



SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANGA VIA BILOT

MARIA CLIDEANA CABRAL MAIA¹; LÚCIO BORGES DE ARAÚJO²; CARLOS TADEU DOS SANTOS DIAS³; LÚCIO FLAVO LOPES VASCONCELOS¹; ROSSANA BORGES DA SILVA¹.

INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa a 7^a posição de maior produtor de manga do mundo, estando atrás da Índia, China, Tailândia, Indonésia, Paquistão e México (FAOSTAT - FAO, 2013).

Os programas de melhoramento precisam adequar-se e realizar melhoramento para regiões específicas, tentando suprir as exigências de mercado e as restrições de produção (BATISTA, 2013).

No melhoramento genético de manga da Embrapa Meio-Norte se procura aumentar, via seleção recorrente, a concentração de alelos favoráveis e obter um ou alguns homogêneos (genótipos variedade policlonal constituída por, pelo menos, cinco genótipos) que reúnam, simultaneamente, características agrotecnológicas desejáveis e que apresentem dupla aptidão para o consumo *in natura* (fruta de mesa) e para o processamento (indústria) dos frutos.

O objetivo deste trabalho foi praticar seleção dos genótipos superiores para multicaracterísticas com emprego do procedimento biométrico biplot.

MATERIAIS E MÉTODOS

Quinze genótipos de manga (3, 5, 6, 8, 10, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, B, RV e R-46) foram avaliados para as variáveis físicas - comprimento do fruto (mm), largura do fruto (mm), massa do fruto (g), massa da polpa (g), massa da casca (g), massa da semente (g), rendimento de polpa (%) e textura da polpa - e químicas dos frutos - sólidos solúveis totais (SST, em °Brix), acidez total titulável (ATT), pH e relação SST/ATT, responsável pelo sabor do fruto.

Realizou-se a análise exploratória dos dados com base no coeficiente de correlação de Pearson, para verificar a existência de correlação entre as variáveis e, depois, procedeu-se a análise de componentes principais (ACP). Para um vetor de p variáveis $\mathbf{x}^T = (X_1, X_2, \dots, X_p)$ e com matriz de

¹ Genética e Melhoramento de Plantas, EMBRAPA - PI, e-mail: clideana.maia@embrapa.br, lucio.vasconcelos@embrapa.br, rossanaborges2@hotmail.com.

² Matemática e estatística, Universidade Federal de Uberlândia - MG. E-mail: lucio@famat.ufu.br

³ Matemática e estatística, Universidade de São Paulo - ESALQ - SP. E-mail: ctsdi@usp.br

36 covariâncias $\text{cov}(\mathbf{x}) = \Sigma$, o i -ésimo componente é uma combinação linear $Y_i = \mathbf{l}_i^T \mathbf{x}$, que maximiza a
 37 variabilidade das variáveis de X_i em Y_i , com as seguintes restrições: $\mathbf{l}_i^T \mathbf{l}_i = 1$ e $\text{Cov}(Y_i, Y_j) = 0$, para
 38 qualquer $i \neq j$. Sendo Σ a matriz de covariância associada ao vetor de variáveis aleatórias \mathbf{x} e $(\lambda_1, \boldsymbol{\alpha}_1)$,
 39 $(\lambda_2, \boldsymbol{\alpha}_2)$, ..., $(\lambda_p, \boldsymbol{\alpha}_p)$ os autovalores e autovetores ortogonais e padronizados associados a Σ , além de
 40 ordenados de modo que $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_p \geq 0$. O i -ésimo componente principal dado por:
 41 $Y_i = \alpha_{i1}X_1 + \alpha_{i2}X_2 + \dots + \alpha_{ip}X_p$ em que: $\text{var}(Y_i) = \lambda_i$, $\text{Cov}(Y_i, Y_j) = 0$ e α_{ij} mede a importância da j -
 42 éxima variável no i -ésimo componente principal.

43 Com base na ACP, é possível construir gráficos *biplot* (GABRIEL, 1971) que representam,
 44 na mesma dimensão, as variáveis (caracteres físicos ou químicos) e os indivíduos (genótipos). O
 45 *biplot* origina-se na ACP e, para construir este gráfico, busca-se uma aproximação para a matriz de
 46 dados, com base na decomposição por valores singulares (DVS). Para isto, considera uma matriz
 47 $\mathbf{X}_{(n \times q)}$ com n linhas, q colunas e posto p , em que $p = \min(n, q)$ e obtém-se uma matriz $\mathbf{Y}_{(n \times q)}$ que se
 48 aproxima de $\mathbf{X}_{(n \times p)}$, com posto $p=2$. Decompõe-se a matriz $\mathbf{Y} = \mathbf{GH}'$, em que $\mathbf{G}_{(n \times 2)}$ (marcadores
 49 para os genótipos) e $\mathbf{H}_{(q \times 2)}$ (marcadores para as variáveis). Com estes marcadores, observa-se a
 50 relação existente entre genótipos, entre variáveis e entre genótipos e variáveis.

51 Para que os resultados não fossem influenciados pela magnitude das unidades das variáveis,
 52 utilizou-se a matriz de correlação das variáveis para obtenção dos componentes principais
 53 (BARROSO e ARTES, 2003). Todas as análises foram obtidas utilizando-se o software R.

54

55 RESULTADOS E DISCUSSÃO

56 A análise de componentes principais (ACP) reflete a importância das variáveis para a
 57 variação total em cada componente. O resumo ACP para estudo em questão é apresentado na
 58 Tabela 1, sendo que o primeiro componente tem um autovalor de 2,48 e que corresponde a 47,47%
 59 da variação do total dos dados, e os demais componentes, componente 2 até o componente 4,
 60 explicam 18,69%, 12,96% e 7,72% da variação total, respectivamente.

61 Os coeficientes das variáveis representam a correlação entre variáveis e os componentes.
 62 Assim, as variáveis com valores absolutos próximos de um, em relação a determinado componente,
 63 indicam uma maior influência no agrupamento do que aquelas variáveis que apresentam valores
 64 absolutos próximos de zero. Pela Tabela 1 observa-se que, para o primeiro componente, as altas
 65 cargas negativas estão associadas às seguintes variáveis: massa do fruto, comprimento do fruto,
 66 massa da casca, massa da semente, massa da polpa e rendimento de polpa (%), portanto, essas
 67 variáveis são as que mais contribuem para a variabilidade genética.

68 No segundo componente, a variabilidade genética é influenciada pelas variáveis: massa da
 69 semente, SST, pH, textura da polpa, ATT e BRIX/ATT. Já no terceiro componente é observado a

70 influência do comprimento do fruto, massa da casca, SST, textura da polpa, ATT, BRIX/ATT e
 71 rendimento de polpa (%). No componente 4, o comprimento do fruto, largura do fruto, massa da
 72 casca, SST e rendimento de polpa (Tabela 1).

73

74 **Tabela 1.** Cargas vetoriais e porcentagem da variabilidade explicada pelos 4 primeiros
 75 componentes.

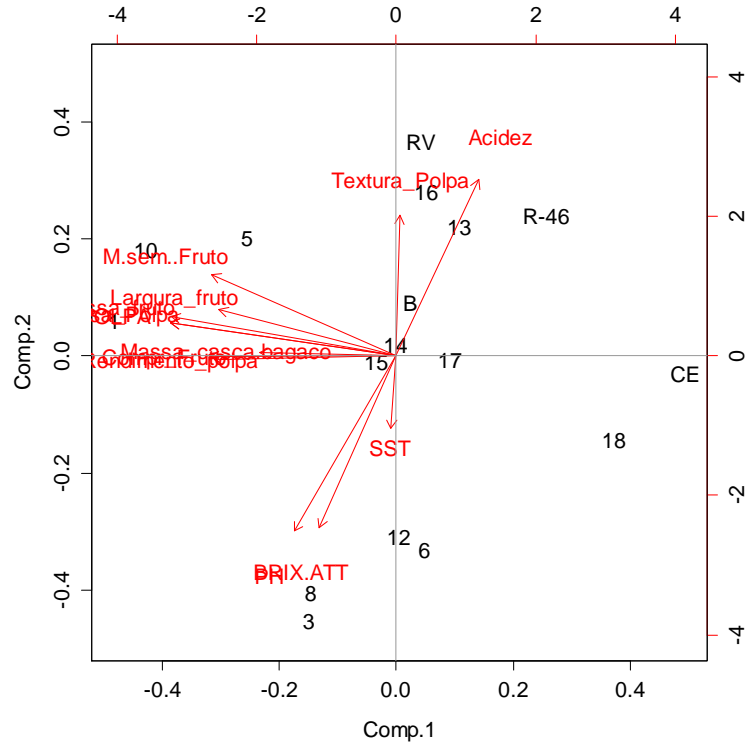
Variáveis	Comp.1	Comp.2	Comp.3	Comp.4
Massa fruto	-0.39	0.11	-0.03	0.04
Compr. fruto	-0.32	0.00	-0.25	0.25
Largura fruto	-0.31	0.13	0.10	-0.43
Massa casca	-0.24	0.01	-0.29	0.57
Massa sem./fruto	-0.32	0.23	-0.18	-0.13
SST	-0.01	-0.20	-0.50	-0.52
PH	-0.18	-0.49	-0.18	0.15
Textura polpa	0.01	0.39	0.44	0.18
Massa polpa	-0.39	0.09	0.04	0.00
ATT	0.14	0.49	-0.34	-0.08
BRIX/ATT	-0.13	-0.48	0.34	-0.02
Rendimento polpa	-0.32	-0.01	0.32	-0.27
Autovalor	2.48	1.56	1.30	1.00
Variabilidade explicada (%)	47.47	18.69	12.96	7.72
Variabilidade acumulada (%)	47.47	66.16	79.12	86.84

76

77 Na Figura 1 é apresentado o gráfico *Biplot* bidimensional, no qual é possível observar as
 78 relações entre as variáveis, entre genótipos e entre variáveis e genótipos. Assim, é possível notar a
 79 formação de 3 grupos em relação às variáveis: o grupo 1 (GV1) é formado pela ATT e textura da
 80 polpa; o grupo 2 (GV2) é composto por BRIX/ATT, pH e SST; e as demais variáveis formam o
 81 grupo 3 (GV3), sendo que dentro de grupo as variáveis relacionam-se de forma positiva aos
 82 atributos comprimento do fruto, largura do fruto, massa do fruto, massa da polpa, massa da casca,
 83 massa da semente e rendimento da polpa. Além disso, as variáveis do GV1 têm correlações
 84 negativas com as variáveis do GV2 e as variáveis do GV3 são independentes das variáveis do grupo
 85 1 e 2.

86 Também, é possível observar que os genótipos RV, 16, 13 e R-46 estão associados
 87 positivamente aos GV1 e negativamente ao GV2. Em relação aos genótipos 3, 6, 8 e 12, os mesmos
 88 estão associados positivamente ao GV2 e negativamente ao GV1; estes genótipos podem ser
 89 selecionados para consumo de fruta fresca (mesa) devido ao melhor sabor dos frutos. Já os
 90 genótipos 1, 5 e 10 estão associados de forma positiva às variáveis do GV3 e podem ser
 91 selecionados para o aproveitamento de derivados do processamento industrial dos frutos, enquanto
 92 os genótipos CE e 18 têm baixos valores das variáveis do grupo 3. O restante dos genótipos (B, 14,
 93 15 e 17) apresentam quantidades médias das variáveis avaliadas (Figura 1).

94



95

96 **Figura 1.** Biplot para representação das variáveis e genótipos.

97

98

CONCLUSÕES

99 Os genótipos 3, 6, 8 e 12 estão associados positivamente aos atributos Brix, relação
 100 Brix/ATT e pH, e os mesmos podem ser selecionados para consumo de fruta fresca (mesa) devido
 101 apresentarem melhor sabor dos frutos.

102 Observou-se relação positiva dos genótipos 1, 5 e 10 aos atributos comprimento do fruto,
 103 largura do fruto, massa do fruto, da polpa, da casca, e da semente e rendimento de polpa, podendo
 104 ser selecionados para o aproveitamento de derivados do processamento industrial dos frutos.

105

106

REFERÊNCIAS

107 BARROSO, L. P.; ARTES, R. **Análise Multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 156p.

108 BATISTA, C. E. A. de. **Diversidade genética molecular em germoplasma de mangueira**. Tese
 109 de Doutorado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP. 101p. 2013.

110 FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION. **FAOSTAT**. Disponível em:
 111 <<http://faostat.fao.org>>. Acesso em: 13 abr/2014.

112 GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component
 113 analysis. **Biometrika**, v. 58, p. 453-467, 1971.

114