

Divergência fenotípica de uvas de mesa utilizando caracteres morfo-agronômicos no Vale do São Francisco

Bruna Thais Gonçalves Nunes¹; Jéssica Islane de Souza Rego¹; José Henrique Bernardino do Nascimento¹; Emille Mayara Carvalho de Souza² e Patrícia Coelho de Souza Leão³.

¹Estudante de Biologia, UPE, Petrolina, PE, estagiário da Embrapa Semiárido. ² Estudante de Biologia, UPE, Petrolina, PE, bolsista CNPq/PIBIC Embrapa Semiárido. ³Eng^a Agrônoma, D.Sc. Melhoramento Genético/Fitotecnia, Pesquisadora da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, patricia.leao@embrapa.br.

Palavras chave: videira; variabilidade; recursos genéticos; análises multivariadas.

Introdução

Uma condição básica para que um programa de melhoramento genético obtenha sucesso é a existência de variabilidade genética na população, agregada à média elevada das características avaliadas. Essas características permitem a seleção de genótipos superiores e possibilitam o aumento da frequência de genes favoráveis através de métodos de seleção ajustados, proporcionando a obtenção de materiais genéticos adaptados às condições ambientais predominantes para cada região produtora.

Para determinar quão distante geneticamente uma população é de outra, são utilizados métodos biométricos, os quais são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de características extraídas das unidades experimentais, oferecendo ao melhorista maior oportunidade de escolha de genitores divergentes (Ivoglio, 2008).

A importância da análise de variáveis morfológicas para a determinação da variabilidade em videira vem sendo feitas para identificação de diversidade dentro e entre espécies em diferentes coleções e bancos de germoplasma. Estudos de divergência genética entre os acessos de videira do Banco de Germoplasma da Embrapa Semiárido foram previamente realizados por Borges et al. (2008) e Leão et al. (2010; 2011), trabalhando com diferentes conjuntos de genótipos e dados médios de diferentes ciclos de produção. Os resultados obtidos demonstraram a presença de pequena variabilidade genética entre os genótipos para processamento (Leão et al; 2010) e variabilidade intermediária entre aqueles de uvas de mesa (Borges et al., 2008). Estes autores identificaram genótipos mais divergentes que permitiu a orientação de cruzamentos.

O objetivo do presente trabalho foi estudar a divergência genética de 152 acessos de uvas de mesa do Banco de Germoplasma de Videira da Embrapa Semiárido, tendo em vista a caracterização da variabilidade genética e a identificação de genótipos mais divergentes.

Material e Métodos

Foram avaliados 152 acessos de uvas de mesa (*Vitis* spp.) procedentes do Banco de Germoplasma (BAG) de Videira da Embrapa Semiárido. O BAG está localizado no Campo Experimental de Mandacaru em Juazeiro, BA (9°24"S, 40°26"O e 365,5m de altitude). Cada acesso é composto por quatro plantas que são conduzidas em cordão bilateral, realizando-se duas podas anuais alternadas em podas curtas que consiste em esporões com duas gemas e podas longas onde são mantidas varas com 6 a 8 gemas.

Foram obtidos dados médios de quatro plantas durante 22 ciclos de produção no período de 2002 a 2014, em relação a onze características morfo-agronômicas de variação contínua. As características descritas foram escolhidas na lista de descritores do International Plant Genetic Resources Institute (1997), pela sua importância agrônoma e comercial foram: produção de cachos por planta (PR) e número de cachos por planta (NC), obtidos pela média de quatro plantas por acesso; massa (MC), comprimento (CC) e largura do cacho (LC), determinados em uma amostra de 5 cachos por planta; massa (MB), comprimento (CB) e diâmetro de bagas (DB), determinado em uma amostra de 50 bagas por planta; teor de sólidos solúveis totais (SS) e acidez total titulável (AT), obtidos pelo mosto de 50 bagas por planta e relação SS/AT.

Para a obtenção das estimativas, utilizaram-se a análise da divergência genética por componentes principais e distância euclidiana média, calculada com os dados padronizados. A análise de agrupamento foi realizada pelos métodos de otimização de Tocher e ligação média entre grupos (UPGMA). A importância relativa dos caracteres empregados na discriminação dos grupos foi avaliada utilizando-se o critério de peso das variáveis nos autovetores. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

Houve a formação de sete grupos pelo método de otimização de Tocher, o grupo 1 agrupou 88,2% dos acessos, por sua vez, os grupos 2, 3 e 4, concentraram respectivamente 6,6%, 2,0% e 1,3%, enquanto

os grupos 5, 6 e 7 foram compostos por apenas um acesso cada (0,66% dos acessos). Não foi possível observar uma tendência para a formação dos grupos, embora no grupo 2 tenham sido agrupados genótipos que apresentam como característica comum o tamanho grande da baga, e o grupo 4 foi composto por dois híbridos interespecíficos do Instituto Agronômico de Campinas que tem o híbrido Seibel como parental comum entre eles. Por outro lado, no grupo 3 foram agrupados três híbridos interespecíficos de genealogias e origens geográficas muito distintas entre si ('BRS Isis', 'Igwawa' e 'Black Magic').

O dendrograma obtido a partir da matriz de dissimilaridade dos dados pelo método UPGMA permitiu a formação de seis grupos quando se considerou uma distância genética de 0,24 (60%) no ponto de corte, valor similar ao da média das distâncias euclidianas que foi de 0,26. Foram formados dois grandes grupos com 76 e 72 acessos cada um. Três genótipos, 'Neptune', 'BRS Vitória' e 'Igwawa' foram isolados, enquanto um outro grupo foi composto pelos genótipos 'Itália clone 1' e 'Dona Maria'.

A análise das distâncias genéticas entre os pares de acessos permite a identificação dos mais divergentes, que se complementam com as informações do desempenho agronômico para a tomada de decisão em relação às melhores combinações para cruzamentos. Deste modo, a distância euclidiana máxima foi de 0,60, sendo 'Concord clone 1' e 'Italia clone 1', os genótipos mais divergentes, enquanto 'Benitaka' e 'Brasil', que constituem clones da cultivar Italia, foram os mais próximos geneticamente, com distância de apenas 0,036. Considerando, a análise das distâncias entre pares de acessos, foi possível identificar àqueles mais divergentes para um grupo de genótipos de uvas sem sementes ('A1105', 'A Dona', BRS Clara, BRS Linda, BRS Isis, BRS Vitória, C 102.295 Moscatuel, CG 351 Arizul, Jupiter e Marroo Seedless) que tem se destacado em relação às suas características agronômicas, especialmente produção e fertilidade de gemas, o que é útil para o planejamento dos cruzamentos no programa de melhoramento.

Quando se utilizou a análise multivariada por componentes principais, a maior parte da variabilidade foi retida nos quatro primeiros componentes principais que explicaram 80,74% da variância. O componente principal 1 (CP 1), representou 43,60% da variância total, enquanto o CP 2 representou 15,12% da variância total e as variáveis número de cachos e comprimento de baga foram àquelas com maior peso nestes componentes. A dispersão gráfica dos acessos com base nos dois primeiros componentes principais permitiu alguma coincidência com os grupos estabelecidos pelo método de Tocher e UPGMA, especialmente para os genótipos mais isolados e distantes do grande grupo. Independentemente do método utilizado para análise da divergência genética, os resultados obtidos demonstram pequena variabilidade entre os acessos de uvas de mesa do BAG da Embrapa Semiárido, o que já havia sido observado por Borges et al. (2008) trabalhando com 58 acessos de uvas de mesa deste BAG, mas diferiu dos resultados obtidos por Leão et al. (2011) que encontrou a formação de 30 grupos pelo método de otimização de Tocher. Entretanto, os trabalhos previamente publicados sobre estudos de divergência genética de uvas de mesa deste BAG consideraram dados médios de apenas quatro ciclos, enquanto estes resultados consideraram médias de 22 ciclos de produção.

Diferente dos resultados obtidos previamente por Leão et al (2011), correlações positivas e significativas foram encontradas entre variáveis relacionadas ao tamanho do cacho e tamanho de baga. A massa do cacho apresentou correlação elevada com largura ($r=0,82$) e comprimento do cacho ($r=0,79$), enquanto a massa da baga apresentou correlação elevada com diâmetro ($r=0,92$) e comprimento de baga ($r=0,86$). A variável produção apresentou maior correlação com número de cachos ($r=0,66$).

Conclusão

Considerando-se os resultados obtidos pela análise de componentes principais e correlações, a variável massa de baga poderia ser dispensada na avaliação das características morfo-agronômicas, o que está de acordo com trabalhos anteriores realizados neste Banco de Germoplasma (Leão et al., 2011).

Referências

- CRUZ, C.D. Programa Genes: Diversidade Genética. Editora UFV. Viçosa (MG). 278p. 2008.
- IVOGLO, M. G.; FAZUOLI, L. C.; OLIVEIRA, A. C. B. D.; GALLO, P. B.; MISTRO, J. C.; SILVAROLLA, M. B.; TOMA-BRAGHINI, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. **Bragantia**, v. 67, n. 4, p. 823-831. 2008.
- BORGES, R. M. E.; GONÇALVES, N. P. S.; GOMES, A. P. O.; ALVES, E. O. Divergência fenotípica entre acessos de uvas de mesa no Semi-Árido brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 8, p. 1025-1030. 2008
- LEÃO, P. C. de S., CRUZ, C. D., MOTOIKE, S. Y. Genetic diversity of table grape based on morphoagronomic traits. **Scientia Agricola**, v. 68, p. 42 - 49. 2011.
- LEÃO, P. C. de S., CRUZ, C. D., MOTOIKE, S. Y. Genetic diversity of a Brazilian wine grape germplasm collection based on morphoagronomic traits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, p. 1164 - 1172. 2010.