



DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES DE UVA PARA PROCESSAMENTO NO VALE DO SÃO FRANCISCO

Patrícia Coelho de Souza Leão¹, Cosme Damião Cruz² e Sérgio Y. Motoike²

¹Pesquisador Embrapa Semiárido, patricia@cpatsa.embrapa.br

²Professor Universidade Federal de Viçosa, cdcruz@ufv.br; motoike@ufv.br

Resumo: Os objetivos deste trabalho foram avaliar o comportamento agrônomo, quantificar a variabilidade e estimar as distâncias genéticas de 66 acessos de videira destinadas a elaboração de vinhos, presente no Banco de Germoplasma de Videira da EMBRAPA Semi-Árido, em Juazeiro, BA, por meio da caracterização de descritores fenotípicos de variação contínua e discreta. As técnicas multivariadas utilizadas, componentes principais, método de otimização de Tocher, e projeção gráfica das distâncias, foram eficientes no agrupamento dos genótipos mais similares, de acordo com as suas características fenotípicas. Não houve concordância na formação dos grupos pelo método de otimização de Tocher, quando foram avaliadas características morfo-agronômicas de variação contínua e discreta. A utilização de variáveis discretas permitiu a separação de *Vitis vinifera* e híbridos em grupos distintos. Correlações significativas positivas foram observadas entre peso, comprimento e largura de cachos, bem como, correlação negativa entre acidez total titulável e relação SST/ATT. 84,12% da variação total presente nos dados originais foi explicada pelos primeiros quatro componentes principais. Os resultados obtidos demonstram que existe pequena variabilidade entre os acessos de uvas para vinho no Banco de Germoplasma da Embrapa Semi-Árido.

Palavras-chave: germoplasma, videira, análise multivariada

Introdução

Os vinhos tropicais conhecidos como vinho do sol são caracterizados por vinhos jovens, frutados e aromáticos, cuja qualidade é reconhecida em competições internacionais e nos mercados mais tradicionais e exigentes. Entretanto, a vitivinicultura nesta região evoluiu em uma base genética estreita, utilizando poucas cultivares da espécie *Vitis vinifera* L., o que é preocupante porque estão sujeitos a um risco elevado de introdução de novas doenças e pragas que podem causar perdas de produção e até mesmo a destruição dos vinhedos. Estudos de diversidade genética associados à avaliação agrônoma, fornecem informações para a seleção de novas cultivares e a



sua utilização em programas de melhoramento genético.

O presente trabalho teve como objetivos avaliar o comportamento agrônômico, quantificar a variabilidade e estimar as distâncias genéticas de 66 acessos de videira para processamento do Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido.

Material e Métodos

Sessenta e seis acessos de uvas de vinho do Banco de Germoplasma de Videira da Embrapa Semi-Árido foram avaliadas no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro, BA (9o24'S, 40o26'W e 365.5m) . O clima é classificado de acordo com Koeppen, como BswH, que corresponde à quente semi-árido.

Nove descritores morfo-agronômicos foram avaliados: 1) duração do ciclo fenológico (dias); 2) produção de cachos por planta (kg); 3) número de cachos por planta; 4) massa do cacho (g); 5) comprimento do cacho (cm); 6) largura do cacho (cm); 7) teor de sólidos solúveis totais – SST (°Brix); 8) acidez total titulável – ATT (% ácido tartárico) e 9) relação SST/ATT.

As análises estatísticas multivariadas foram realizadas no programa GENES (CRUZ, 2008). As distâncias genéticas entre todos os pares de acessos foram obtidas utilizando a distância euclidiana média como medida de dissimilaridade. A análise de agrupamento foi realizada pelo procedimento de otimização de Tocher bem como pelo método dos componentes principais. Os autovetores e autovalores foram obtidos a partir da matriz de correlação de dados normalizados de valores originais. Em seguida, as diferenças entre acessos foram visualizados por meio de imagem de dispersão no espaço tridimensional.

Resultados e Discussão

A análise de agrupamento utilizando o procedimento de otimização de Tocher permitiu a formação de 12 grupos (Tabela 1). O grupo 1 foi composto por 41 acessos (62%), evidenciando uma pequena variabilidade genética entre as cultivares de uva para processamento do Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido. Noventa por cento das cultivares pertenceram a espécie *Vitis vinifera* L., no entanto, híbridos interespecíficos também foram incluídos neste grupo. A distância máxima ($d = 3,07$) foi observada entre 'Müller Thurgau' (Grupo 5) e 'Barbera' (grupo 1), enquanto que a mínima ($d = 0,24$) foi obtida entre 'Regner' e 'Romania', ambas do grupo 1. O grupo 12, representado por 'BRS Lorena', teve o ciclo fenológico mais longo, 138 dias, enquanto 'Siegerrebe'



no Grupo 9, foi a cultivar mais precoce, colhida aos 87 dias após a poda. O grupo 4 se destacou pela maior produção média por planta, e o grupo 5, pela maior dimensão dos cachos (massa, comprimento e largura), e conteúdo de sólidos solúveis totais (SST). ‘Pedro Ximenez’ no grupo 11, e ‘Campanario’ no grupo 7, apresentaram, respectivamente, o maior e o menor valores para acidez total. Por outro lado, a melhor relação SST/ATT foi observada no grupo 4. A análise de componentes principais evidenciou que quatro componentes são necessários para explicar 84,12% da variação total e foram usados para plotar os acessos no espaço tridimensional (Figura 1). O componente principal 1 explicou 36,67% da variância total e esteve associado com o tamanho do cacho. O componente 2, representou 18,66% da variância, foi associado com as características químicas da uva. O componente 3, explicou 15,99% da variância e se correlacionou com a produtividade. Finalmente, o componente principal 4, explicou 12,79% da variância total e esteve associado à maturação da uva. Fatahi et al. (2004) analisaram 90 cultivares de uva utilizando componentes principais e mencionaram que sete componentes foram necessários para explicar 81% da variância total. A avaliação de um maior número de caracteres, especialmente aqueles relacionados às características enológicas do vinho é necessário não só para uma melhor diferenciação dos grupos, mas também para fornecer um conjunto mais completo de informações para a seleção de genitores e a realização de cruzamentos em um programa de melhoramento genético.

Conclusões

- Os métodos de estatísticas multivariada de otimização de Tocher e componentes principais foram consistentes um com o outro e permitiram a separação dos acessos de acordo com características fenotípicas comuns;
- Existe pequena variabilidade genética entre os acessos de uvas para processamento, evidenciando a necessidade de enriquecimento do BAG e avaliação de outras características de qualidade enológica da uva.

Referências

CRUZ, C. D. **Programa Genes - Diversidade Genética**. Editora Viçosa: Viçosa, 2008.
FATAHI, R.; EBADI, A.; VEZVAEI, A.; ZAMANI, Z.; GHANADHA, M. R. Relationship among quantitative and qualitative characters in 90 grapevine (*vitis vinifera*) cultivars. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 640, p. 275-282, 2004.



Tabela 1. Agrupamento de acordo com o método de otimização de Tocher, baseadas em nove características agrônômicas em 66 acessos de uva para processamento, do Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido, Juazeiro, BA.

Grupos	Acessos
1	Regner, Romania, Sauvignon Blanc, Barbera, Syrah (RS), Sangeovese, Tannat, Moscato Canelli, Gamay Beaujolais, Souzao, Red Vletliner, Ancelotta, Riesling Renano, Altesse, Riesling Itálico, Grenache, Seara Nova, Tocai Fuilano, Tampa, Rubi Cabernet, Feher Szagos, Petit Verdot, Baco Blanc, Malvasia di Lipari, Trebbiano Toscano, Cabernet Sauvignon, Cinsaut, Syrah (FR), Gewurztraminer, Gamay, Periquita, Chasselas Dore, Mars, Sylvaner, Peverella, Tibouren, Lassif, BRS Rubea, Moscato Embrapa, Castelão
2	Grand Noir, Ugni Blanc, verdea, Malvasia Chartrense, Aramon, Mouverdre, malvasia Branca, Burger, Carignane, Chenin Blanc, Colombard
3	Bordô, Tempranillo
4	Flora, Tinta Roriz
5	Muller Thurgau, Palomino
6	Olivetti Noir, Riparia do Traviu
7	Campanario
8	Riesling do Reno
9	Siegerrebe
10	Royalty
11	Pedro Ximenez
12	BRS Lorena

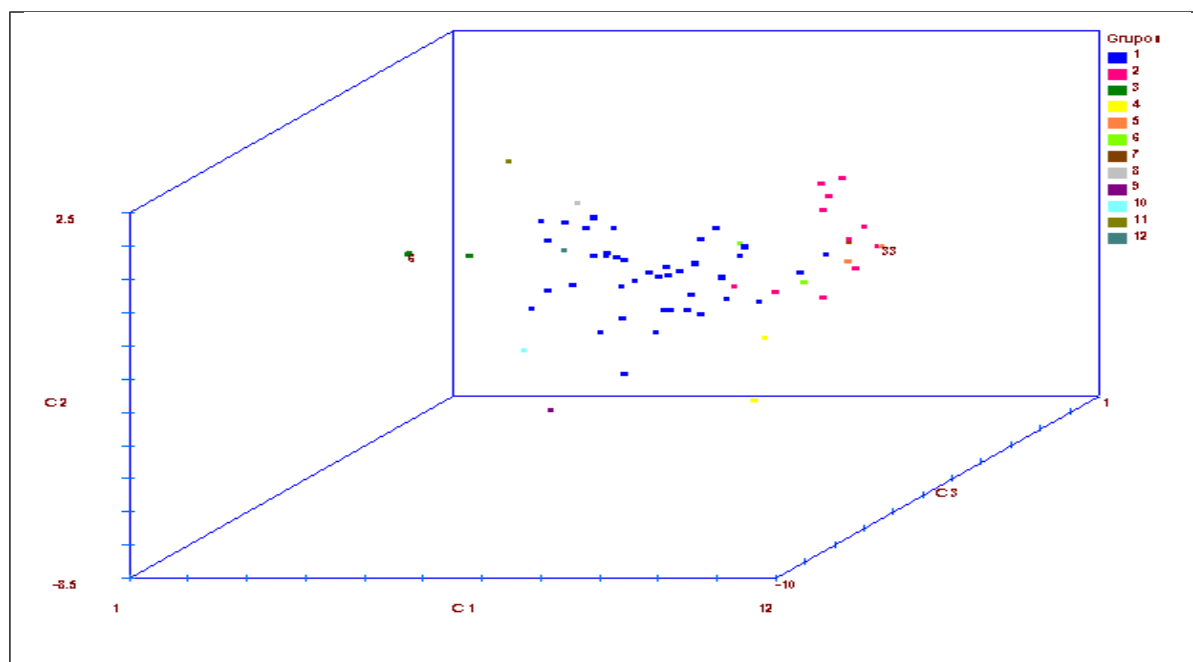


Figura 1: Dispersão gráfica de 66 acessos de uvas para processamento em relação aos componentes principais 1, 2 e 3. As cores diferenciar os grupos de acordo com análises do Tocher do agrupamento.