

Distância genética entre acessos de grupos varietais de cenoura obtidos de programas de melhoramento de três continentes

Giovani O. da Silva¹; Jairo V. Vieira¹; Leonardo S. Boiteux¹; Philipp W. Simon²

¹Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970 Brasília-DF; ²Department of Horticulture, University of Wisconsin, Madison, WI 53706; E-mail: jairo@cnph.embrapa.br

RESUMO

A determinação dos níveis de divergência genética entre genitores é um importante indicador de cruzamentos com maior efeito heterótico potencial e/ou com maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas progênes. A avaliação simultânea de diversos caracteres morfológicos tem se mostrado como uma estratégia eficiente na identificação da variabilidade genética. O objetivo do trabalho foi estimar a divergência genética de um conjunto de 22 cultivares (de diferentes tipos varietais) oriundas de programas de melhoramento de diferentes países. Foram avaliadas (aos 90 dias após o plantio) 15 plantas competitivas por parcela para: comprimento de folha (cm), tamanho da raiz (cm), diâmetro de raiz (mm) e massa de raiz (g). Para cada ano, foi efetuada análise de dissimilaridade entre os genótipos pela distância generalizada de Mahalanobis. O grupo "Imperator" foi o mais divergente. Desta forma, cruzamentos envolvendo este grupo com os demais proporcionariam maior efeito potencial de heterose. Acessos do grupo "Brasília" podem ser cruzados com a maioria dos acessos, podendo ter ganhos com a heterose.

Palavras-chave: cenoura, distância genética, germoplasma, melhoramento.

ABSTRACT – Estimative of genetic distances among carrot accessions obtained from breeding programs conducted in three continents.

The amount of genetic variability in a population estimated via genetic distance between accessions is an important parameter, which could help the identification of superior parents for heterotic hybrid production in breeding programs. The simultaneous evaluation of morphological and metric traits is one of the strategies that have been used to estimate the amount of genetic variability among accessions. The objective of the present study was to use multivariate statistics and clustering techniques to group a set of 22 carrot accessions from distinct geographic regions, variety groups and breeding programs based on morphological traits. Fifteen competitive plants per accession were evaluated at 90 days after planting for the following traits: leaf

length (cm), root length (cm), root diameter (mm), and root weight (g). For each year, it was conducted one dissimilarity analysis among accessions using Mahalanobis distance. The “Imperator” group was the most divergent one. Therefore, crosses involving this group of cultivars with the remaining accessions would result in progenies with the highest heterotic effects. Accessions belonging to the “Brasília” group could be crossed with the majority of the accessions from other variety groups with a high probability of generating superior populations and/or heterotic hybrids.

Keywords: *Daucus carota*, genetic distance, germplasm, breeding.

INTRODUÇÃO

No melhoramento de cenoura para os trópicos, genitores com maiores níveis de adaptação a estas condições levam nítida vantagem sobre outros materiais. No entanto, em certas ocasiões, cruzamentos são efetuados e populações segregantes são obtidas a partir de um genitor adaptado e acessos não adaptados que possuem alguma característica de interesse. A avaliação de diversos caracteres morfológicos tem se mostrado como uma estratégia eficiente na identificação da variabilidade genética. A determinação dos níveis de divergência genética entre genitores aponta os cruzamentos com maior efeito heterótico potencial e/ou com maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas progênies (Cruz, 2001). O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre acessos de cenoura de diferentes tipos varietais, oriundos de programas de melhoramento de diferentes países (Tabela 1).

MATERIAL E MÉTODOS

Os acessos foram cultivados a campo nas primaveras de 2000 e 2001 em blocos ao acaso (duas repetições, parcelas de 2m² com 200 plantas). Foram avaliadas 15 plantas competitivas por parcela (aos 90 dias) para: comprimento de folha (cm), tamanho (cm), diâmetro (mm) e massa de raiz (g). Foi efetuada análise de dissimilaridade pela distância de Mahalanobis (Cruz, 2001). As matrizes foram transferidas para NTSYSpc (Rohlf, 2000) em dendrogramas pUPGMA. As correlações cofenéticas entre as matrizes e agrupamentos e as correlações entre as matrizes foram feitas de acordo com Mantel (1967).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O valor de correlação entre as matrizes 2000 e 2001 foi de 0,87, indicando que os genótipos foram agrupados de forma semelhante nos dois anos (Figura 1). Os coeficientes da correlação cofenética foram de 0,76 e 0,71, indicando boa

representação dos dendrogramas (Mantel, 1967). O dendrograma obtido para 2000 indicou um grupo de 14 acessos e dois grupos com quatro acessos. Em 2001 foi formado um grupo de 11, um com seis e outro com cinco acessos. Um dos dois grupos menores em 2000 foi formado por genótipos do tipo “Imperator”. Os acessos ‘Brasília’ e ‘Prima’, agruparam próximos a ‘Gold King’ e ‘Danvers126’. ‘Londrina’, se assemelhou mais aos genótipos do tipo “Nantes” no primeiro ano e a ‘Kazan’ no segundo ano. Acessos do grupo “Nantes” e ‘Nandrin’ (que contém ‘Nantes’ em sua genealogia) formaram um único grupo. O grupo “Imperator” foi o mais divergente. Cruzamentos envolvendo este grupo podem proporcionar maior heterose. O grupo “Brasília” pode ser cruzado com a maioria dos acessos, podendo também obter ganhos com a heterose.

REFERÊNCIAS

- CRUZ CD. 2001. Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Editora UFV 648p.
- MANTEL N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, Chestnut, v. 27, n.2, p.209-220.
- ROHLF FJ. 2000. NTSYSpc numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.1. Exeter Software, Setauket, NY.

Tabela 1 – Relação dos genótipos estudados com respectiva origem e tipo.

GENÓTIPOS	NOME	ORIGEM	PAIS	TIPO VARIETAL
1	Kamila	Krzeszowice	Polônia	Nantes
2	KCE897	Krzeszowice	Polônia	Nantes
3	Kalina	Krzeszowice	Polônia	Nantes
4	Nabora	Krzeszowice	Polônia	Nantes
5	Karotan	Bejo	Holanda	Flakkee
6	Napoli	Bejo	Holanda	Nantes
7	Nerac	Bejo	Holanda	Nantes
8	Kazan	Bejo	Holanda	Flakkee
9	Brasília	Embrapa	Brasil	Brasília
10	Londrina	Londrina	Brasil	Brasília
11	Prima	Agroflora	Brasil	Brasília
12	Gold King	NK	EUA	Chantenay
13	Nandrin	Bejo	Holanda	Nantes / Berlicum
14	Blaze	Rogers	EUA	Imperator
15	Commanche	SunSeeds	EUA	Imperator
16	HCM	Crookham	EUA	Carotene
17	Apache	SunSeeds	EUA	Imperator
18	Danvers126	NK	EUA	Danvers
19	Primecut 59	SunSeeds	EUA	Imperator
20	Amsterdam Bak	Nunhems	Holanda	Amsterdam
21	(6366*2226)	738-2	EUA	Imperator / Brasília

22	(6333*2226)	738-3	EUA	Imperator / Brasilia
----	-------------	-------	-----	----------------------

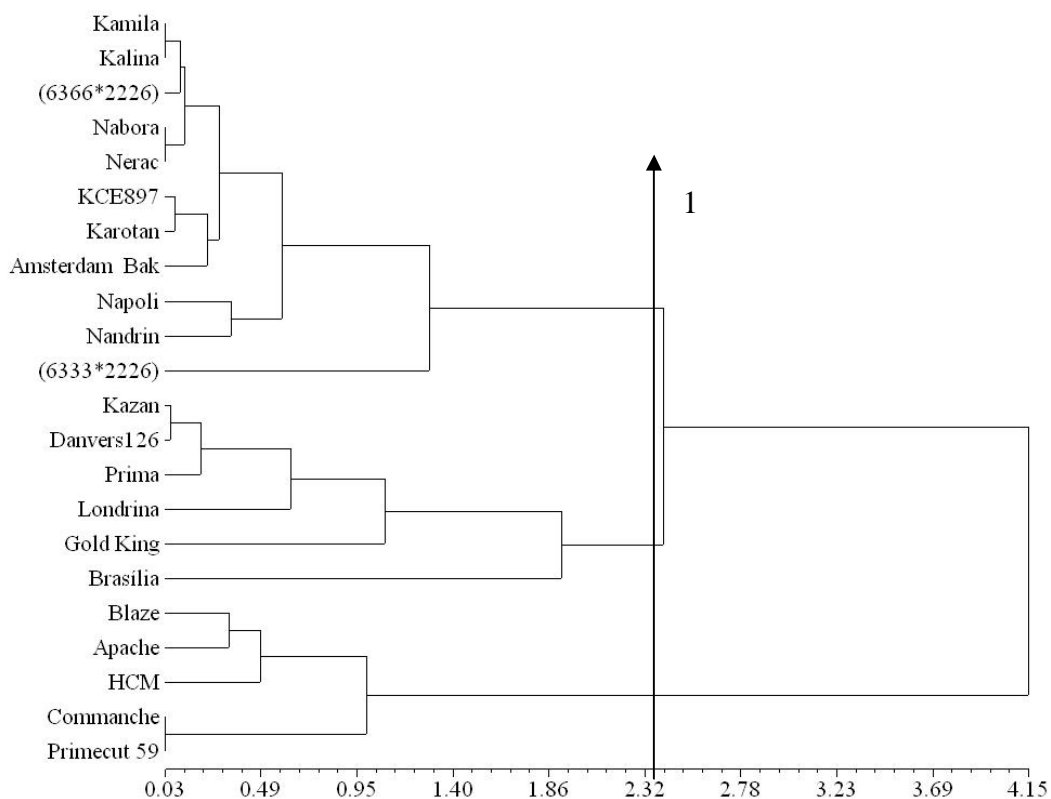
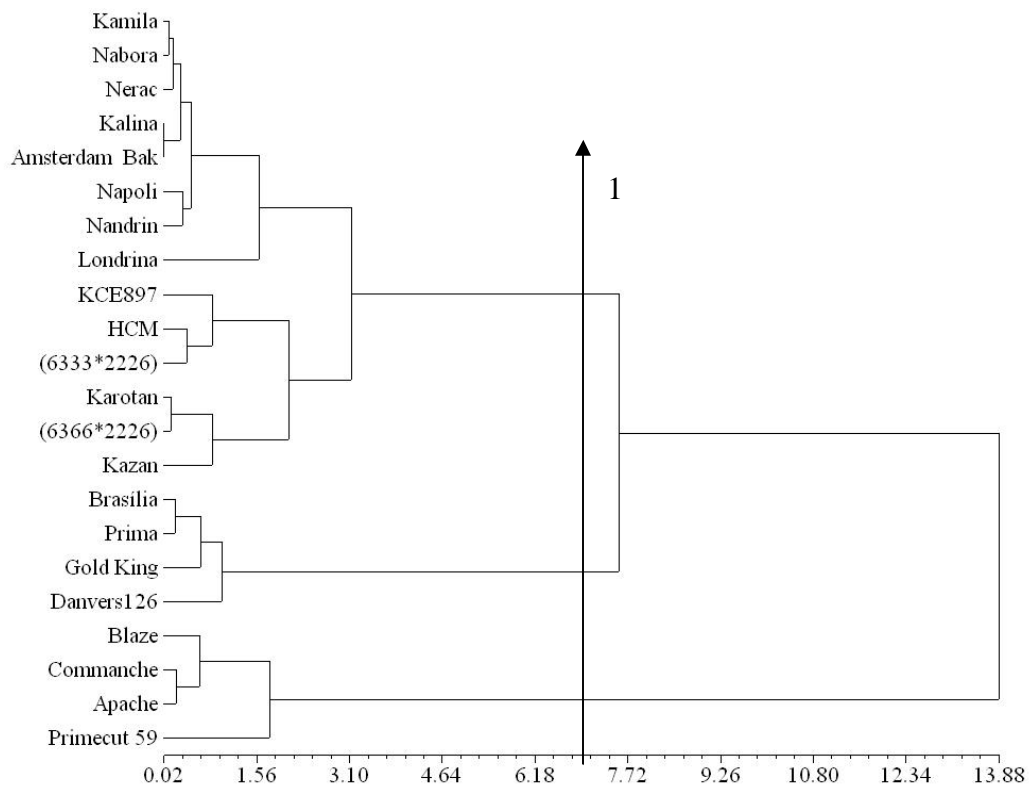


Figura 1. Dendrogramas de distância entre 22 genótipos de cenoura, com base em dados morfológicos, para o ano de 2000 e 2001, respectivamente, agrupados pelo método de agrupamento UPGMA, Brasília, 2007. ¹Distância média entre os genótipos.