

Diversidade genética e eficiência da predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.)

Valter Rodrigues Oliveira¹, Carlos Alberto Scapim^{1*} e Vicente Wagner Dias Casali²

¹Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, 5790, 87020-900, Maringá-Paraná, Brazil.

²Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Av. P. H. Rolfs, s/n, 36571-000, Viçosa-Minas Gerais, Brazil.

*Author for correspondence.

RESUMO. A diversidade genética entre seis linhagens de pimentão, em relação a oito características de crescimento e nutricionais, foi avaliada por meio de técnicas de análise multivariada (distâncias D_{ii}^2 de Mahalanobis, agrupamento pelo método de Tocher e análise por variáveis canônicas). Com base nas distâncias D_{ii}^2 estimadas, avaliou-se também a relação entre a dissimilaridade genética predita e a média de matéria seca total, a heterose em relação à média dos progenitores e à capacidade específica de combinação dos híbridos F_1 , por meio dos coeficientes de correlação de Pearson e Spearman. Houve manifestação de ampla variabilidade genética, destacando-se as linhagens P-141-152-F14, P-142-403-F11 e P-141-190-F16 pela dissimilaridade entre si e em relação ao conjunto. Coeficientes de correlação positivos ($>0,50$) e significativos ($P<0,05$) foram obtidos entre D_{ii}^2 e a heterose média e a capacidade específica de combinação, indicando que a utilização da distância genética, predita por procedimentos multivariados, constitui-se numa eficiente estratégia para a escolha de combinações promissoras em programas de melhoramento.

Palavras-chave: capacidade específica de combinação, diversidade genética, heterose, pimentão.

ABSTRACT. Genetic diversity and efficiency in predicting sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) hybrids behavior. The genetic diversity among six sweet pepper lines in relation to eight growth and nutritional traits was evaluated by multivariate analysis techniques (Mahalanobis' D_{ii}^2 distances, Tocher's grouping analysis and dispersion graphic analysis). Based on the D_{ii}^2 distances estimated, the relation between predicted genetic dissimilarity and the hybrid total dry matter mean, heterosis and specific combining ability in the F_1 hybrids, was also evaluated by Pearson's and Spearman's correlation coefficients. There was a wide genetic variability, evidencing the lines P-141-152-F14, P-142-403-F11 and P-141-190-F16 by dissimilarity between themselves and in relation to the group. Positive ($>0,50$) and significant correlation coefficients ($P<0,05$) were detected between D_{ii}^2 and heterosis and specific combining ability, indicating that the genetic distance, estimated by multivariate procedure, is a highly efficient methodology for choosing promising combinations in breeding programs.

Key words: genetic diversity, heterosis, specific combining ability, sweet pepper.

A análise de diversidade genética, por meio de métodos preditivos, tem sido enfatizada como critério para a escolha de progenitores para programas de melhoramento (Cruz e Regazzi, 1994). Em hortaliças, a utilização de tais métodos tem sido relatada em tomate (Maluf *et al.*, 1983; Amaral Júnior, 1996), feijão-de-vagem (Maluf e Ferreira, 1983), cubiú (Silva *et al.*, 1996), pimenta silvestre (Schuelter, 1996) e pimentão (Miranda *et al.*, 1988; Babu e Varalakshmi, 1991; Moura, 1996),

entre outras espécies. A importância da diversidade genética está no fato de que cruzamentos que envolvem progenitores geneticamente dissimilares (com diferenças nas frequências alélicas) são os mais convenientes para produzir elevado efeito heterótico na progênie e maior variabilidade genética em gerações segregantes (Falconer, 1987).

Para a quantificação da diversidade, têm sido amplamente utilizados métodos preditivos, que se fundamentam nas diferenças agrônômicas e/ou

morfológicas ou, ainda, bioquímico-fisiológicas entre os genótipos. A grande vantagem destes métodos é a desnecessidade de obtenção prévia das combinações híbridas que, em certas situações, são difíceis, como no caso de se dispor de um número elevado de genótipos para avaliação ou haver dificuldades na prática da hibridação artificial (Maluf et al., 1983; Miranda et al., 1988; Cruz e Regazzi, 1994). Dentre os métodos preditivos, destacam-se vários procedimentos estatísticos multivariados; por exemplo, a análise de agrupamento pelo método de Tocher, estimada a partir de medidas de dissimilaridade (distância D_{ii}^2 de Mahalanobis e/ou distâncias euclidianas) e a análise por variáveis canônicas. A escolha do método irá depender da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade de análise e da forma como os dados forem obtidos (Miranda et al., 1988; Cruz e Regazzi, 1994).

A eficiência dos métodos preditivos, no entanto, depende da estreita relação entre a diversidade genética predita e a heterose manifestada. Neste aspecto, coeficientes de correlação positivos e de elevada magnitude entre as medidas de diversidade e a heterose e/ou a capacidade específica de combinação são indicativos da eficiência da predição do comportamento dos híbridos. Concordância satisfatória entre a diversidade dos progenitores e a heterose nos híbridos já foi relatada em tomate (Maluf et al., 1983; Amaral Júnior, 1996), em feijão (Ghaderi et al., 1984) e em milho (Cruz et al., 1994). Em pimentão, embora tenha-se verificado coeficiente de correlação positivo entre a diversidade genética, medida pela distância D_{ii}^2 de Mahalanobis e a heterose para produtividade de frutos, tal estimativa foi de magnitude relativamente baixa ($\leq 0,43$) (Miranda et al., 1988).

No presente trabalho, objetivou-se avaliar a diversidade genética entre linhagens de pimentão, com base em características de crescimento e nutricionais, por meio de procedimentos multivariados, bem como avaliar a eficiência da predição do comportamento híbrido pela diversidade genética entre os progenitores.

Material e métodos

Seis linhagens de pimentão (*Capsicum annuum* L.) (P-141-150-F10, P-141-152-F14, P-141-190-F16, P-142-215-F15, P-142-270-F12 e P-142-403-F11) da coleção de *Capsicum* do Banco de Germoplasmas de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), selecionadas com base na tolerância à baixa disponibilidade de P no solo e seus respectivos híbridos F_1 e recíprocos, foram avaliados em casa de vegetação, no Município de Viçosa, MG, Brasil, no

período de fevereiro a maio de 1996, em vasos com 2,45 dm³ de solo, classificado como latossolo variação UNA (LU).

O solo, após seco ao ar, destorroado, passado em peneira com malhas de 4 mm e homogeneizado, recebeu uma adubação básica de macro e micronutrientes, composta de 200 mg.dm⁻³ P (superfosfato triplo), 100 mg.dm⁻³ N (NH₄NO₃), 160 mg.dm⁻³ K (K₂SO₄), 80 mg.dm⁻³ S (K₂SO₄, MgSO₄.7H₂O, ZnSO₄.7H₂O, CuSO₄), 0,81 mg.dm⁻³ B (H₃BO₃), 1,33 mg.dm⁻³ Cu (CuSO₄), 3,66 mg.dm⁻³ Mn (MnCl₂.4H₂O), 0,15 mg.dm⁻³ Mo ((NH₄)₆Mo₇O₂₄.4H₂O) e 4,00 mg.dm⁻³ Zn (ZnSO₄.7H₂O). Uma relação Ca:Mg de 2:1, em equivalente foi fornecida, utilizando-se como fonte de Ca, além do superfosfato triplo, o CaCl₂.2H₂O. Como fontes de Mg utilizaram-se o MgSO₄.7H₂O e o MgCl₂.6H₂O. O nitrogênio foi fornecido, na sua totalidade, em cobertura, em aplicações com intervalos médios de 10 dias, com início aos 15 dias da semeadura.

Durante o ensaio, a umidade do solo foi mantida em torno de 85% da capacidade de campo, controlada por meio de pesagens dos vasos a intervalos de quatro dias. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados, com quatro repetições. A unidade experimental foi composta de três vasos, com uma planta em cada vaso, totalizando 432 vasos.

As plantas, colhidas aos 65 dias após a germinação, foram separadas em folhas, caules e raízes, secas em estufa com ventilação forçada a 70°C até peso constante, pesadas, moídas e submetidas à análise de P, colorimetricamente, pelo método da redução do fosfomolibdato pela vitamina C, descrito por Braga e Defélipo (1974).

As características avaliadas foram: matéria seca total, em g/planta, obtida pela soma das matérias secas de raiz, caule e folhas; razão entre as matérias secas da raiz e da parte aérea; altura da planta, em cm, medida do nível do solo ao ponto mais alto da planta; diâmetro do caule, em mm, medido próximo ao nível do solo; porcentagem de P na folha; porcentagem de P no caule; porcentagem de P na raiz e conteúdo de P total na planta, em mg/planta.

A diversidade genética entre as linhagens foi determinada por meio da técnica multivariada denominada análise de agrupamento, utilizando-se o método de otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (1994). Para a aplicação desta metodologia, inicialmente procedeu-se à estimação da distância D_{ii}^2 de Mahalanobis, que é uma medida de dissimilaridade entre linhagens. De posse deste conjunto de distâncias, as linhagens foram reunidas em grupos, cujo procedimento de análise adota o critério de a distância

média intragrupo ser inferior a quaisquer distâncias intergrupos. O valor médio máximo da distância intragrupo foi estabelecido como sendo o valor máximo de D_{ii}^2 , obtido no conjunto de menores distâncias envolvendo cada linhagem. Adicionalmente, a diversidade entre as linhagens foi avaliada em gráficos de dispersão, a partir dos escores das duas primeiras variáveis canônicas, conforme descrito por Cruz e Regazzi (1994).

Estimaram-se também, para a matéria seca total, a heterose em relação à média das linhagens parentais e à capacidade específica de combinação entre as mesmas. A heterose, expressa em porcentagem, foi obtida por meio da expressão: $Hmp(\%) = \{[\bar{F}_i - (\bar{P}_i + \bar{P}_j)/2] / [(\bar{P}_i + \bar{P}_j)/2]\} \times 100$,

em que \bar{F}_i é a média do híbrido e \bar{P}_i e \bar{P}_j são as médias da i-ésima e j-ésima linhagens parentais, respectivamente. A capacidade específica de combinação entre as linhagens foi estimada, empregando-se o método 1, modelo estatístico 1 de análise dialélica proposta por Griffing (1956).

Os graus de concordância entre as estimativas da dissimilaridade genética, quantificada pela distância generalizada de Mahalanobis e as médias de matéria seca total dos híbridos, as heteroses em relação à média dos pais e às capacidades específicas de combinação foram avaliados pelos coeficientes de correlação de Pearson e Spearman.

Resultados e discussão

As análises de variância das oito características avaliadas nas seis linhagens parentais estão apresentadas na Tabela 1. Os resultados mostram a ocorrência de diferenças significativas entre médias de linhagens para todas as características. A grande variabilidade observada entre os genótipos já era esperada, uma vez que tais linhagens divergem com relação à produção e à qualidade de frutos, características morfológicas, bem como em relação à tolerância à baixa disponibilidade de fósforo no solo (Oliveira, 1997). Quanto a este último aspecto, o grupo tolerante, formado pelas linhagens P-141-152-F14, P-142-215-F15 e P-142-403-F11, absorveu 2,3 vezes mais P do solo do que o intolerante,

formado pelas linhagens P-141-150-F10, P-141-190-F16 e P-142-270-F12.

As distâncias genéticas entre pares de linhagens, medidas pela estatística D_{ii}^2 de Mahalanobis, considerando as oito características avaliadas, indicaram os pares 1 (P-141-150-F10) e 5 (P-142-270-F12); e 2 (P-141-152-F14) e 4 (P-142-215-F15), como os de menores distâncias e o par 4 (P-142-215-F15) e 5 (P-142-270-F12) como o de maior distância (Tabela 2). Enquanto os pares 1 (P-141-150-F10) e 5 (P-142-270-F12); e 2 (P-141-152-F14) e 4 (P-142-215-F15) pertencem aos grupos de linhagens intolerante e tolerante, respectivamente, o par 4 (P-142-215-F15) e 5 (P-142-270-F12) contém um representante do grupo tolerante (P-142-215-F15) e outro do grupo intolerante (P-142-270-F12). Analisando no sentido das maiores distâncias médias em relação ao conjunto de genótipos, destacaram-se as linhagens 2 (P-141-152-F14), 6 (P-142-403-F11) e 3 (P-141-190-F16), com médias de D_{ii}^2 iguais a 94,87, 89,87 e 89,07, respectivamente.

Na Tabela 3 e Figura 1, estão apresentados, respectivamente, os resultados da análise de agrupamento pelo método de Tocher, com base nas distâncias D_{ii}^2 de Mahalanobis, e a dispersão gráfica dos genótipos, com base nas duas primeiras variáveis canônicas. De forma geral, a interpretação da diversidade genética a partir do agrupamento e pela dispersão em sistemas de coordenadas são concordantes. Esta coerência certamente está associada ao fato de as duas primeiras variáveis canônicas, utilizadas como eixos do sistema cartesiano, envolverem 89,44% da variação total disponível entre as linhagens. Pelo método de otimização de Tocher, indivíduos pertencentes a um mesmo grupo são mais homogêneos do que indivíduos de grupos distintos, enquanto, pela disposição no gráfico, indivíduos pouco distanciados são menos dissimilares do que os amplamente distanciados. O posicionamento espacial da linhagem 3 (P-141-190-F16) (Figura 1) é coerente com a disposição desta em grupo isolado (Tabela 3), destacando-se, por ambas as metodologias, como a mais dissimilar em relação ao conjunto.

Tabela 1. Resumo da análise de variância da matéria seca total (MST), razão raiz/parte aérea (RRPA), altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), porcentagem de P na folha (PF), porcentagem de P no caule (PC), porcentagem de P nas raízes (PR) e conteúdo de P total na planta (CPP) e médias dos grupos de linhagens tolerante e intolerante à baixa disponibilidade de P no solo

FV	GL	Quadrados médios							
		MST g/planta	RRPA g/g	AP cm	DC mm	PF %	PC %	PR %	CPP mg/planta
Blocos	3	368,83	5,18	7,57	22,93	1,64	10,15	26,23	1041,94
Linhagens	5	220,56**	80,87**	3,66**	19,28**	23,02**	36,69**	74,85**	848,20*
Resíduo	15	26,02	8,10	0,51	1,76	2,13	5,74	15,98	205,73
CV (%)		28,63	8,99	11,07	6,44	10,69	14,79	19,33	50,37
Média tolerante		0,240	0,339	7,24	2,23	0,125	0,138	0,204	0,398
Média Intolerante		0,117	0,294	5,60	1,89	0,148	0,186	0,209	0,171

* e ** Significativo, pelo teste F, em 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; Linhagens tolerantes: P-141-152-F14, P-142-215-F15 e P-142-403-F11; Linhagens intolerantes: P-141-150-F10, P-141-190-F16 e P-142-270-F12

Tabela 2. Distâncias de Mahalanobis (D_{ii}^2) entre pares de linhagens, médias da matéria seca total dos híbridos (MST), heteroses em relação à média dos pais (h_{ii}), capacidades específicas de combinação (s_{ii}) e coeficientes de correlação de Pearson e Spearman entre as distâncias genéticas e as médias dos híbridos, heteroses médias e capacidades específicas de combinação

Linhagens ^{1/}	D_{ii}^2 -	MST g/planta	h_{ii} -	s_{ii} -
1 e 2	169,478	0,350	97,70	5,16
1 e 3	92,864	0,191	43,60	2,19
1 e 4	62,173	0,275	58,00	2,43
1 e 5	35,920	0,113	22,80	-0,90
1 e 6	59,823	0,215	38,70	-2,24
2 e 3	72,142	0,254	19,20	-5,07
2 e 4	35,951	0,487	92,50	10,21
2 e 5	57,706	0,229	33,90	-2,84
2 e 6	139,096	0,474	101,70	10,23
3 e 4	61,986	0,132	-37,10	-12,48
3 e 5	59,806	0,118	-7,80	-1,08
3 e 6	158,543	0,415	117,30	17,15
4 e 5	181,120	0,351	108,90	14,16
4 e 6	43,149	0,269	15,90	-5,54
5 e 6	48,778	0,099	-34,00	-9,72
r^2	Pearson	0,53*	0,71**	0,69**
	Spearman	0,45ns	0,62**	0,54*

1/ - 1 (P-141-150-F10), 2 (P-141-152-F14), 3 (P-141-190-F16), 4 (P-142-215-F15), 5 (P-142-270-F12) e 6 (P-142-403-F11); 2/ - r = coeficiente de correlação; * e ** - significativos pelo teste t, em 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; ns - não significativo pelo teste t, em 5% de probabilidade

Tabela 3. Agrupamento dos genótipos de pimentão pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis

Grupos	Genótipos
1	1 (P-141-150-F10); 5 (P-142-270-F12); 6 (P-142-403-F11)
2	2 (P-141-152-F14); 4 (P-142-215-F15)
3	3 (P-141-190-F16)

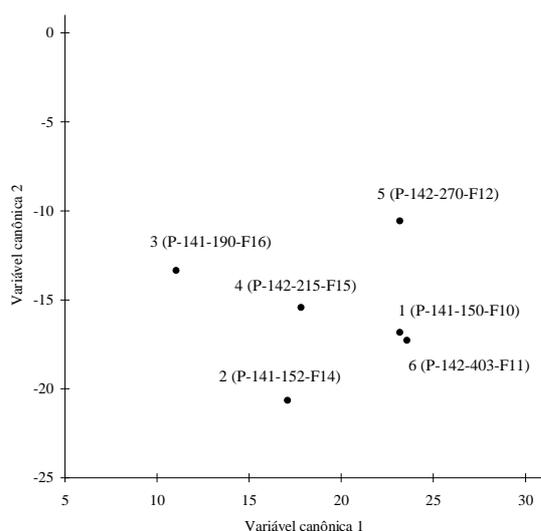


Figura 1. Dispersão das linhagens de pimentão em relação às duas primeiras variáveis canônicas

A diversidade genética tem sido enfatizada como um critério importante para a seleção de parentais

em programas de hibridação, pois é indicativo de elevado efeito heterótico na progênie resultante e de maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz e Regazzi, 1994). Na Tabela 2, estão apresentados os coeficientes de correlação de Pearson e Spearman entre as distâncias D_{ii}^2 estimadas entre os progenitores e as médias de matéria seca total dos híbridos, as heteroses em relação à média dos pais e às capacidades específicas de combinação. Os coeficientes de correlação, além de positivos, foram significativos, à exceção do coeficiente de Spearman entre D_{ii}^2 e as médias de matéria seca total. As diferenças nos valores das correlações devem-se ao fato de esses três fenômenos (média, heterose média e capacidade específica de combinação) relacionarem-se, geneticamente, de maneira diferente com a diversidade genética dos progenitores. Tomando-se apenas os cinco pares de progenitores com maiores estimativas de D_{ii}^2 (4x5, 1x2, 3x6, 2x6 e 1x3), quatro (2x6, 3x6, 4x5 e 1x2), embora não na mesma ordem de magnitude, foram os de maiores médias, de maiores heteroses e de maiores estimativas de capacidades específicas de combinação, resultando numa taxa de coincidência entre o predito e o observado de 80%. Estes resultados mostram que a dissimilaridade genética foi uma boa preditora do vigor híbrido e asseguram que a escolha de progenitores para cruzamento, com base em estudo de diversidade genética, é de fidedigna confiabilidade. Coeficientes de correlação positivos, mas de pequena magnitude ($\leq 0,43$), entre diversidade e a heterose média e a diversidade e a média de produção de frutos nos híbridos de pimentão, foram relatados por Miranda *et al.* (1988). Em contrapartida, coeficientes de correlação de 0,72 entre a diversidade e a heterose média para a produção de frutos em híbridos de tomateiro foram verificados por Maluf *et al.* (1983). Amaral Júnior (1996), também em tomateiro, constatou correlações superiores a 0,50 entre D_{ii}^2 e a média de produção de frutos, a heterose média e a capacidade específica de combinação.

Conforme Maluf *et al.* (1983), a grande utilidade das medidas de dissimilaridade genética como preditoras do valor do híbrido está no fato de que no início de programas de melhoramento, em que se dispõe de um grande número de genótipos, a escolha de progenitores para hibridação, ao invés de aleatória, poderia ser realizada por meio de um estudo de diversidade genética, limitando-se os cruzamentos apenas àquelas combinações mais promissoras, com economia de tempo e mão de obra. Estes estudos tornam-se ainda mais relevantes

quando o número elevado de genótipos estiver associado a dificuldades na polinização artificial, na reduzida taxa de pegamento ou fertilização, no reduzido número de sementes por fruto, dentre outros fatores (Maluf *et al.*, 1983; Miranda *et al.*, 1988; Cruz e Regazzi, 1994).

Referências bibliográficas

- Amaral Júnior, A.T. do. Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD. Viçosa, 1996. (Doctoral Thesis in Genetics and Improvement of Plants) - Universidade Federal de Viçosa.
- Babu, H.K.; Varalakshmi, B. Genetic divergence, heritability and genetic advance in chilli (*Capsicum annuum* L.). *Ind. J. Genet. Plant Breed.*, 51:174-178, 1991.
- Braga, J.M.; Defelipo, B.V. Determinação espectrofotométrica de fósforo em extratos de solos e material vegetal. *Rev. Ceres*, 21:73-85, 1974.
- Cruz, C.D.; Carvalho, S.P. de; Vencovsky, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. *Rev. Ceres*, 41:183-190, 1994.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Imprensa Universitária, 1994. 390 p.
- Falconer, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.
- Ghaderi, A.; Adams, M.W.; Nassib, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. *Crop Sci.*, 24:24-27, 1984.
- Griffing, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci.*, 9:463-493, 1956.
- Maluf, W.R.; Ferreira, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Hort. Bras.*, 1:31-34, 1983.
- Maluf, W.R.; Ferreira, P.E.; Miranda, J.E.C. de. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. *Rev. Bras. Genet.*, 6:453-460, 1983.
- Miranda, J.E.C. de; Cruz, C.D.; Costa, C.P. da. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. *Rev. Bras. Genet.*, 11:929-937, 1988.
- Moura, W.M. *Eficiência nutricional para fósforo em linhagens de pimentão (Capsicum annuum L.)*. Viçosa, 1996. (Doctoral Thesis in Phytotechnology) - Universidade Federal de Viçosa.
- Oliveira, V.R. *Diversidade genética em pimentão (Capsicum annuum L.) e controle gênico da tolerância ao baixo teor de fósforo no solo*. Viçosa, 1997. (Doctoral Thesis in Genetics and Improvement of Plants) - Universidade Federal de Viçosa.
- Schuelter, A.R. *Análise isozimática, dialélica e diversidade genética em pimenta silvestre (Capsicum flexuosum Sendt.)*. Viçosa, 1996. (Master's Thesis in Genetics and Improvement of Plants) - Universidade Federal de Viçosa.
- Silva, D.F. da; Anunciação, C.J. da; Noda, H.; Reis, O.V. Variabilidade genética em populações naturais de cubiu da Amazônia. *Hort. Bras.*, 14:9-15, 1996.

Received on October 24, 1997.

Accepted on July 10, 1998.