

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE Videira NO SEMI-ÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão¹ e João Gomes da Costa¹

Palavras-chave: Caracteres agronômicos, *Vitis* spp., método Tocher, distância genética

INTRODUÇÃO

A videira é uma planta perene pertencente ao gênero *Vitis* e que possui três centros de origem e diversidade: centro euro-asiático entre Armênia e Pérsia, centro asiático (latitudes entre 40° N a 10°S) e centro americano, desde o Canadá até Colômbia e Equador na América do Sul. A sua ampla distribuição geográfica explica a grande variabilidade genética encontrada neste gênero composto por 67 espécies (Camargo, 2000).

O conhecimento do grau de divergência genética é de grande importância em programas de melhoramento que envolvem hibridações. Na videira, este tem sido o principal método utilizado nos diversos programas de melhoramento para obtenção de genótipos superiores. Através da análise da divergência genética, os melhoristas podem classificar os genótipos em grupos, permitindo a escolha de progenitores com características desejáveis para hibridação, ou seja, a divergência é avaliada com o objetivo de selecionar progenitores que proporcionem a máxima heterose e maior probabilidade de recuperar linhagens superiores em gerações segregantes. Na seleção dos progenitores para cruzamentos é importante aliar-se o bom desempenho em relação aos caracteres de interesse com a divergência genética entre eles.

Estes estudos têm sido realizados em diversas culturas (Santos et al., 1994; Pípolo et al., 1995; Machado et al., 2000; Shimoya et al., 2002), entretanto, não se observam referências na cultura da videira.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a divergência genética entre genótipos de videira, visando identificar aqueles promissores para utilização como progenitores em cruzamentos, fornecendo subsídios para o programa de melhoramento da videira.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido no Campo Experimental de Bebedouro da Embrapa Semi-Árido, Petrolina, PE, em uma coleção de germoplasma composta por 34 acessos. Desses, 25 acessos foram utilizados nos estudos de divergência genética. As avaliações foram realizadas durante cinco ciclos de produção, de 2000 a 2002. Foram considerados para a

¹ Pesquisador(a) M.Sc, Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Semi-Árido, caixa postal 23, Petrolina, PE, CEP. 56302-970, patricia@cpatsa.embrapa.br, jgomes@cpatsa.embrapa.br

determinação da distância genética os seguintes caracteres quantitativos: número de cachos por planta (NC), produção por planta (PR), peso de cachos (PC), comprimento de cachos (CC), largura de cachos (LC), peso de bagas (PB), comprimento de bagas (CB), diâmetro de bagas (DB), sólidos solúveis totais (SST), acidez total titulável (ATT) e relação SST/ATT.

Para a determinação da distância genética empregou-se análises multivariadas pelo método de agrupamento de Tocher, adotando-se a Distância Euclidiana com dados padronizados como medida de dissimilaridade (Cruz & Regazzi, 1994). As análises foram executadas pelo Programa Genes (Cruz, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela Tabela 1, pode-se observar que alguns genótipos destacam-se pois apresentaram as maiores médias em relação a caracteres agrônômicos de grande importância para o melhoramento como a produção/planta: Moscatel Nazareno (24), Seyve Villard 12327 (2) e Ferlongo (10) e o peso médio de cachos e bagas: A1118 (5), Burdin 5201 (4) e Moscatel de Alexandria (25). A ausência de sementes, objetivo principal dos programas de melhoramento de uvas de mesa foi observada em três genótipos Feal (9), Flame Seedless (11) e Suffolk Red Seedless (14).

O método de agrupamento proposto por Tocher, a partir da distância euclidiana, possibilitou a divisão dos 25 genótipos em 11 grupos (Tabela 2). O grupo 1 com sete genótipos, correspondeu a 28% dos genótipos, enquanto o grupo 2 agrupou 6 genótipos, ou seja, 24% do total; o grupo 3 apresentou três genótipos (12%); o grupo 4, dois genótipos (8%) e os demais grupos de 5 a 11, com apenas um genótipo cada um, representaram apenas 4% dos genótipos estudados. Os genótipos Burdin 4201 (4) e Stover (12) foram os mais divergentes geneticamente, apresentando a maior distância (2,69), enquanto Seyve Villard 20365 (1) e A1118 (5) foram os mais relacionados geneticamente, sendo a distância entre eles a de menor magnitude (0,51). Alto grau de similaridade é observada entre os genótipos de um mesmo grupo; deve-se, portanto, evitar cruzamentos entre eles.

Visando a obtenção de progênies sem sementes, recomenda-se o cruzamento da variedade sem sementes Feal (grupo 1), que apresentou produção mediana de frutos, mas que em trabalhos anteriores destacou-se como de alta fertilidade de gemas, com outros divergentes e que apresentem características desejáveis, como Moscatel Nazareno (grupo 10) e Burdin 5201 (grupo 6). Além de produção satisfatória, a primeira destaca-se pelo sabor moscatel muito apreciado para o consumo, e a segunda pelo tamanho de suas bagas. Outras combinações possíveis entre genótipos sem sementes e com sementes desta coleção são Flame Seedless e A1118, Moscatel de Alexandria, Ferlongo, Burdin 5201 e Moscatel Nazareno.

Além dos caracteres agrônômicos avaliados, deve-se acrescentar ainda a estes resultados informações relativas ao comportamento em relação as doenças, trabalho que se encontra em andamento, o que poderia permitir a recomendação de outras combinações de cruzamentos.

CONCLUSÃO

- método de Tocher, utilizando a Distância Euclidiana permite agrupar os 25 genótipos de videira em onze grupos, identificando-se os genótipos Burdin 4201 e Stover como os mais divergentes geneticamente, e Seyve Villard 20365 e A1118 como os mais relacionados.
- A avaliação de caracteres agrônômicos, associado aos estudos de divergência genética permitem a escolha dos genótipos Feal combinado com Moscatel Nazareno e Burdin 5201 e Flame seedless com A1118, Moscatel de Alexandria, Ferlongo, Burdin 5201 e Moscatel Nazareno como progenitores para cruzamentos em um programa de Melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CAMARGO, U. A. Melhoramento genético da videira. In: Souza Leão, P. C. de; Soares, J. M. (Ed.) A viticultura no semi-árido brasileiro. Petrolina:Embrapa Semi-Árido, 2000, p.65-91.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: versão windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa:UFV, Imp. Univer., 2001.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa:UFV, Imp. Univer., 1994.
- MACHADO, C. de.F.; SANTOS, J. B. dos;NUNES, G. H. de S. escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência avaliada a partir de caracteres morfo-agronômicos. Bragantia, Campinas, v.59, n.1, p.11-20, 2000.
- PÍPOLO, V. C.; PÍPOLO, A. E.; DESTRO, D; GUERRA, E. P. Seleção de genótipos parentais de guandu baseada na divergência genética multivariada. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.30, n.7, p.977-982, 1995.
- SANTOS, C. A. F.; MENEZES, E. A.;ARAÚJO, F.P.de Divergência genética em acessos de guandu. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.29, n.11, p.1723-1726, 1994.
- SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D., FERREIRA, R. DE P.; PEREIRA, A. V., CAMEIRO, P. C. S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim elefante. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, n.7, p.971-980, 2002.

Tabela 1 - Valores médios relativos a 11 caracteres de genótipos de videira, durante cinco ciclos de produção, Petrolina, PE, 2000-2002.

GENÓTIPOS	CARACTERES										
	NC	PR	PC	CC	LC	PB	CB	DB	SST	ATT	SST/ATT
1- Seyve Villard 20365	60	8,91	214,36	14,88	10,41	3,90	21,10	17,46	17,93	0,85	22,12
2- Seyve Villard 12327	137	17,97	188,06	13,35	9,81	3,37	20,18	16,57	17,06	0,92	21,00
3- Seyve Villard 12375	28	2,83	142,57	12,00	9,65	2,71	17,32	16,10	18,29	1,32	15,61
4- Burdin 5201	50	9,42	286,53	17,97	8,82	5,74	22,44	20,77	16,71	1,08	15,95
5- A 1118	55	9,37	268,35	17,60	9,49	4,49	21,71	18,77	18,24	0,88	20,98
6- Mars	75	5,72	107,35	12,11	7,29	2,51	16,54	15,94	15,74	0,73	22,48
7- Tampa	85	5,07	75,49	11,62	6,08	1,75	14,08	13,21	16,60	1,02	20,15
8- IAC 77.526	126	8,94	142,54	15,42	8,60	2,29	16,55	15,14	18,93	1,48	14,20
9- Feal	69	9,65	206,74	16,55	10,63	2,28	16,34	15,12	17,45	0,89	19,62
10- Ferlongo	104	15,54	227,69	17,29	10,71	3,25	18,34	17,21	15,95	1,04	18,63
11- Flame	19	1,95	164,35	15,66	9,87	3,04	18,40	16,50	15,08	0,98	18,23
12- Stover	97	3,01	50,93	8,81	6,39	2,06	17,78	14,23	17,30	0,51	34,30
13- BlueLake	75	4,13	71,36	11,53	6,84	1,77	14,74	13,01	14,19	0,99	16,73
14- Liberti	38	2,34	88,60	13,44	7,67	2,48	16,74	15,77	18,46	0,69	29,83
15- Suffolk Red Seedless	47	2,58	66,13	13,42	6,68	2,17	14,74	14,76	19,34	0,81	25,83
16- Lake Emerald	87	8,75	144,46	14,11	8,82	1,63	14,81	13,33	18,99	1,03	26,36
17- CG 351	41	6,08	316,73	18,84	12,06	2,53	17,85	15,69	16,51	0,78	16,43
18- CG 4113	56	6,44	208,27	16,13	12,49	2,73	17,73	16,20	16,09	0,91	18,17
19- CG 87746	30	2,07	115,62	12,76	7,95	1,83	15,11	14,21	17,98	0,89	20,50
20- CG 40016	57	6,72	144,81	15,97	11,17	2,17	16,59	14,82	15,79	1,08	16,21
21- CG 39915	25	2,32	147,54	14,84	8,18	2,24	18,37	13,72	14,47	0,77	20,72
22- July Muscat	53	6,47	153,40	13,50	8,02	3,85	20,28	17,93	17,53	0,92	19,68
23- Moscatuel	28	2,84	184,73	13,96	9,32	2,22	16,98	16,42	16,82	1,43	11,95
24- Moscatel Nazareno	134	19,57	289,62	19,71	11,53	3,22	17,96	16,97	16,49	1,10	16,81
25- Moscatel Alexandria	44	9,30	326,43	17,27	12,88	5,73	23,02	20,24	18,35	0,79	23,67

⁽¹⁾NC: número de cachos por planta; PR: produção por planta (kg); PC: peso de cachos (g); CC: comprimento de cachos (cm); LC: largura de cachos (cm); PB: peso de bagas (g); CB: comprimento de bagas (mm); DB: diâmetro de bagas (mm); SST: sólidos solúveis totais (°Brix); ATT: acidez total titulável (%) e relação SST/ATT.

Tabela 2 - Agrupamento dos genótipos de videira pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela Distância Euclidiana dos dados. Petrolina, PE.

GRUPO	GENÓTIPOS						
1	1	5	25	18	9	10	16
2	14	19	15	22	6	7	
3	11	21	20				
4	3	23					
5	8						
6	4						
7	17						
8	2						
9	13						
10	24						
11	12						