-se a formação de seis grupos unitários bem característicos e divergentes, sendo que cinco deles são constituídos por genótipos brasileiros e apenas um da Alemanha. Somente os genótipos desses dois países tiveram representantes fora do principal agrupamento. A Figura 1C indica o grupo I como o mais divergente dos demais, sendo constituído pelo genótipo PFC 2004033. Esse genótipo pode ser indicado para o uso em combinações híbridas e a obtenção de novas populações, devido à alta divergência revelada e, assim, possibilitar a obtenção combinações gênicas favoráveis.

Os coeficientes de correlação cofenética entre as matrizes de dissimilaridade genéticas e as análises de agrupamento foram de alta magnitude e significativos, 0,86, 0,91 e 0,84 para os dados morfoagronômicos, de qualidade malteira e moleculares, respectivamente, o que confere confiabilidade às inferências realizadas por meio da avaliação visual das figuras.

Foram observadas correlações fracas, apesar de significativas, entre as matrizes de dissimilaridade estimadas com base em caracteres quantitativos, de qualidade malteira e marcadores RAPD. Para a coleção elite de cevada analisada neste trabalho, essas correlações mostram a necessidade do uso complementar de diferentes grupos de características no processo de seleção de genitores. Sabe-se que, para as características agronômicas e de qualidade malteira, as correlações podem variar entre as populações, dentro de uma mesma população, bem como entre os ambientes, o que promove uma grande variação no grau e no tipo de associação, o que dificulta o trabalho de seleção do melhorista (PIEPHO & WILLIAMS, 2006). Bertan et al. (2009), ao comparar dissimilaridades genéticas e morfológicas em trigo, verificaram valores de correlação igualmente baixas, de 0,05. Liu et al. (2007) não obtiveram correlação significativa entre as matrizes geradas por marcadores microssatélites e por marcadores morfoagronômicos em trigo. No entanto, Lund et al. (2012) encontraram uma associação entre marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos em cevada. De acordo com N'Goran et al. (1994), a possibilidade de associação entre a dissimilaridade genética e a fenotípica varia com o tamanho e a variabilidade genética da amostra avaliada e pelas diferentes propriedades dos marcadores moleculares e dos caracteres morfológicos. Uma vez que, uma variação de DNA nem sempre é reflexo de variações fenotípicas, e a ausência de variação fenotípica nem sempre é sinal de ausência de variação em nível de DNA, diferentes genes podem levar à expressão de um mesmo fenótipo (RANA et al., 2005).

As ausências de associações entre as estimativas não devem ser julgadas como uma limitação dessas ferramentas de acesso à variabilidade genética, mas sim como um indicativo da complementaridade entre elas (LEFEBVRE et al., 2001; RANA et al., 2005; LI et al., 2008), podendo ser explicada pelas diferentes propriedades dos marcadores moleculares e dos caracteres qualitativos e quantitativos. Nesse caso, a integração e o uso complementar de informações moleculares e dos caracteres qualitativos e quantitativos assumem importância na seleção de genótipos elite e também de potenciais genitores para programas de melhoramento.

Na seleção de genótipos elite com base em caracteres quantitativos, foram utilizados os valores do índice de seleção de Elston (1963) (Tabela 1). Como os critérios para os pontos de corte das características foram muito restritivos, apenas os genótipos PFC 99324, BRS 180

e CPAC 20020098 apresentaram valores acima de zero. Esses genótipos são todos hexásticos e atendem os pré-requisitos definidos para a seleção de genótipos em relação aos caracteres agrônômicos aferidos, sendo assim adequados às etapas finais dos programas de melhoramento.

Considerando os genótipos selecionados, foram obtidos ganhos de seleção positivos para DNR, CESP, NGESP, AFB, REND, CLASS, ALT (Tabela 2), o que é desejável, à exceção da ALT. Apesar de a ALT ser maior nos genótipos selecionados, estes não apresentaram ACAM que por sua vez deteve um ganho de seleção negativo, o que é desejado. Os ganhos preditos elevados de NGESP e AFB vão ao encontro do ideótipo de cevada definido por Rasmusson (1987) que estabelece um genótipo com maior número de grãos por espiga e maior aérea foliar. Foram obtidos ganhos de seleção negativos para o período de espigamento (ESP), o que indica maior precocidade dos genótipos e também para o peso de mil sementes (PMS) (Tabela 2). O PMS é um caráter que contribui para o aumento do rendimento de grãos (RASMUSSON, 1987), entretanto, para os genótipos selecionados, o PMS não afetou muito este rendimento, sendo compensado por outras características primárias de produção como o CESP e NGESP.

Os coeficientes de herdabilidade ampla foram acima de 88% para a maioria dos caracteres, comprovando maior contribuição genética em face do efeito ambiental para a seleção por fenótipo (Tabela 2). Resultados semelhantes foram observados por Marquez-Cedillo et al. (2001) para ESP (99,13%) e para ALT (95%), por Chand et al. (2008) para PMS (97,32%) e por Fox (2008) para a característica CLASS (96,67%). O acamamento, com herdabilidade estimada de 42,71%, encontra-se no intervalo reportado por Gut et al. (2004).

Para a seleção de genótipos elite com base em caracteres qualitativos, foram utilizados os valores do índice de seleção com base no ideótipo. Os genótipos com valores mais próximos do ideótipo, e assim selecionados, foram: Vicente Morales, Foster, BRS 195, CPAC 20020098 e Alliot (Tabela 1).

O posicionamento dos genótipos selecionados nos gráficos de dispersão (Figura 1) evidenciou as distâncias genéticas entre eles. Com base nessas distâncias, podem ser indicados cruzamentos mais divergentes entre os genótipos selecionados com base em características quantitativas e de qualidade malteira: CPAC 20020098 x Vicente Morales, CPAC 20020098 x BRS 180, Foster x BRS 180, Alliot x BRS 180 e BRS 195 x BRS 180. Esses cruzamentos permitem a combinação de características de interesse e a maximização das distâncias genéticas entre os potenciais genitores, aumentando as possibilidades de complementações gênicas de interesse.

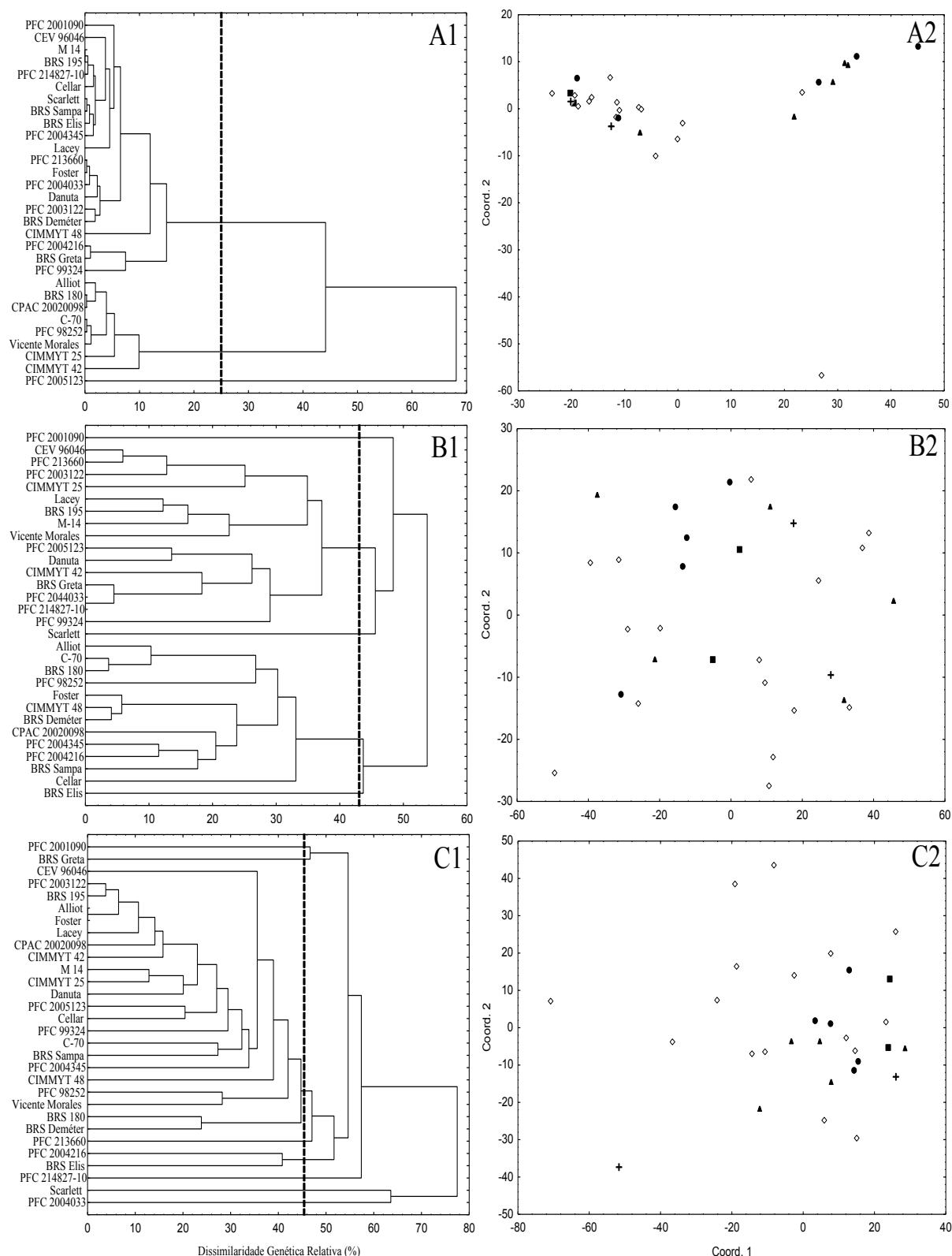
## **5.6 CONCLUSÕES**

Existe diversidade genética entre os genótipos da coleção elite de cevada com base em caracteres morfoagronômicos, de qualidade malteira e marcadores moleculares

As dissimilaridades genéticas estimadas com base em marcadores moleculares, características quantitativas e qualitativas foram fracamente correlacionadas, evidenciando a complementaridade dos diferentes grupos de características no estudo da diversidade genética.

A utilização de índices de seleção e a análise da dispersão gráfica dos genótipos permitiram a seleção de genótipos promissores e a indicação de cruzamentos para maximizar efeitos heteróticos e complementaridade gênica no programa de melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado.

## 5.7 TABELAS E FIGURAS



**Figura 1.** Análises de agrupamento e gráficos de dispersão de 30 genótipos elite de cevada com base nas distâncias genéticas relativas (%) calculadas com base em 12 características agrônômicas quantitativas (A1 e A2), 10 características de qualidade malteira (B1 e B2) e 160 marcadores RAPD (C1 e C2). Agrupamento dos materiais genéticos por origem: (◇) Brasil; (▲) México; (■) Inglaterra; (+) Alemanha e (●) Estados Unidos. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

**Tabela 1.** Genótipos elite de cevada malteira e respectivas origem, tipo de espiga, distância em relação ao ideótipo de qualidade com base em 10 características e índice de seleção livre de pesos e parâmetros calculado com base em 10 características agronômicas quantitativas. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Genótipo</b>	<b>Origem</b>	<b>Tipos de Espiga</b>	<b>Distância em relação ao ideótipo de qualidade</b>	<b>Índice de seleção com base em características agronômicas (10<sup>6</sup>)</b>
Vicente Morales	México	Hexástica	1,189669	0
Foster	EUA	Hexástica	1,245159	0
BRS 195	Brasil	Dística	1,264582	0
CPAC 20020098	México	Hexástica	1,306507	5,73
Alliot	Inglaterra	Dística	1,353693	0
PFC 2004345	Brasil	Dística	1,380156	0
Cellar	Inglaterra	Dística	1,475910	0
Lacey	EUA	Hexástica	1,516221	0
M 14	EUA	Dística	1,536900	0
BRS 180	EUA	Hexástica	1,611160	4,19
BRS Sampa	Brasil	Dística	1,637634	0
PFC 2004216	Brasil	Dística	1,656808	0
BRS Deméter	Brasil	Dística	1,704709	0
PFC 2003122	Brasil	Dística	1,774193	0
CIMMYT 48	México	Hexástica	1,777045	0
PFC 213660	Brasil	Dística	1,821854	0
CEV 96046	Brasil	Dística	1,879522	0
Scarlett	Alemanha	Dística	1,904478	0
PFC 214827-10	Brasil	Dística	1,924378	0
PFC 98252	Brasil	Hexástica	2,011575	0
C-70	EUA	Dística	2,029528	0
PFC 2005123	Brasil	Dística	2,045446	0
PFC 2004033	Brasil	Dística	2,076640	0
Danuta	Alemanha	Dística	2,216143	0
BRS Greta	Brasil	Dística	2,231930	0
CIMMYT 25	México	Hexástica	2,231944	0
PFC 99324	Brasil	Hexástica	2,241877	75,42
CIMMYT 42	México	Hexástica	2,253181	0
PFC 2001090	Brasil	Dística	2,341368	0
BRS Elis	Brasil	Dística	2,493130	0



**Tabela 2.** Estimativas herdabilidade ( $h^2$ ), de ganhos de seleção específico (GS), média da população original ( $X_o$ ) e média da população melhorada ( $X_s$ ) da distância do primeiro nó à ráquis (DNR), comprimento da espiga (CESP), distância da folha bandeira à ráquis (DFBR), número de grãos por espiga (NGESP), área da folha bandeira (AFB), espigamento (ESP), rendimento estimado de grãos (REND), peso de mil sementes (PMS), classificação comercial de primeira (CLASS), altura de plantas (ALT) e grau de acamamento (ACAM). Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 2013.

<b>Caracteres</b>	<b><math>X_o</math></b>	<b><math>X_s</math></b>	<b><math>h^2</math> (%)</b>	<b>GS (%)</b>
<b>DNR (cm)</b>	22,04	26,04	96,76	17,54
<b>CESP (cm)</b>	8,86	10,31	93,20	15,26
<b>NGESP</b>	39,21	60,79	99,06	54,52
<b>AFB (cm<sup>2</sup>)</b>	14,39	21,31	97,19	46,75
<b>ESP (dias)</b>	59,63	53,50	99,53	-10,24
<b>REND (kg ha<sup>-1</sup>)</b>	5.797,37	6.659,33	95,65	14,22
<b>PMS (g)</b>	44,02	41,21	96,48	-6,17
<b>CLASS (%)</b>	85,65	86,08	88,37	0,45
<b>ALT (cm)</b>	85,01	93,75	93,65	9,63
<b>ACAM (%)</b>	8,17	0	42,71	-42,71

## 5.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELLAOUI, R.; M'HAMED, C. H.; NACEUR, B.; BETTAIEB-KAAB, L.; BEN HAMIDA, J. Morpho-physiological and molecular characterization of some Tunisian barley ecotypes. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 261-268, 2007.
- AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007. p. 263-268.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 155-163, 2009.
- BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2009. 625 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. Portaria n. 691, de 22 de nov de 1996. Brasília, 1996. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 26 nov. 1996. Seção 1, p. 24751-24752.
- CANCI, P. C.; NDUULU, L. M.; DILL-MACKY, R.; MUEHLBAUER, G. J.; RASMUSSEN, D. C.; SMITH, K. P. Genetic relationship between kernel discolouration and grain protein concentration in barley. **Crop Science**, v. 43, p. 1671-1679, 2003.
- CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; CAPETTINI, F.; BAUM, M. Barley Breeding for Sustainable Production. In: KANG, M.; PRIYADARSHAN, P. M. (Ed.). **Breeding Major Food Staples**. Iowa, USA: Blackwell Publishing, 2007. p. 193-216.
- CHAND, N.; VISHWAKARMA, S. R.; VERMA, O. P.; KUMAR, M. Worth of genetic parameters to sort out new elite barley lines over heterogeneous environments. **Barley Genetics Newsletter**, v. 38, p. 10-13, 2008.
- COSTA, A. M.; FALEIRO, F. G.; KARIA, C. T.; SHIRATSUCHI, L. S.; ANDRADE, R. P.; LOPES, G. K. B. Variabilidade genética e ecológica de *Stylosanthes macrocephala* determinadas por RAPD e SIG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 9, p. 899-909, 2005.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Versão Windows – 2007. Viçosa: UFV, 1997. v. 1. 442 p.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, p. 85-97, 1963.
- EUROPEAN BREWERY CONVENTION ANALYTICA - EBC. **Nurnberg**: verlang hans carl, getränke – fachverlag, Germany, 1997.
- EVANS, D. E.; DAMBERGS, R.; RATKOWSKY, D.; LI, C.; HARASYMOW, S.; ROUMELIOTIS, S.; EGLINTON, J. K. Refining the prediction of potential malt fermentability by including an assessment of limit dextrinase thermostability and additional measures of malt modification, using two different methods for multivariate model development. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 116, n. 1, p. 86-96, 2010.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. (Comunicado Técnico, N°92).

FAOSTAT. **Statistical databases**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 02 jun. 2012.

FOX, G. P.; KELLY, A. M.; ÇAKIR, M.; BLOUSTEIN, G.; POULSEN, D. M. E.; INKERMAN, P. A.; HENRY, R. J. Genetic impacts of the hull on barley grain quality. **Journal of the Institute of Brewing**, v. 112, n. 2, p. 101-107, 2006.

FOX, G. P. **Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley**. 2008. 179 f. PhD thesis. Southern Cross University. Lismore, Australia, 2008.

GUT, M.; BICHONSKI, A.; WĘGRZYN, S. Heritability, variation and relationship between frost resistance of winter barley and some of its characters. **Electronic Journal of Polish Agricultural Universities**, v. 7, n. 1, 2004. Disponível em: <http://www.ejpau.media.pl/volume7/issue1/agronomy/art-02.html>, 2004. Acesso em: 02 mai. 2011.

KARIM, K.; RAWDA, A.; HATEM, C. Genetic diversity in barley genetic diversity in local Tunisian barley based on RAPD and SSR analysis. **Biological Diversity and Conservation** 2/1. p. 27-35, 2009.

LEFEBVRE, V.; GOFFINET, B.; CHAUVET, J. C.; CAROMEL, B.; SIGNORET, P.; BRAND, R.; PALLOIX, A. Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD, and phenotypic data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, n. 5, p. 741-750, 2001.

LI, F.; GAN, S.; WENG, Q.; ZHAO, X.; HUANG, S.; LI, M.; CHEN, S.; WANG, Q.; SHI, F. RAPD and morphological diversity among four populations of the tropical tree species *Paramichelia baillonii* (Pierre) Hu in China. **Forest Ecology and Management**, v. 255, n. 5-6, p. 1793-1801, 2008.

LIU, J.; LIU, L.; HOU, N.; ZHANG, A.; LIU, C. Genetic diversity of wheat gene pool of recurrent selection assessed by microsatellite markers and morphological traits. **Euphytica**, v. 155, n. 1-2, p. 249-258, 2007.

LUND, B.; ORTIZ, R.; BOTHMER, R. von.; ANDERSEN, S-B. Detection of duplicates among repatriated Nordic spring barley (*Hordeum vulgare* L. s.l.) accessions using agronomic and morphological descriptors and microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 59, 2012. Não paginado.

MANJUNATHA, T.; BISHT, I. S.; BHAT, K. V.; SINGH, B. P. Genetic diversity in barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *vulgare*) landraces from Uttaranchal Himalaya of India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, p. 55-65, 2007.

MARQUEZ-CEDILLO, L. A.; HAYES, P. M.; KLEINHOF, A.; LEGGE, W. G.; ROSSNAGEL, B. G.; SATO, K.; ULLRICH, S. E.; WESENBERG, D. M. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American cultivars representing different germplasm groups. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 625-637, 2001.

- MATUS, A.; HAYES, P. M. Canadian access to full text made available through the Depository Services Program. **Genome**, v. 45, n. 6, p. 1095-1106, 2002.
- N'GORAN, J. A. K.; LAURENT, V.; RISTERUCCI, A. M.; LANAUD, C. Comparative genetic diversity studies of *Theobroma cacao* L. using RFLP and RAPD markers. **Heredity**, v. 73, p. 589-597, 1994.
- PIEPHO, H. P.; WILLIAMS, E. R. A comparison of experimental designs for selection in breeding trials with nested treatment structure. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, p. 1505-1515, 2006.
- RANA, M. K.; SINGH, V. P.; BHAT, K. V. Assessment of genetic diversity in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) breeding lines by using amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers and morphological characteristics. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, n. 8, p. 989-997, 2005.
- RASBAND, W. S. **ImageJ**. Bethesda, Maryland, USA: U. S. National Institutes of Health, 1997-2006. Disponível em: <<http://rsb.info.nih.gov/ij/>>. Acesso em: 01 ago. 2011.
- RASMUSSEN, D. C. An evaluation of ideotype breeding. **Crop Science**, v. 27, n. 6, p. 1140-1146, 1987.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 98 p.
- SARKAR, B.; VERMA, R. P. S.; MISHRA, B. Genetic diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare* L.). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 68, n. 2, p. 163-170, 2008.
- SHAKHATREH, Y.; HADDAD, N.; ALRABABAH, M.; GRANDO, S.; CECCARELLI, S. Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell.) accessions collected in Jordan. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, p. 131-146, 2010.
- VERMA, R. P. S.; SARKAR, B. Diversity for malting quality in barley (*Hordeum vulgare*) varieties released in India. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 80, n. 6, p. 493-500, 2010.
- YASUHARA, T.; NOKIHARA, K. High-throughput analysis of total nitrogen content that replaces the classic Kjeldahl method. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 10, p. 4581-4583, 2001.

## **CAPÍTULO VI**

**BRS SAVANNA: NOVA CULTIVAR DE CEVADA HEXÁSTICA MALTEIRA PARA  
SISTEMAS DE PRODUÇÃO IRRIGADOS NO CERRADO**

**BRS SAVANNA: NEW SIX-ROWED MALT BARLEY FOR IRRIGATION SYSTEMS  
IN BRAZILIAN SAVANNA**

## **BRS SAVANNA: NOVA CULTIVAR DE CEVADA HEXÁSTICA MALTEIRA PARA SISTEMAS DE PRODUÇÃO IRRIGADOS NO CERRADO**

### **6.1 RESUMO**

BRS Savanna é um cruzamento entre Vicente Morales x IF200112. É uma cevada de primavera, precoce, hexástica e de ampla adaptação para áreas irrigadas do Cerrado do Brasil Central. Ela apresenta estabilidade de produção e da qualidade industrial e possui elevado rendimento de grãos e resistência ao acamamento. É apropriada para o cultivo nas unidades federativas de Goiás (GO), Minas Gerais (MG) e Distrito Federal (DF).

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L., melhoramento de plantas, descrição de cultivar.

## **BRS SAVANNA: NEW SIX-ROWED MALT BARLEY FOR IRRIGATION SYSTEMS IN BRAZILIAN SAVANNA**

### **6.2 ABSTRACT**

BRS Savanna, a cross between Vicente Morales x IF200113, is a spring and an early-maturing six-rowed barley, widely adapted to irrigated areas of the Savanna, in Central Brazil. It presents production stability and the industrial quality, grain yield and lodging resistance are high. It is suitable for cultivation in the states of Goiás (GO), Minas Gerais (MG) and Federal District (DF).

**Key words:** *Hordeum vulgare* L., plant breeding, cultivar description.

### 6.3 INTRODUÇÃO

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) é o quarto cereal mais semeado no mundo (FAOSTAT, 2012). Em 2011, a produção brasileira de grãos foi de 283,9 mil toneladas em uma área de 87,9 mil hectares, perfazendo um rendimento médio de 3.230 kg ha<sup>-1</sup> (INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012). Apesar dessa produção, o Brasil é o segundo maior importador da América e o 12º importador mundial (FAOSTAT, 2012).

Tradicionalmente, o cultivo da cevada no Brasil está concentrado nos estados do Sul e, recentemente, em pequenas áreas irrigadas dos Estados de São Paulo e Goiás (AMABILE et al., 2007; INDICADORES DA AGROPECUÁRIA, 2012). A cevada é uma cultura alternativa ao sistema de produção irrigado do Cerrado, mostrando boa adaptação às condições edafoclimáticas desse bioma, eficiência no uso da água baixa incidência de doenças e elevado potencial produtivo. Do ponto de vista industrial, quando produzida no Cerrado, apresenta sementes limpas, sem período de dormência, podendo ser malteada logo depois da colheita, dispensando longos períodos de armazenagem para completar a maturação dos grãos (AMABILE, 2007).

No Cerrado brasileiro, a cevada foi introduzida como uma cultura irrigada de inverno, em 1976, com o lançamento pelo governo brasileiro, do Plano Nacional de Auto-suficiência de Cevada e Malte - PLANACEM (AMABILE et al., 2007), com dois objetivos básicos: suprir a demanda interna de malte e fornecer ao agricultor do Brasil Central alternativa para diversificar e integrar os sistemas irrigados de produção, assegurando, assim, uma produção total mais estável (AMABILE, 2007). A obtenção de cevada cervejeira requer dos programas de melhoramento o atendimento não somente das demandas por rendimento produtivo, mas também por genótipos que apresentem adequada relação entre os caracteres de qualidade de malte demandados pela indústria.

Em 2002, a Embrapa Cerrados celebrou uma parceria internacional com o *International Center for Agricultural Research in the Dry Areas* - ICARDA - para a avaliação de diversas coleções e genótipos, tendo como objetivo gerar subsídios técnicos para o progresso do melhoramento da cevada irrigada para o Cerrado. Os genótipos avaliados na região foram fundamentais e oportunos para a continuidade do programa de melhoramento genético da cevada, além de estratégica para alavancar a expansão da produção do cereal.

Resultados recentes de pesquisa indicam que o Cerrado tem potencial para suprir a demanda por grãos de cevada, criando novas ofertas ao negócio agrícola, de forma a incluir novas oportunidades comerciais (AMABILE et al., 2009 a, b, c). O desafio premente está na obtenção de cultivares com maior desempenho agrônomo, qualidade industrial e adaptação



aos sistemas irrigados que atendam às exigências industriais, fixando a cevada como alternativa agrônômica e econômica para essa região (AMABILE et al., 2007).

#### **6.4 ORIGEM DA CULTIVAR E DESENVOLVIMENTO**

A BRS Savanna foi derivada do cruzamento entre os genótipos de qualidade malteira e resistentes ao acamamento Vicente Morales x IF200113 cuja genealogia é apresentada na Figura 1. O cruzamento foi realizado no inverno de 2002 no *International Maize and Wheat Improvement Center* (CIMMYT), em Ciudad. Obregón, Mexico. A geração F1 foi semeada no verão de 2002 na estação experimental do CIMMYT em El Batán, Mexico. As populações F2 e F3 avançaram em *bulk*, nas estações do CIMMYT, em Ciudad. Obregón e El Batán, respectivamente. A geração F4 foi introduzida pela Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF e semeada sob irrigação em 2004, submetendo-a a uma seleção massal modificada, na qual plantas agronomicamente atípicas foram eliminadas e plantas homogêneas quanto ao ciclo, altura e tamanho de espiga foram selecionadas.

De F5 a F6, foram selecionados indivíduos, pelo método genealógico, sendo a linhagem selecionada, CPAC 20020098, inserida nos ensaios de competição em Luziânia (GO), Vianópolis (GO), Formosa (GO), Unai (MG), São Gotardo (MG), Planaltina (DF) e Recanto das Emas (DF), em 2007 e também em VCU de primeiro ano. Em virtude do bom desempenho agrônômico observado, a linhagem foi avaliada em relação à qualidade de malte. Em 2008 e 2009, a CPAC 20020098 participou dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de segundo e terceiro ano, devidamente registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento-MAPA e igualmente avaliada para os principais parâmetros de qualidade de malte.

#### **6.5 PERFORMANCE**

BRS Savanna é a segunda cultivar hexástica recomendada para o Cerrado irrigado e a primeira em que o cruzamento foi proveniente da coleção elite da Embrapa Cerrados selecionada com base em características agrônômicas, moleculares e de qualidade malteira. Ela apresenta estabilidade de produção e performance média superior à cultivar controle BRS 195, o que foi verificado em 30 ensaios de avaliação, envolvendo ensaios de VCU irrigados em Goiás, Minas Gerais e no Distrito Federal, de 2007 a 2009, unidades de observação e ensaios intermediários, complementares e finais de avaliação no DF (2010) (Tabela 1). O rendimento de grãos variou de 4.726 kg ha<sup>-1</sup> a 8.659 kg ha<sup>-1</sup>, com uma média de 5.908 kg ha<sup>-1</sup>, sendo superior em 17,4% à cultivar controle (Tabela 1). O sortimento de grãos apresentou uma classificação comercial de primeira superior a 82%, sendo que a média da classificação primeira foi 6,1% superior à da testemunha BRS 195 (Tabela 1). O peso médio de mil

sementes foi de 45,7 g (com variação entre 38,3 e 49,9 g), superior ao controle BRS 195 (42,3 g). Tanto a BRS Savanna quanto a BRS 195 não apresentaram acamamento nos locais e anos avaliados.

A BRS Savanna detém um perfil de qualidade industrial de malte que atende à maioria das especificações da indústria cervejeira, com bom rendimento de extrato, adequada percentagem de vidrados, N solúvel, viscosidade, friabilidade e teor de  $\beta$ -glucanas no mosto (Tabela 2). Ao longo dos anos de avaliação, a BRS Savanna apresentou um teor médio de proteína nos grãos de 11,8% (Tabela 1). Quanto à resistência a doenças, apresenta resistência moderada à mancha-marrom (*Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shoemaker) e à ferrugem-da-folha (*Puccinia hordei*), mas é suscetível à brusone (*Magnaporthe grisea*) como todas as demais cultivares de cevada irrigada para o Cerrado.

## 6.6 OUTRAS CARACTERÍSTICAS

A BRS Savanna apresenta hábito de crescimento juvenil semiereto. A folha bandeira, com disposição ereta, é predominante curta, ocorrendo folhas com uma área de 22 cm<sup>2</sup>. A distância média da folha bandeira à ráquis é, em média, de 8,37 cm e o comprimento médio da bainha da folha bandeira é de 21,4 cm. A ráquis apresenta forma reta com presença de pelos nas margens laterais. A ráquila é curta com presença de pelos ao longo da estrutura. As aurículas são predominantemente incolores, podendo apresentar antocianina nas extremidades. A espiga é longa, com uma média de 9,27 cm, hexástica, possuindo forma paralela, densidade semilaxa e posição ereta na maturação. O número médio de grãos/espiga principal é de 72,3. As aristas são longas, claras e semiásperas. Os grãos são claros, elípticos, com casca enrugada, fina e aderente. As glumas são pilosas e claras, com presença de antocianina nas nervuras da lema.

BRS Savanna é o genótipo mais precoce para o Cerrado irrigado. O seu espigamento ocorre com 786,6 graus-dia, o que equivale, em média, a 56 dias após a emergência. Esse período é inferior ao das cultivares BRS 180 (808,0 graus-dia), BRS Deméter (844,0 graus-dia) e BRS 195 (1.044,0 graus-dia), todas recomendadas para o sistema irrigado do Cerrado (AMABILE et al., 2008), o que confere à BRS Savanna maior precocidade. Com ampla adaptação e estabilidade de produção nas principais regiões potencialmente produtoras de cevada cervejeira do Distrito Federal, Goiás e Minas Gerais, a BRS Savanna tem melhor performance em altitudes acima de 800 m e entre as latitudes 14 e 20°S. Possui porte ereto médio, com altura média nos anos de avaliação de 82 cm (Tabela 1), a qual é superior à da cultivar de porte anão BRS 195 (67 cm) e inferior à da cultivar BRS 180 (90 cm) (AMABILE

et al., 2008). Em condições irrigadas, de acordo com as recomendações de manejo de água da Embrapa Cerrados, apresenta resistência ao acamamento.

O período de semeadura mais indicado para a BRS Savanna é de 1º a 30 de maio. Não se devem realizar semeaduras antes desse período, por serem épocas favoráveis à ocorrência de problemas fitossanitários [mancha-em-rede (*Pyrenophora teres*), mancha-marrom (*Cochliobolus sativus*) e brusone (*Magnoportha grisea*)] e de menor produtividade de grãos. Semeaduras posteriores também devem ser evitadas, para que a colheita dos grãos não coincida com o início do período chuvoso, o que pode promover perdas significativas na qualidade do grão para fins cervejeiros.

### **6.7 PRODUÇÃO DE SEMENTES**

A produção de sementes básicas da BRS Savanna será realizada pela Embrapa Produtos e Mercado. O pedido de registro no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento/Registro Nacional de Cultivares (MAPA/RNC) foi realizado em março de 2012 e em abril de 2012, e recebeu o número de protocolo 70500.003807/2012-91.

## 6.8 TABELAS E FIGURAS

**Tabela 1.** Desempenho médio de características agronômicas da cultivar BRS Savanna e da cultivar controle (BRS 195), em diferentes anos no Distrito Federal, em Goiás e em Minas Gerais.

Cultivar	2007			2008			2009			2010	Média
<b>Rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>)</b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	4.726	6.038	5.604	5.501	5.953	6.018	8.659	5.433	5.880	5.265	5.908
<b>BRS 195<sup>1</sup></b>	4.356	5.413	5.984	4.201	4.502	4.935	5.708	4.679	5.795	4.739	5.031
<b>Classificação de grãos de primeira (%)<sup>2</sup></b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	83	88	84	91	92	84	93	87	88	82	87
<b>BRS 195</b>	91	77	79	90	84	81	78	83	77	84	82
<b>Peso de mil sementes (g)</b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	47,2	49,9	49,3	41,8	46,7	43,8	44,9	46,7	38,3	48,9	45,7
<b>BRS 195</b>	43,5	46,1	47,5	47,5	40,3	40,6	40,6	39,3	36,2	41,6	42,3
<b>Teor de proteína do grão (%)</b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	12,1	11,3	11,9	12,3	12,7	12,2	12,0	12,4	10,5	10,7	11,8
<b>BRS 195</b>	11,9	12,0	11,7	12,9	13,2	12,9	12,3	12,7	12,9	11,6	12,4
<b>Média da altura de planta (cm)</b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	80	79	75	83	80	80	85	87	89	78	82
<b>BRS 195</b>	63	64	68	64	70	70	70	72	65	68	67
<b>Número médio de dias até o espigamento</b>											
	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	GO	MG	DF	
<b>BRS Savanna</b>	55	56	57	57	58	59	55	54	56	55	56
<b>BRS 195</b>	69	70	68	74	73	75	71	70	69	70	71
<b>Nº de ambientes</b>	8			8			8			6	

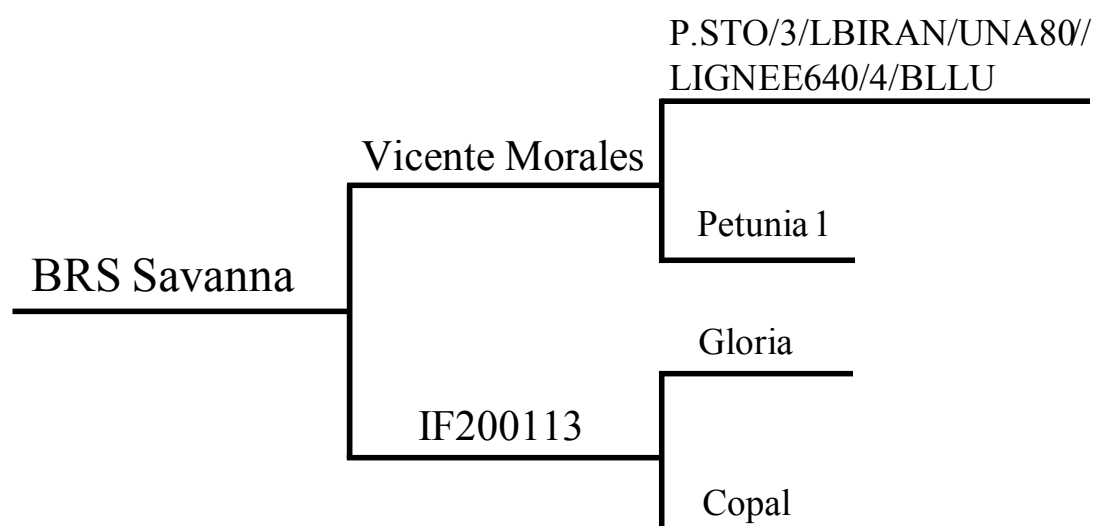
<sup>1</sup> Cultivar controle.

<sup>2</sup> Percentagem de grãos retidos numa peneira de 2,5 mm de diâmetro.

**Tabela 2.** Características malteiras qualitativas da cultivar BRS Savanna provenientes dos ensaios realizados em Minas Gerais (MG), Goiás (GO) e no Distrito Federal (DF) e da cultivar controle (BRS 195), provenientes dos ensaios realizados no Distrito Federal (DF), em 2008 e 2009.

Características malteiras <sup>1</sup>	2008			2009		
	BRS Savanna		BRS 195	BRS Savanna		BRS 195
	MG	DF	DF	GO	DF	DF
<b>Proteínas totais (%)</b>	10,9	12,4	12,0	11,8	12,3	11,6
<b>Extrato M.F. i.a. (%)</b>	79,3	80,9	77,0	78,6	80,9	76,8
<b>Hartong VZ 45 °C</b>	43,1	46,4	33,6	36,6	47,1	40,7
<b>Viscosidade (mPa.s)</b>	1,55	1,49	1,56	1,56	1,52	1,55
<b>Cor após fervura EBC</b>	5,9	6,8	6,0	5,9	8,8	6,0
<b>N. solúvel (mg 100g<sup>-1</sup>)</b>	838,0	873,0	712,0	707,0	880,0	888,0
<b>Índice Kolbach (%)</b>	50,1	42,1	43,6	38,5	50,1	48,2
<b>Friabilidade (%)</b>	73,9	68,2	81,4	77,0	82,8	69,4
<b>Grãos vidrados (%)</b>	0,2	2,2	0,1	0,5	0,6	2,3
<b>β-glucanas no mosto (mg 100g<sup>-1</sup>)</b>	208,0	257,0	159,0	206,0	30,0	77,0

<sup>1</sup> Análises realizadas no Laboratório da Malteria do Vale, Taubaté, SP.



**Figura 1.** Pedigree da BRS Savanna.

## 6.9 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMABILE, R. F. Cevada: um exemplo de cultura alternativa para o sistema irrigado do Cerrado. In: FALEIRO, G. F.; SOUSA, E. dos S. de (Ed.). **Pesquisa, desenvolvimento e inovação para o Cerrado**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. p. 69-72.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; BARBOSA, F. S.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C. Avaliações de valor de cultivo e uso (VCU) de 1º e 2º Ano de cevada irrigada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009a. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; OLIVEIRA, M. de O.; FRONZA, V. Cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: PAULA JÚNIOR, T. J.; VENZON, M. (Ed.). **101 Culturas**: manual de tecnologias agrícolas. Belo Horizonte: EPAMIG, 2007. p. 263-268.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; PEREIRA, V. C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; BARBOSA, F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2007. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009b. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E.; SAYD, R. M.; YAMANATA, C.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; PEREIRA, V. C.; NASCIMENTO, W. F. S. Introdução e avaliação de genótipos preliminares de cevada no Cerrado em 2008. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE CEVADA, 27., 2009, Passo Fundo, RS. **Anais...** Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2009c. 1 CD-ROM.

AMABILE, R. F.; MINELLA, E. GUERRA, A. F.; SILVA, D. B. da; ALBRECHT, J. C.; ANTONIAZZI, N. BRS Deméter: nova cultivar de cevada cervejeira irrigada para o Cerrado do Brasil Central. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1247-1249, 2008.

FAOSTAT. **Statistical Databases**. Disponível em: <  
<http://faostat.fao.org/default.aspx?lang=en> >. Acesso em: 28 jun. 2012.

INDICADORES DA AGROPECUÁRIA. Brasília: CONAB, v. 21, n. 02, fev. 2012. p. 64. Disponível em: <  
[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12\\_02\\_24\\_17\\_45\\_12\\_ia-\\_fev12.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_02_24_17_45_12_ia-_fev12.pdf) >. Acesso em: 28 fev. 2012b.