

# DIVERSIDADE GENÉTICA EM 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

A manga rosa é uma variedade local (*landrace*) bastante apreciada, especialmente, devido suas características desejáveis como alto teor de vitamina C, alto teor de sólidos solúveis totais, aroma, sabor e cor atrativa. Além, de amplamente adaptada às condições multiambientais do agroecossistema Meio Norte do Nordeste brasileiro.

Os programas de melhoramento genético, normalmente envolvem, pelo menos, três etapas: início, em que se objetiva formar uma população-base para fins de melhoramento de bom desempenho, com ampla variabilidade, baixa carga genética e boa adaptação; meio, em que há preocupação na condução de famílias segregantes que permita maximizar os ganhos diretos, indiretos ou simultâneos em características de importância; fim, em que já se dispõe de material genético melhorado e procura-se recomendá-los para regiões amplas ou específicas, o que tornam os estudos da interação genótipo *versus* ambiente, da adaptabilidade e da estabilidade fundamentais (CRUZ et al., 2007).

Análises multivariadas têm mostrado larga aplicabilidade nas etapas iniciais na rotina de programas de melhoramento genético de plantas tais como estudos de diversidade genética se constituindo em uma ferramenta estatística eficiente na definição de padrões classificatórios de genótipos quanto o agrupamento e disjunções de genótipos para fins de indicar cruzamentos que resultem em uma complementariedade de seus genomas para atributos importantes ao processo seletivo.

Este estudo teve o objetivo de classificar os genótipos quanto ao grau de diversidade genética para orientar cruzamentos com potencial de sucesso no processo seletivo do programa de melhoramento de manga rosa da Embrapa Meio Norte.

## MATERIAL E MÉTODOS

---

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

29 A população estudada compreendeu 26 acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da manga  
30 rosa da Embrapa Meio Norte. As variáveis avaliadas em uma amostra aleatória de cinco frutos em estágio  
31 de maturação fisiológica completa foram codificadas da seguinte forma: MF = Massa do fruto (g); COMP  
32 = Comprimento (mm); DMAIOR = Diâmetro maior (mm); DMENOR = Diâmetro menor (mm); MC =  
33 Massa da casca; MS = massa da semente; SST = Teor de sólidos solúveis totais (BRIX); pH = pH; TP =  
34 Textura da polpa; ATT = acidez total titulável (%); B.A = Relação BRIX/ATT (Adimensional); POLPA =  
35 massa da polpa (g); RP = Rendimento de polpa (%); EC = Espessura da casca.

36 O delineamento experimental empregado foi o de blocos completos casualizados com quatro  
37 repetições.

38 Empregou-se o método da ligação média não ponderada - Unweighted Pair-Group Method  
39 using Arithmetic Averages (UPGMA). Este método tem sido amplamente utilizado em estudos de  
40 diversidade genética, pois este método considera médias aritméticas das medidas de distâncias, o que  
41 evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados (CRUZ;  
42 CARNEIRO, 2006).

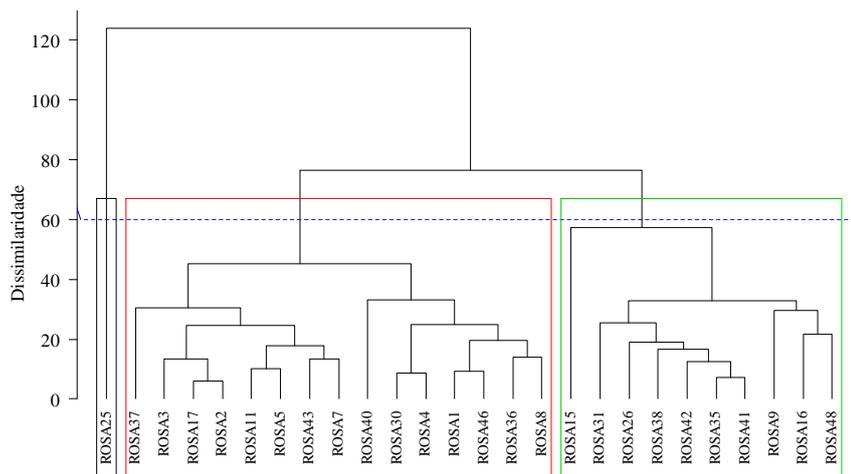
43 Para determinar o número de grupos nos métodos hierárquicos, há diversas formas, como:  
44 razões práticas do pesquisador; análise visual do dendrograma, sendo que o número de grupos é  
45 determinado onde há mudança severa nas ramificações; e critérios estatísticos, como por exemplo, o  
46 método de Mojena (1977), utilizado neste estudo é baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões  
47 (distâncias) no dendrograma.

48 A proposta de Mojema é selecionar o número de grupos no passo j que primeiramente satisfizer a  
49 inequação:  $\alpha_j > \theta_k$ , em que:  $\alpha_j$ : valor da distância de distância do nível de fusão correspondente  
50 ao passo j (j=1, 2,...,n);  $\theta_k$ : valor referencial de corte, dado por  $\theta_k = \bar{\alpha} + k\hat{\sigma}_\alpha$ ;  $\bar{\alpha}$ : média dos valores  
51 de  $\alpha$ ;  $\hat{\sigma}_\alpha$ : desvio padrão dos valores de  $\alpha$ ; e k é uma constante, cujo valor adotado, conforme  
52 Milligan e Cooper (1985) é de  $k=1,25$  para a definição do número ótimo de grupos.

53 As distâncias entre grupos de genótipos foram obtidas utilizando o software R (2012).

## 54 55 **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

56 Utilizando o método de ligação média entre grupos (UPGMA) com distância Euclidiana, foi  
57 possível identificar o ponto de corte (pelo método de Mojema) no dendrograma (Figura ) a distância de  
58 60.04, que corresponde 28.39% da distância máxima.



59

60 Figura 1. Dedrograma pelo método UPGMA baseado na distância euclidiana para agrupamento de  
 61 26 genótipos de Manga Rosa.

62 De acordo com esse corte estabelecido foram formados de 3 grupos, a Figura 1 mostra a  
 63 composição de cada grupo, sendo que o grupo I é formado por um elemento, o Grupo II contém 15 e  
 64 o Grupo III contém 10 indivíduos. Com exceção da espessura da casca (Coeficiente de Variação -  
 65 CV = 40,40) onde, provavelmente, deve ter ocorrido erros de ordem assistemática, todas as variáveis  
 66 apresentaram estimativas de CV atestando que o controle ambiental foi efetivo mostrando acurácia  
 67 experimental ótimas e satisfatórias, dados não apresentados. Desconsiderando-se a variável EC, um  
 68 esquema de cruzamentos pode ser estabelecido entre os genótipos componentes dos grupos disjuntos  
 69 geneticamente. Assim, com o objetivo de obter progênes híbridas segregantes e com boa  
 70 performance, simultaneamente, para as características alvo do programa de melhoramento genético  
 71 o genótipo 25 (grupo I) pode ser cruzado com os genótipos dos grupos II e III perfazendo 25  
 72 cruzamentos abertos planejados. Novo esquema de cruzamentos abertos pode ser planejado  
 73 envolvendo cada genótipo que compõe o grupo II como os indivíduos que formam o grupo III  
 74 totalizando 150 cruzamentos desta foram, espera-se que se obtenha em uma população híbrida para  
 75 seleção de um ou alguns genótipos que carreguem em seu genoma alelos favoráveis para MF,  
 76 DMAIOR, DMENOR, COMP, SST, pH, TP, ATT, B.A, POLPA e RP, simultaneamente.

77 Na Tabela , observa-se que as características ideais para efeito do processo seletivo de um  
 78 ou alguns genótipos elite se encontram dispersas nos três grupos. As maiores médias das variáveis  
 79 MF, pH, TP, ATT, POLPA RP e EC são observados no grupo I; para as variáveis COMP, DMAIOR,  
 80 DMENOR, MC, MS, B.A assim como maior média de SST no grupo III. A maioria das menores  
 81 médias estão presentes no grupo III, com exceção das SST, TP, ATT e EC que as menores médias  
 82 são observadas no grupo II e B.A que a menor média é observada grupo I. Em um esquema planejado  
 83 de cruzamentos envolvendo genótipos geneticamente divergentes e com alto desempenho *per se*, o  
 84 genótipo 25 do grupo I entra como parental que possibilita passar aos descendentes as seguintes

85 características desejáveis com valores altos de: MF, COMP, SST, TP, ATT, POLPA e RP. Os  
86 indivíduos do grupo II apresentam-se como doadores das seguintes variáveis: MF, COMP, DMAIOR,  
87 DMENOR, B.A e POLPA. Por outro lado, os genótipos que compõem o terceiro grupo podem  
88 contribuir com alelos favoráveis para os seguintes atributos: DMAIOR, MC, MS, SST, TP, ATT e  
89 B.A.

90 Tabela 1. Médias das variáveis para os 3 grupos obtidos, pelo método UPGMA, para os 26 genótipos  
91 de Manga Rosa.

GRUPO	MF	COMP	DMAIOR	DMENOR	MC	MS	SST	pH	TP	ATT	B.A	POLPA	RP	EC
I	427,16	112,19	56,40	69,32	48,10	49,09	18,10	4,48	5,91	0,62	29,38	329,97	77,25	0,98
II	363,52	113,65	83,35	71,59	49,06	54,56	17,59	4,30	5,26	0,58	32,63	260,52	71,52	0,52
III	307,70	106,15	78,23	66,72	45,85	42,01	18,60	4,25	5,46	0,61	32,05	219,84	71,29	0,61

92

93

### CONCLUSÕES

94 - As características ideais para efeito do processo seletivo de um ou alguns genótipos elite se encontram  
95 dispersas nos três grupos, assim, um esquema planejado de cruzamentos envolve um total de 175  
96 cruzamentos possíveis entre genótipos que compõem os três grupos geneticamente divergentes.

97 - Afim de obter caracteres favoráveis reunidos em um único ou alguns genótipos, todas as  
98 combinações possíveis de complementação genética envolvem um esquema de cruzamento do  
99 genótipo que forma o grupo I com os genótipos dos grupos II e II e entre os genótipos que compõem  
100 o grupo II como os indivíduos do grupo III.

101

102

### REFERÊNCIAS

103 CRUZ, C. D.; MOURA, M. C. C. L. da; FERREIRA, A.; MASCARENHAS, K. M.; ARAÚJO, J. R.  
104 G., MARTINS, M. R. Utilização da biometria no melhoramento genético do bacurizeiro. **In:** LIMA, M.  
105 C. da. **Bacuri Agrobiodiversidade**. UEMA. Maranhão, MA. p. 103-155, 2007.

106 CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**.  
107 Viçosa: UFV, v.2, p.406, 2006.

108 MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. An examination of procedures for determining the number of clusters  
109 in a data set. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 50, p. 159-179, 1985.

110 MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**,  
111 v.20, p.359-363, 1977

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