

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MANGUEIRA BASEADA EM CARACTERES QUALITATIVOS DO FRUTO

João Gomes da Costa¹ e Perciane Gonçalves de Sá²

Palavras-chave: *Mangifera indica* L., distância genética, variáveis multicategóricas.

INTRODUÇÃO

A determinação do grau de divergência genética em bancos de germoplasma é de grande importância, por fornecer informações sobre genitores com potencial para serem utilizados em programas de melhoramento (Cruz et al., 1994; Santos et al., 1994; Shimoya et al., 2002) e por permitir a caracterização de acessos facilitando a identificação de duplicatas.

Para a determinação da divergência genética, os métodos quantitativos (análises dialélicas) e preditivos (análises multivariadas) são comumente utilizados. A forma preditiva de determinação da divergência genética apresenta como principal vantagem o fato de não ser necessário a obtenção prévia de combinações híbridas, como ocorre em análises dialélicas. Várias são as metodologias baseadas em análises multivariadas para determinação da divergência genética sendo, a maioria delas, direcionadas para análise de caracteres quantitativos ou caracteres qualitativos binários. Entretanto, na caracterização de germoplasma, geralmente avalia-se descritores qualitativos que apresentam várias classes (multicategóricos), como por exemplo, o formato do fruto e a cor da epiderme do fruto da mangueira. Para esta situação, a utilização de matrizes de dissimilaridade a partir de dados multicategóricos e posterior realização de análise de agrupamento é a alternativa mais adequada. Coimbra et al., (2001) utilizaram esta metodologia e concluíram que a mesma foi eficiente para determinar a divergência genética em germoplasma de milho.

O objetivo deste trabalho foi determinar a divergência genética de 57 acessos de mangueira (*Mangifera indica* L.) utilizando descritores qualitativos do fruto.

MATERIAL E MÉTODOS

Os frutos analisados foram provenientes de 57 acessos pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Semi-Árido, instalado no Campo Experimental de Mandacaru, em Juazeiro - BA (latitude 9° 24' S, longitude 40° 24' O e 375,5 m de altitude). O clima desta

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

² Bolsista de iniciação científica FAPESB

região pertence ao tipo semi-árido, segundo a classificação de Köppen, cujas características para um período de 34 anos apresentou temperatura média anual de 26,3°C, precipitação pluviométrica de 570 mm, umidade relativa do ar de 61,7% .

Os acessos foram plantados em 1994, no espaçamento de 10 m x 10 m, com quatro plantas por variedade. As avaliações corresponderam à safra de 2001/2002. As características avaliadas foram: forma do fruto (FF), forma da base do fruto (FB), profundidade da cavidade peduncular (PCP), proeminência da base do pedicelo (PBP), ombro ventral (OV), ombro dorsal (OD), forma da cicatriz pistilar (BICO), profundidade da reentrância (SINUS) e ápice do fruto (API), sendo utilizados 20 frutos de cada acesso. As avaliações foram realizadas conforme IBPGR (1989). Entre os genótipos avaliados estão introduções de várias regiões do país e do exterior que no trabalho são referidos como acessos.

A análise de agrupamento foi realizada de acordo com o método de Tocher, conforme apresentado por Cruz & Regazzi (1994), sendo que as medidas de dissimilaridades utilizadas, foram obtidas através do procedimento para dados multicategóricos. Esta metodologia consiste na obtenção de um índice, onde são considerados vários caracteres simultaneamente, sendo que cada caráter pode apresentar várias classes. O índice leva em consideração a ocorrência de concordâncias e discordâncias de valores. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz, 2001)

A distância entre os genótipos i e j, não importando o número de caracteres ou classes envolvidas é dada pela seguinte fórmula:

$$D_{ij} = 1 - (CV / (CV + D)), \text{ onde;}$$

CV: Concordância de valores;

D: Discordância de valores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os grupos formados pelo método de Tocher a partir da matriz de distâncias de dissimilaridades de dados multicategóricos possibilitou a divisão dos 57 acessos em 37 grupos (Tabela 1), evidenciando a existência de ampla variabilidade entre os acessos avaliados. Verifica-se que um grupo foi formado por três acessos, 18 formados por dois acessos e 18 por apenas um acesso. Dois grupos foram formados somente por acessos provenientes do exterior (grupos 4 e 12), oito por acessos brasileiros (1, 2, 3, 5, 9, 10, 13 e 19) e 9 grupos formados por acessos brasileiros e estrangeiros (6, 7, 8, 11, 14, 15, 16, 17 e 18). A formação deste último grupo pode ser explicada pela provável hibridação do material proveniente do exterior com material local.

Na escolha de acessos para uso como parentais em programas de hibridação é recomendável o uso de materiais divergentes que possuam características agrônomicas e

comerciais importantes. Assim, entre várias possibilidades de cruzamentos promissores, podemos destacar os seguintes: acesso 10 ('Palmer') com o acesso 03 ('Maçã') e com o acesso 26 (Imperial I). O acesso 10 apesar de possuir características agrônomicas e comerciais importantes, é deficiente em relação à resistência ao transporte e à vida de prateleira. Já os acessos 03 e 26 possuem boa resistência ao transporte e à vida de prateleira e poderão contribuir com estas características nos híbridos provenientes destes cruzamentos.

A metodologia utilizada mostrou-se viável em agrupar os diferentes genótipos mediante o grau de suas distâncias genéticas a partir dos dados qualitativos do fruto. Resultados mais interessantes poderão ser alcançados com o uso de todos os descritores qualitativos normalmente empregados na caracterização de germoplasma da mangueira.

CONCLUSÃO

Verificou-se que os acessos avaliados apresentam ampla variabilidade genética e que alguns são promissores para serem utilizados em futuros trabalhos de melhoramento haja vista apresentarem caracteres complementares importantes complementares e serem bastante divergentes.

Tabela 1 – Grupos de similaridade genética entre 57 acessos de mangueira, estabelecidos pelo método de Tocher, a partir da matriz de distâncias entre variáveis multicategóricas.

Grupos	Acessos	
1	2	33
2	3	35
3	15	47
4	17	43
5	23	29
6	1	46
7	5	50
8	6	13
9	8	31
10	9	36
11	10	49
12	12	38
13	19	39
14	27	42
15	28	40
16	52	55
17	16	34
18	18	24
19	26	37
20	14	
21	51	
22	11	
23	25	
24	45	
25	21	
26	30	
27	32	
28	44	
29	48	
30	54	
31	56	
32	57	
33	4	
34	7	
35	20	
36	41	
37	53	

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

COIMBRA, R.R., MIRANDA, G.V., MOREIRA, G.R., SILVA, D.J.H., CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S., SOUZA, L.V., GUIMARÃES, L.J.M., MARCASSO, R.C., CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIRGEALC, 3., 2001, Londrina. **Anais...**Londrina: IAPAR, 2001. p.266-268.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: versão windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa:Editora UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D., CARVALHO, S.P., VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n. 234, p.183-190, 1994.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1994. 390 p.

IBPRG. Descriptors for mango. International Board for Plant Genetic Resources, Rome:FAO, 1989, 22p.

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.