

DIVERSIDADE DE LINHAGENS DE MAMOEIRO NA GERAÇÃO F_{2:4}

Vânia Jesus dos Santos de Oliveira¹; Eder Jorge de Oliveira², Jorge Luiz Loyola Dantas², Ana Cristina Vello Loyola Dantas³, Jaqueline Araujo Castro⁴, Gilmara Alvarenga Fachardo de Oliveira⁵

⁽¹⁾Doutoranda em Ciências Agrárias, CCAAB/UFRB, Campus Universitário, Cruz das Almas - BA, CEP: 44380-000 vania79br@yahoo.com.br; ⁽²⁾Pesquisadores da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Rua da Embrapa, s/n – CP007, e-mail: eder@cnpmf.embrapa.br, loyola@cnpmf.embrapa.br; ⁽³⁾Profa. Dra. CCAAB/UFRB, acloyola@ufrb.edu.br; ⁽⁴⁾Mestranda em Recursos Genéticos, CCAAB/UFRB, biojacque12@hotmail.com; ⁽⁵⁾Estudante de Biologia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: gfachardo@yahoo.com.br

INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do mamoeiro poderá contribuir substancialmente para aumentar a disponibilidade de híbridos com menor custo de aquisição de sementes, maior produtividade, melhoria na qualidade e no aspecto do mamão, permitindo a obtenção de um produto final de melhor qualidade, com redução dos custos de produção e garantia de maior competitividade evitando-se o caráter itinerante que caracteriza a cultura.

A obtenção de linhagens de mamoeiro é um foco do melhoramento com vistas à obtenção de novos híbridos. Neste caso, populações segregantes são geradas e os genótipos com características superiores são autofecundados até homozigose na maioria dos locos. A identificação dos melhores genótipos é feita com teste de progênies para a seleção das linhagens promissoras, que constituirão o banco de linhas puras. Neste sentido, a homozigosidade das plantas deve estar associada à diversidade de linhagens para obtenção de bons híbridos. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar a diversidade genética de 41 linhagens superiores de mamoeiro na geração F_{2:4}, com o uso de características agrônômicas e de qualidade de frutos.

MATERIAS E MÉTODOS

Foram avaliadas 39 linhagens de mamoeiro e duas variedades comerciais, como testemunhas (Sunrise Solo e Tainung nº1). O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com três repetições, e parcela de quatro plantas. O experimento foi instalado na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, em Cruz das Almas (BA). Os caracteres analisados foram: altura dos primeiros frutos (AF), altura da planta (AP),

diâmetro do caule (DC), número de frutos comerciais (FC), número de frutos deformados (FD), número de nós sem fruto (NF); comprimento de fruto (CF), em cm; diâmetro de fruto (DF) em cm; peso do fruto (PF), em gramas; sólidos solúveis totais (SS), em °Brix; firmeza (FF), em kg/cm². Após a obtenção da matriz de distância, os acessos foram agrupados pelos métodos de Ligação Simples, Ligação Completa, Método de Ward e pelo UPGMA. As variáveis contínuas e discretas foram avaliadas simultaneamente com o Ward-MLM, procedimento para a formação de grupos de adesão, e o agrupamento realizado de acordo com procedimento IML do programa SAS (SAS Institute, 2000). A diferença entre os grupos e a correlação das variáveis com a variável canônica foi representada graficamente através do procedimento CANDISC do programa SAS (SAS Institute, 2000).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O critério de pseudo-F e pseudo-t2 indicaram quatro como sendo o número ideal de grupos. A menor dissimilaridade entre estes grupos foi observada para G1 e G4 e a maior dissimilaridade entre os grupos G2 e G3. (Tabela 1).

Tabela 1. Medida de dissimilaridade obtida a partir da distância de Mahalanobis entre os 41 acessos de mamoeiro.

Grupos	G1	G2	G3	G4
G1	0	3,94982	4,39807	1,42316
G2	3,94982	0	6,63235	2,66961
G3	4,39807	6,63235	0	4,16007
G4	1,42316	2,66961	4,16007	0

O grupo 1 foi formado por 17 acessos, o grupo 2 por 6, o grupo 3 por 11 e o grupo 4 por 7 acessos (Figura 1). Este método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Além disso, é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que os intergrupos (Cruz & Regazzi, 2001). Desta forma, a formação destes grupos representa valiosa informação na escolha de genitores para obtenção de novos híbridos de mamoeiro.

As variáveis canônicas mostram a relação entre os grupos e entre os acessos dentro do grupo. As melhores correlações das variáveis com a primeira variável canônica foram número de frutos comerciais, número de nós sem fruto e comprimento do fruto e, com a segunda variável canônica, comprimento, diâmetro e peso do fruto, com correlações de 0,549248, 0,542059 e 0,582208, respectivamente (Tabela 2). Para o grupo 1, 2 3 e 4 as

variáveis números de frutos comerciais e o peso do fruto contribuíram para maior divergência dentro de cada grupo por apresentar as maiores médias.

Tabela 2. Médias das variáveis quantitativas para cada um dos três grupos formados e a contribuição das características para a primeira e segunda variável canônica em linhagens F_{2:4} de mamoeiro.

Variáveis	Grupos				Variáveis Canônicas	
	G1	G2	G3	G4	Can1	Can2
NFC	38,64	31,66	479.091	317.143	-0,65463	-0,132436
AF	2,9	2,67	2.686	28.557	0,063410	0,280266
NFD	4,17	2,5	20.909	15.714	0,063139	0,250987
FN	11,17	12,33	108.182	105.714	0,099211	-0,100721
CF	20,09	20,15	132.909	222.143	0,784224	0,549248
DF	9,61	9,41	7,8	105.143	0,618196	0,542059
PF	845,5	776,38	381,9	1.247	0,594288	0,582208
SST	9,97	9,87	12,17	10,69	-0,483497	-0,247985
FIRM	4,02	6,61	39.745	51.129	0,547142	-0,464124

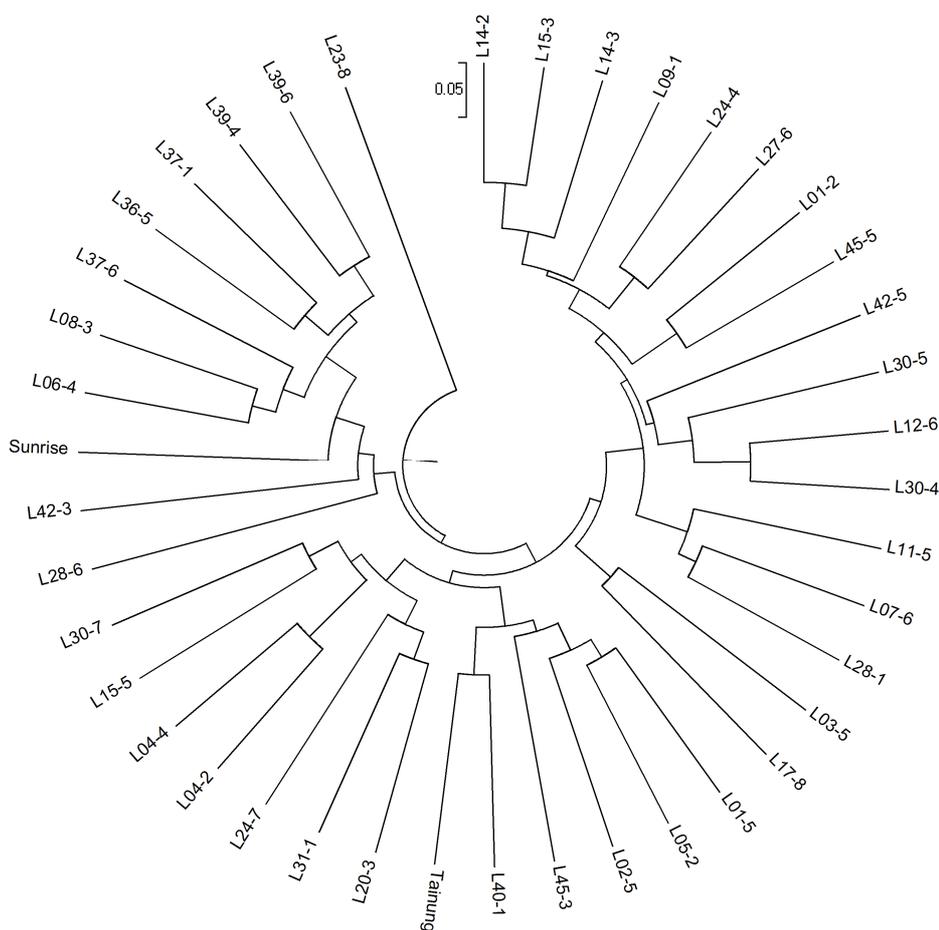


Figura 1. Dendrograma baseado na distância de Gower e método de agrupamento na análise de nove variáveis quantitativas em 41 acessos de mamoeiro.

Considerando o valor médio da distância de Gower como ponto de corte para definição dos agrupamentos, foram obtidos seis grupos de dissimilaridade (Figura 1). O grupo **1** foi formado pelos acessos CMF-L01-2, CMF- L03-5, CMF- L07-6, CMF- L09-1, CMF- L11-5, CMF- L12-6, CMF- L14-2, CMF- L14-3, CMF- L15-3, CMF- L17-8, CMF- L24-4, CMF- L27-6, CMF- L28-1, CMF- L30-4, CMF- L30-5, CMF- L42-5, CMF- L45-5; o grupo **2** pelos acessos CMF- L04-2, CMF- L04-4, CMF- L15-5, CMF- L23-8, CMF- L24-7, CMF- L31-1; o grupo **3** pelo acesso CMF- L06-4, CMF- L08-3, CMF- L20-3, CMF- L28-6, CMF- L36-5, CMF- L37-1, CMF- L37-6, CMF- L39-4, CMF- L39-6, CMF- L42-3, Sunrise Solo ; o grupo **4** pelo acesso CMF- L01-5, CMF- L02-5, CMF- L05-2, CMF- L30-7, CMF- L40-1, CMF- L45-3 e Tainung F₁.

CONCLUSÃO

As linhagens F_{2.4} de mamoeiro apresentam suficiente divergência genética para futuras indicações de uso per se ou na produção de novos híbridos de mamoeiro, de forma a direcionar os cruzamentos e a resposta heterótica.

AGRADECIMENTOS

À Fapesb e ao CNPq pelo auxílio financeiro e concessão das bolsas de estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, 2001. 390p.

SAS INSTITUTE INC. SAS/STAT User's Guide. v. 8.0. Vols. I, II and III. Cary NC: SAS Institute, Inc., 2000.