

CARACTERIZAÇÃO DE PROGÊNIE ('Tommy Atkins' e 'Haden') DE MANGUEIRA MEDIANTE DESCRITORES FÍSICO-QUÍMICOS DE FRUTOS E ESTATÍSTICA MULTIVARIADA

Elaini Oliveira dos Santos Alves¹, Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva², Ronan Xavier Corrêa³, Carlos Antônio Fernandes Santos⁴, Larissa Menezes Martins⁵, Roberta Samara Nunes de Lima⁶, Francisco Pinheiro Lima Neto⁷

Resumo

Entre os objetivos dos programas de melhoramento da mangueira (*Mangifera indica*) destaca-se a obtenção de frutos com qualidade superior. Para tanto, é necessário conhecer as variáveis a serem aprimoradas no melhoramento genético. Objetivou-se caracterizar 23 genótipos de mangueira, provenientes do cruzamento entre 'Tommy Atkins' e 'Haden', quanto à dissimilaridade genética. Foram considerados seis descritores físico-químicos de frutos, cujos valores mensurados foram submetidos à estatística inferencial [multivariada (distância euclidiana, agrupamentos hierárquicos e análise de componentes principais)]. A dissimilaridade entre os pares de genótipos ($p < 0,001$) variou entre 0,20 e 1,79. Os descritores físico-químicos Peso Médio dos Frutos (PMF), Acidez Total Titulável (ATT) e Comprimento Médio dos Frutos (CMF) apresentaram os maiores percentuais de contribuição relativa, totalizando 90,22% da variação observada, devendo ser priorizados em futuros estudos.

Introdução

O Estado da Bahia é o principal produtor e exportador de manga do Brasil, tendo produzido em 2008, mais de 1,11 milhão de toneladas dessa fruta, o que corresponde a mais de 51% da safra nacional (OLIVEIRA; ANJOS, 2008). Pode-se atribuir esse desempenho às tecnologias de manejo desenvolvidas aliadas às condições climáticas da região Nordeste, que proporcionam produção na entressafra dos principais países produtores e exportadores.

A mangicultura brasileira atualmente é sustentada pela variedade 'Tommy Atkins' que é a mais comercializada mundialmente devido principalmente ao bom rendimento, à coloração intensa e resistência ao transporte a longas distâncias, razões pelas quais atraem a preferência de produtores e consumidores (MANICA, 2001). Por isso os programas de melhoramento de manga no Brasil trabalham com base nesta variedade na busca de genótipos superiores e mais adaptados às condições ambientais predominantes nas regiões produtoras.

A existência de variabilidade genética nas populações que compõem os programas de melhoramento é condição básica para que o mesmo obtenha sucesso. A diversidade genética entre genótipos de progênies tem sido avaliada em diferentes estudos, tendo como um dos objetivos básicos a identificação de parentais para futura obtenção de combinações híbridas de maior potencial heterótico (IVOGLO et al., 2008; NEGREIROS et al., 2008).

Esse trabalho teve como objetivo estudar a divergência genética de genótipos de mangueira, mediante estatísticas multivariadas, de uma população segregante pertencente ao programa de melhoramento de mangueira da Embrapa Semi-árido.

1. Mestranda em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Estadual de Santa Cruz., Ilhéus, BA, CEP 45662-000. E-mail: elaini@ymail.com

2. Doutorando em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, CEP 13083-970. E-mail: cerqueirasilva1@yahoo.com.br

3. Professor Titular do Departamento de Biologia, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, BA, CEP 45662-000. E-mail: ronanxc@uesc.br

4. Pesquisador da Embrapa Semi-árido BR 428, Km 152, Zona Rural - Petrolina, PE - Brasil - CEP 56302-970. E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br

5. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, CEP 28013-602. E-mail: roberta_biol@hotmail.com

6. Bióloga. E-mail: Larissa.m.martins@hotmail.com

7. Pesquisador da Embrapa Semi-árido BR 428, Km 152, Zona Rural - Petrolina, PE - Brasil - CEP 56302-970. E-mail: pinheiro.neto@cpatsa.embrapa.br

Apoio financeiro: CNPq, UESC e EMBRAPA.

Material e Métodos

Material biológico

Vinte e três genótipos de manga que compõem uma população segregante, estabelecida no Campo experimental de Mandacaru na Embrapa Semi-árido, oriunda do cruzamento de 'Tommy Atkins' e 'Haden', foram avaliados. Essa população é composta por 198 indivíduos e foi estabelecida na Estação Experimental em 2002, após identificação de duas plantas da variedade 'Haden' isoladas dentro de uma área comercial de 'Tommy Atkins'. Uma amostragem de dez frutos por genótipo foi obtida para avaliação.

Caracterização físico-químicos de frutos

Os frutos foram analisados no Laboratório de Patologia Pós-Colheita e Qualidade Mercadológica da Embrapa Semi-Árido. Foram considerados seis descritores físico-químicos de frutos: peso médio dos frutos (PMF), comprimento médio do fruto (CMF), diâmetro médio dos frutos (DMF), sólidos solúveis totais (SST) expressos em °Brix, acidez titulável total (ATT) e potencial hidrogeniônico (pH).

Avaliação estatística

As análises estatísticas utilizadas foram do tipo multivariada (i) estimativa da dissimilaridade entre os genótipos via distância euclidiana média; (ii) agrupamento dos genótipos por meio do método UPGMA; (iii) seleção de agrupamento para representação bidimensional (dendrograma), tendo por base os valores de coeficiente de correlação co-fenética, distorção e stress; (iv) estimativas da contribuição relativa dos descritores para a divergência genética com base na análise de componentes principais. As análises foram realizadas com auxílio do *software* Genes (Cruz, 2001).

Resultados e Discussão

Com base nas médias obtidas nas análises das seis variáveis para cada um dos 23 genótipos (Tab.1), obteve-se uma matriz de distâncias Euclidianas com dissimilaridade entre os pares de genótipos ($p < 0,001$) variando entre 0,20 e 1,79. O dendrograma obtido a partir dessa análise permite a visualização de três grupos (Fig.1). O grupo 1 é o maior e reúne os genótipos P13A1, P39A1, P29A1, P132A1, P16A1, P19A1, P7A1, P21A2, P102A1, P3A1, P138A1, P34A1, P61A1 e P130A1. O grupo 2 reúne os genótipos P60A2, P63A2, P53A2, P94A2, P38A1 e P1A2 e o grupo 3, os genótipos P2A2, P71A2 e P86A2. Associando-se os agrupamentos às médias dos genótipos representadas na tabela 1, observa-se que o grupo 2 reúne genótipos com as menores médias para os descritores físicos (PMF, CMF e DMF) e o grupo 3 reúne os genótipos detentores dos maiores níveis de ATT.

Os descritores PMF e ATT foram responsáveis por 78,37 % de toda a variabilidade genética presente entre os genótipos, segundo a análise de componentes principais (Tab.2). O terceiro descritor com contribuição relativa para a divergência, o CMF, foi responsável por 11,85% da variabilidade genética dos genótipos. Sendo assim, somente os três primeiros componentes respondem por 90,22% da variabilidade genética encontrada nos genótipos estudados. Tais resultados são coerentes com a análise de agrupamento, que apresentou coeficiente de correlação co-fenética satisfatório (0,81), distorção baixa (4,87%) e índice de stress baixo (22,08%). Portanto, os dois descritores que mais contribuíram para a diferenciação de genótipos destacados pela análise de componentes principais foram um descritor físico (PMF) e o outro químico (ATT). Contudo, considerando-se que os descritores utilizados neste estudo são caracteres quantitativos e, portanto, influenciados pelo ambiente, para se ter mais segurança na escolha de descritores destinados a avaliar diversidade de genótipos de manga, novas avaliações estão sendo realizadas.

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelas bolsas de mestrado e doutorado concedidas aos dois primeiros autores. Ao Programa de pós-graduação em genética e biologia molecular da Universidade Estadual de Santa Cruz (PPG-GBM / UESC) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária do Semi-árido (EMBRAPA / CPATSA) por permitirem a construção deste trabalho.

Referências

- CRUZ, C. D. Programa GENES: análise e processamento de dados baseado em modelos biométricos e em estatística experimental. Viçosa: UFV, 2001.
- IVOGLO, M. G. et al. Divergência genética entre progênies de café robusta. *Bragantia*. v.67, n.4, p. 823-831. 2008.
- MANICA, I. Cultivares e melhoramento. In: MANICA, I.; ICUMA, I. M.; MALAVOLTA, E.; RAMOS, V. H. V.; OLIVEIRA JUNIOR, M. E.; JUNQUEIRA, N. T. V. Manga: Tecnologia, produção, pós-colheita, agroindústria e exportação. Porto Alegre: Cinco continentes, p. 87-130, 2001.
- NEGREIROS, J. R. S.; ALEXANDRE, R. S.; ÁLVARES, V. S.; BRUCKNER C. H.; CRUZ, C. D. Divergência genética entre progênies de maracujazeiro- amarelo com base em características das plântulas. *Revista Brasileira de Fruticultura*. v.30, n.1, p. 197-201, 2008.
- OLIVEIRA, J. M. C., ANJOS, A. P. A. Frutas da Bahia: desempenho e perspectivas. *Bahia Agrícola*, v.8, n.2, 2008. Disponível em: http://www.seagri.ba.gov.br/pdf/2_agrossintesev8n2.pdf. Acesso em 07 de abril de 2009.

Tabela 1. Médias da avaliação dos descritores físico-químicos para 23 genótipos de manga.

Genótipo	PMF (g)	CMF (cm)	DMF (cm)	SST (°Brix)	ATT	pH
P1A2	246,53	8,65	6,55	13,20	0,13	2,90
P2A2	465,26	11,38	7,94	16,80	0,70	2,64
P3A1	361,04	9,21	8,79	13,60	0,06	4,92
P7A1	336,55	10,50	8,38	15,40	0,08	3,70
P13A1	368,52	11,00	8,30	17,00	0,18	4,41
P16A1	465,78	11,75	8,75	17,40	0,20	4,29
P19A1	435,66	11,50	8,75	15,00	0,11	4,50
P21A2	396,24	12,38	7,56	17,60	0,12	4,03
P29A1	360,33	10,50	8,20	14,20	0,13	4,62
P34A1	426,90	12,98	8,40	13,60	0,07	5,32
P38A1	179,25	7,78	6,72	15,00	0,24	4,83
P39A1	370,29	10,60	8,20	16,60	0,12	4,55
P53A2	280,61	10,20	6,65	20,60	0,21	3,85
P60A2	311,36	8,60	6,41	19,60	0,12	4,45
P61A1	542,99	11,88	9,75	16,60	0,15	4,35
P63A2	244,86	9,35	6,20	18,20	0,08	4,62
P71A2	381,27	11,65	7,45	17,60	0,55	2,57
P86A2	248,80	9,40	6,30	20,00	0,68	3,03
P94A2	164,76	8,40	5,25	23,40	0,16	4,44
P102A1	377,92	12,50	8,00	13,60	0,10	4,20
P130A1	621,90	12,25	10,38	15,20	0,12	4,47
P132A1	361,50	11,05	7,90	14,60	0,08	4,66
P138A1	449,48	9,94	9,83	13,00	0,13	4,16

Obs: PMF = Peso Médio dos Frutos; CMF = Comprimento Médio dos Frutos; DMF = Diâmetro Médio dos Frutos; SST = Sólidos Solúveis Totais; ATT = Acidez Total Titulável e pH = potencial Hidrogeniônico.

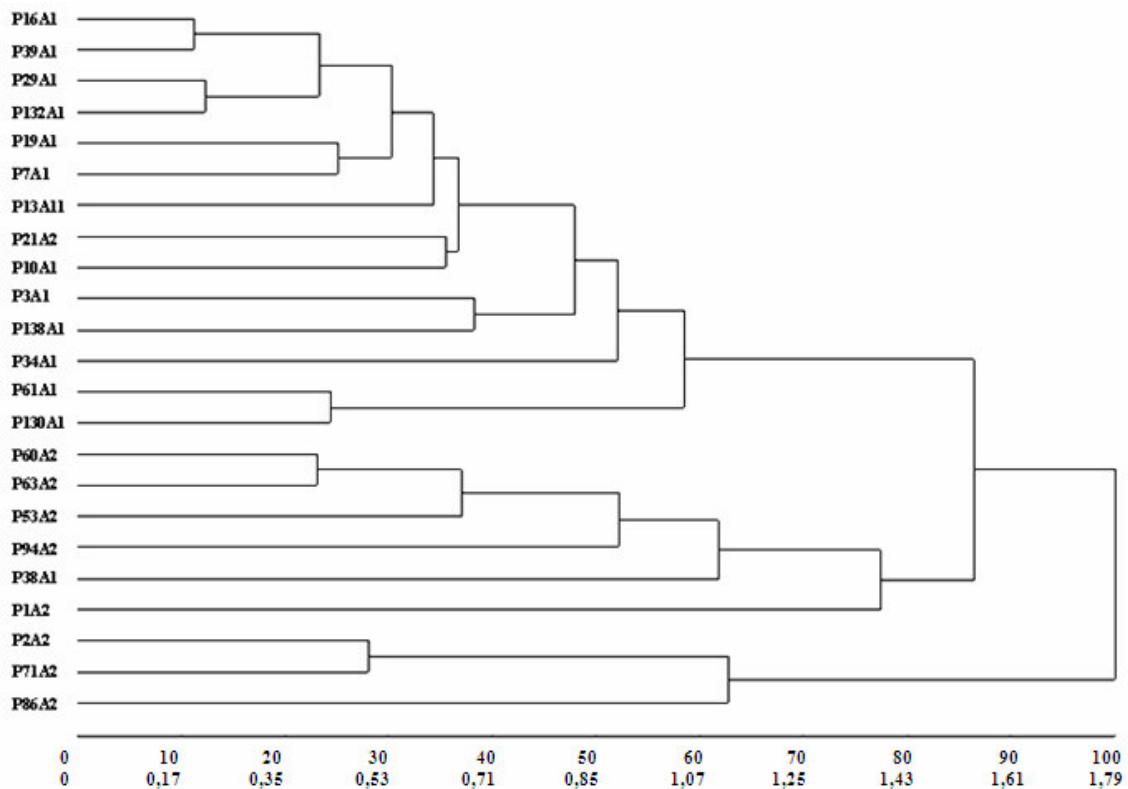


Figura 1. Dendrograma de similaridade genética de 23 genótipos de manga, estabelecido pelo método UPGMA, utilizando-se a distância euclidiana média com base em seis caracteres morfológicos.

Tabela 2. Contribuição relativa de descritores morfológicos para a divergência genética entre genótipos de manga utilizando-se a análise de componentes principais.

Descritores	Valor (%)	Acumulada (%)
Peso Médio dos frutos	49,52	49,52
Acidez Total Titulável	28,84	78,37
Comprimento Médio dos frutos	11,85	90,22
Sólidos Solúveis Totais	5,43	95,66
Diâmetro Médio dos Frutos	3,68	99,34
Potencial Hidrogeniônico	0,65	100