



## **CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE VARIÁVEIS AGRO-TECNOLÓGICAS**

### **DE UMA POPULAÇÃO DE MELHORAMENTO DE MANGA ROSA**

**JOSÉ EDUARDO VASCONCELOS DE CARVALHO JÚNIOR<sup>1</sup>; MARIA CLIDEANA CABRAL  
MAIA<sup>2</sup>; REGINA LUCIA FERREIRA GOMES<sup>3</sup>; LUCIO FLAVO LOPES  
VASCONCELOS<sup>4</sup>; LÚCIO BORGES DE ARAÚJO<sup>5</sup>**

### **INTRODUÇÃO**

O programa de melhoramento genético da mangueira da Embrapa Meio-Norte emprega o método de seleção recorrente apresentado por Resende, (2001) a fim de desenvolver, a priori, um ou alguns genótipos homogêneos que apresentem considerável grau de divergência genética, variedade policlonal, constituída por pelo menos cinco indivíduos - efeito aleatório para genótipos e em Equilíbrio de Hardy-Weinberge que reúnam variáveis produtivas e tecnológicas importantes para atender aos produtores, aos consumidores, a indústria e aos distribuidores, simultaneamente.

O conhecimento da grandeza das associações entre multicares são primordiais em qualquer programa de melhoramento genético, pois permite ao melhorista saber como a seleção de uma variável pode causar alterações em outras a ela significativamente associada (JOHNSON et al., 1955; VENCOVSKY, 1992). Essas estimativas possibilitam aumentar a eficiência do programa de melhoramento genético com a seleção indireta de um caráter associado de forma significativa a outros atributos de baixa herdabilidade, muito influenciado pelo ambiente, de herança poligênica, de avaliação mais complexa e custosa. Uma vantagem adicional se apresenta pela possibilidade de praticar a seleção indireta de variáveis de difícil identificação através daquelas a elas positivamente associadas, que tem sua avaliação ainda no campo experimental.

Este estudo teve como objetivo avaliar as correlações fenotípicas entre multicares alvo do programa de melhoramento genético de manga rosa da Embrapa Meio-Norte.

### **MATERIAL E MÉTODOS**

---

<sup>1</sup> Doutorando em Agronomia, Universidade Federal do Piauí (UFPI), e-mail: [jeduardovasconcelos@hotmail.com](mailto:jeduardovasconcelos@hotmail.com),

<sup>2</sup> Dra. Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Meio Norte, e-mail: [clideana.maia@embrapa.br](mailto:clideana.maia@embrapa.br).

<sup>3</sup> Dra. Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal do Piauí (UFPI), e-mail: [rlfgomes@ufpi.edu.br](mailto:rlfgomes@ufpi.edu.br),

<sup>4</sup> Dr. Fitotecnia, Embrapa Meio Norte, e-mail: [lucio.vasconcelos@embrapa.br](mailto:lucio.vasconcelos@embrapa.br),

<sup>5</sup> Dr. Estatística, Universidade Federal de Uberlândia (UFU), e-mail: [lucio@famat.ufu.br](mailto:lucio@famat.ufu.br).

28 A população estudada compreendeu 26 acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da  
 29 manga rosa da Embrapa Meio-Norte. O delineamento experimental empregado foi o de blocos  
 30 completos casualizados com quatro repetições.

31 As variáveis avaliadas em uma amostra aleatória de cinco frutos em estágio de maturação  
 32 fisiológica completa foram codificadas da seguinte forma: MF = Massa do fruto (g); COMP =  
 33 Comprimento (mm); DMAIOR = Diâmetro maior (mm); DMENOR = Diâmetro menor (mm); MC =  
 34 Massa da casca (g); MS = massa da semente (g); SST = Teor de sólidos solúveis totais (°BRIX); pH =  
 35 pH; TP = Textura da polpa (N); ATT = acidez total titulável (%); B.A = Relação BRUX/ATT  
 36 (adimensional); POLPA = massa da polpa (g); RP = Rendimento de polpa (%); e EC = Espessura da  
 37 casca.

38 Realizou-se análise exploratória dos dados, utilizando estatísticas descritivas (média, desvio  
 39 padrão e coeficiente de variação) e coeficiente de correlação de Pearson, para verificar a existência de  
 40 correlação fenotípica entre as variáveis. Para testar a significância das correlações, utilizou-se e um  
 41 nível de significância 5% de probabilidade. A análise exploratória e das correlações fenotípicas foram  
 42 obtidos utilizando o software R (2012).

## 44 RESULTADOS E DISCUSSÃO

45 As estatísticas descritivas, média, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das 14  
 46 variáveis avaliados nos 26 genótipos de Manga Rosa encontram-se na Tabela 1. Como esperado, em  
 47 termos de precisão experimental, foram obtidas magnitudes dos coeficientes de variação (CV) de  
 48 baixas (4,96 para RP; 6,15 para pH; 8,11 para DMENOR; 8,61 para DMAIOR; 9,10 para COMP e  
 49 12,81 para SST), intermediárias (16,34 para TP; 18,51 para MF; 20,08 para POLPA; 20,97 para  
 50 MC; 26,50 para ATT; 27,17 para MS e 28,50 para B.A) a altas (40,40 para EC), conforme a  
 51 natureza do controle genético das características avaliadas. Com exceção da espessura da casca,  
 52 onde, provavelmente, devem ter ocorrido erros de ordem assistemática, todas as variáveis  
 53 apresentaram estimativas de CV atestando que o controle ambiental foi efetivo e mostrando  
 54 acurácia experimental ótimas e satisfatórias (Tabela 1).

55 Tabela 1. Média, desvio padrão e coeficiente de variação (CV) das variáveis físico e químicas  
 56 dos genótipos de Maga Rosa.

	MF	COMP	DMAIOR	DMENOR	MC	MS	SST	pH	TP	ATT	B.A	POLPA	RP	EC
Média	344,63	111,04	81,33	69,89	47,94	50,17	17,94	4,28	5,34	0,59	32,40	246,97	71,49	0,56
Desvio padrão	63,80	10,10	7,01	5,67	10,05	13,63	2,30	0,26	0,87	0,16	9,23	49,59	3,55	0,22
CV	18,51	9,10	8,61	8,11	20,97	27,17	12,81	6,15	16,34	26,50	28,50	20,08	4,96	40,40

Os valores médios para as variáveis avaliadas foram os seguintes: MF (344,63 g), COMP (111,04 mm), DMAIOR (81,33 mm), DMENOR (69,89 mm), MC (47,94 g), MS (50,17 g) SST (17,94°Brix), pH (4,28, adimensional), TP (5,34N), ATT (0,59, adimensional), B.A (32,40, adimensional), POLPA (246,97 g), RP (71,49 %) e EC (0,56 cm). Valores concordantes para as variáveis: MF (350,87 g), MC (47,73 g), pH (4,17, POLPA (261,65 g), RP (73,85%) e discordantes para as variáveis: MS (40,23 g), TP (6,39N), SST (16,09°Brix) e B.A (41,18, adimensional) foram encontrados por Maia et al., (2014) em um estudo com progênies híbridas obtidas através de polinização aberta entre matrizes de manga rosa e variedades comerciais. A variedade Tommy Atkins é a variedade mais amplamente difundida nos plantios comerciais e apresenta frutos com maior valor médio superiores para MF (450,00 g) e menor doçura SST (17°Brix) que a população de manga rosa deste estudo (Tabela 1).

As correlações entre as variáveis são apresentadas na Tabela 2. Nota-se que as variáveis físicas: MF, COMP, DMAIOR, DMENOR, MC, MS, POLPA e RP apresentaram correlação positiva e significativa entre si, possibilitando, assim, a seleção indireta para RP através da variável COMP pela facilidade de mensuração ainda em campo experimental. Como esperado, obtiveram-se correlações positivas e significativas entre: MF com POLPA e com RP, onde os frutos de maior tamanho foram também aqueles que apresentaram maior rendimento de polpa. Este é um atributo desejável para finalidades do setor produtivo, industrial e para os consumidores, simultaneamente.

Alguns atributos físicos se correlacionaram de forma significativa com as variáveis químicas dos frutos. Assim temos associações entre o COMP e pH e RP; DMAIOR e SST e MS; EC com SST e RP e ATT. A associação positiva e significativa entre RP e ATT, constitui-se em uma vantagem considerável para o processamento industrial dos produtos derivados dos frutos, contribuindo para a redução de custos para este setor, uma vez que permite ganhos em conservação com a consequente redução de adição de conservantes sintetizados artificialmente. Adicionalmente, da mesma forma entre RP e B.A, onde se infere que, teoricamente, frutos menores são aqueles que apresentam acréscimo na qualidade de sabor.

As correlações negativas e significativas ocorreram entre as seguintes variáveis: COMP com EC; DMAIOR com SST e TP; MS com ATT e RP; ATT com B.A. Assim, frutos mais ácidos são os que apresentam menor relação B.A, sendo um indicativo de melhor sabor.

Tabela 2. Correlações fenotípicas entre as variáveis físico-químicas avaliadas nos genótipos de Maga Rosa.

	MF	COMP	DMAIOR	DMENOR	MC	MS	SST	pH	TP	ATT	B.A	POLPA	RP	EC
MF	1	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	0.6022	0.0503	0.1085	0.4227	0.3308	<b>0.0000</b>	<b>0.0060</b>	0.3066
COMP	0.7789	1	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	0.2897	<b>0.0100</b>	0.5127	0.0508	0.0995	<b>0.0000</b>	<b>0.0325</b>	<b>0.0220</b>
DMAIOR	0.6062	0.4429	1	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0001</b>	<b>0.0477</b>	0.6998	<b>0.0497</b>	0.3032	0.5580	<b>0.0000</b>	0.1930	0.0763
DMENOR	0.8153	0.6125	0.7036	1	<b>0.0000</b>	<b>0.0000</b>	0.2970	0.4759	0.0732	0.3035	0.6031	<b>0.0000</b>	<b>0.0039</b>	0.0993
MC	0.6759	0.5070	0.4730	0.5240	1	<b>0.0003</b>	0.8272	0.4607	0.2520	0.9603	0.9491	<b>0.0000</b>	0.0854	0.8915

MS	0.6588	0.5314	0.3795	0.4938	0.3411	1	0.4131	0.2076	0.4251	<b>0.0001</b>	<b>0.0007</b>	<b>0.0000</b>	<b>0.0001</b>	0.3026
SST	0.0512	-0.1038	-0.1928	-0.1022	-0.0215	-0.0803	1	0.2307	0.1468	<b>0.0009</b>	0.8250	0.3482	<b>0.0230</b>	<b>0.0083</b>
pH	0.1907	0.2491	0.0379	0.0700	0.0724	0.1234	0.1174	1	0.5105	<b>0.0181</b>	<b>0.0095</b>	<b>0.0426</b>	0.4457	<b>0.0003</b>
TP	-0.1568	-0.0643	-0.1911	-0.1748	-0.1122	-0.0783	-0.1419	-0.0646	1	0.1406	0.4101	0.1052	0.5343	0.8385
ATT	-0.0787	-0.1903	-0.1009	-0.1009	0.0049	-0.3604	0.3170	-0.2293	-0.1441	1	<b>0.0000</b>	0.9687	<b>0.0017</b>	0.4980
B.A	0.0954	0.1608	0.0575	0.0511	-0.0063	0.3236	0.0217	0.2509	0.0808	-0.8879	1	0.7168	<b>0.0180</b>	0.8050
POLPA	0.9736	0.7572	0.5832	0.8110	0.5794	0.5076	0.0920	0.1974	-0.1582	-0.0039	0.0356	1	<b>0.0000</b>	0.2886
RP	0.2654	0.2079	0.1274	0.2778	-0.1679	-0.3624	0.2206	0.0749	-0.0610	0.3019	-0.2295	0.4734	1	0.5967
EC	-0.1002	-0.2223	-0.1729	-0.1609	0.0134	-0.1011	0.2550	-0.3415	-0.0200	0.0665	0.0243	-0.1040	-0.0520	1

89 Abaixo da diagonal estão às correlações e acima da diagonal os níveis descritivos (valores p) das respectivas  
 90 correlações. Os valores p em negrito indica significância ( $p < 0.05$ ).

91

92

## CONCLUSÕES

93

94

95

96

97

98

99

100

## REFERÊNCIAS

101

102

103

104

105

106

107

108

109

110

111

112

113

114

115

116

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

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA NETO, F. P.; Análise genética em genótipos de manga rosa via REML/BLUP. **RevistaAgrotecnologia**, v. 5, p. 1-16, 2014.

R Development Core Team (2012), **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L. L. VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. VALADARES-INGLIS, M. C. (ed) **Recursos Genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. P. 357-477.

VENCOVSKY, R. Associação entre caracteres. In: VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. (Ed.). **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. p.335-434.