

## ANÁLISE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE MANGA ROSA VIA REML/BLUP

Maria Clideana Cabral Maia<sup>1</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>, Luís Cláudio de Oliveira<sup>3</sup>, Lúcio Flavo Lopes Vasconcelos<sup>4</sup>, João Francisco Pinheiro Lima Neto<sup>5</sup>

**Resumo:** O objetivo desse trabalho foi realizar uma seleção precoce com base nas características agro-industriais dos genótipos que compõem a população base do programa de melhoramento da manga rosa da Embrapa Meio-Norte. Foi utilizado o procedimento padrão de avaliação genotípica REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) na estimação de componentes de variância e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade foram altos e medianos expressando grande estabilidade para as variáveis em diferentes frutos. As estimativas de repetibilidade individual variaram de 43% a 77%. Para obtenção de um coeficiente de determinação do valor genotípico de 90% são necessárias 10, 5 e 3 medições, para os caracteres com repetibilidade individuais de 43%, 65% e 77%, respectivamente. As variáveis massa do fruto e massa da polpa apresentaram altas correlações genéticas com as variáveis comprimento e diâmetro maior e menor do fruto. Estas podem ser tomadas para seleção indireta das primeiras que são de mensuração mais difícil. Ocorreu uma alteração no ordenamento dos genótipos entre as variáveis quanto aos ganhos genéticos como reflexo da correlação genotípica de baixa a média magnitude exceção feita para as variáveis massa do fruto e massa da polpa e entre sólidos solúveis totais (Brix) e pH.

**PALAVRAS CHAVE:** *Mangifera indica* L, ganhos genéticos, modelos mistos.

---

<sup>1</sup>Engenheira Agrônoma, Dra. Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Meio Norte – PI, [clideana.maia@embrapa.br](mailto:clideana.maia@embrapa.br).

<sup>2</sup>Engenheiro Agrônomo, Dr. Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa/Embrapa Florestas – MG/PR, [marcos.deon@gmail.com](mailto:marcos.deon@gmail.com).

<sup>3</sup>Engenheiro Florestal, MS, Agro-silvicultura, Embrapa Acre – AC, [luis.oliveira@embrapa.br](mailto:luis.oliveira@embrapa.br).

<sup>4</sup>Engenheiro Agrônomo, Dr. Fitotecnia, Embrapa Meio Norte – PI, [lucio.vasconcelos@embrapa.br](mailto:lucio.vasconcelos@embrapa.br).

<sup>5</sup>Engenheiro Agrônomo, Dr. Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Semi-Árido – PE, [pinheiro.neto@embrapa.br](mailto:pinheiro.neto@embrapa.br).

## GENETIC ANALYSIS AT GENOTYPES OF MANGO ROSA USING REML/BLUP

**Abstract:** The objective of this paper was to make an early selection based on agro-industrial characteristics of the genotypes from the base population of the mango's breeding program of the Embrapa Meio-Norte. We used the standard procedure to genotypic assessing REML/BLUP (restrict maximum likelihood/best linear unbiased prediction) to estimate the components of variance and to predict the genotypic values. The estimates of repeatability coefficients were high expressing great stability for the variables in different fruits. The individual estimates of repeatability ranged between 43% and 77%. To obtain a coefficient of determination of the genotypic value the 90% is necessary 10, 5 and 3 measurements to characters with individual repeatability the 43%, 65% and 77%, respectively. The fruit mass and pulp mass presented high genetic correlation with length and diameter (minor and larger) of the fruit. Therefore they can be used to indirect selection because your assessing is cheap in relation the firsts. Changes have occurred in the ranking of genotypes between variables as a result of the low genetic correlations except for the variables fruit mass and pulp mass and between soluble solids (°Brix) and pH.

**KEYWORDS:** *Mangífera indica* L, genetic gains, mixed models.

### INTRODUÇÃO

A grande concentração da produção e exportação brasileira de manga refere-se a cultivar 'Tommy Atkins' que, apesar de sua excelente coloração da casca e boa resposta à indução floral, apresenta baixa qualidade quanto ao sabor (sólidos solúveis totais - Brix <17°) e à cor de

polpa amarelo-esmaecida. Além disso, essa variedade apresenta problemas de suscetibilidade à malformação floral, à mosca-das-frutas, ao colapso interno de polpa e à alta exsudação de látex que afetam a quantidade e a qualidade do fruto no mercado consumidor (PINTO et al., 2011). Neste sentido, devido à exploração comercial, há uma iminente

probabilidade de substituição de variedades locais (Landraces) por variedades comerciais promovendo progressivamente perda de material genético como a manga rosa que passou por processo evolutivo no sentido de atingir picos mais elevados de adaptabilidade às condições agroecológicas da região Meio-Norte do Brasil.

Os programas de melhoramento genético da mangueira visam atender, simultaneamente, os produtores que anseiam por variedades que apresentem maior produtividade e estabilidade de produção, sejam de fácil manejo nos tratos culturais e adaptadas às condições climáticas adversas da região para onde tiverem sido desenvolvidas, os distribuidores que desejam variedades que resistam ao manuseio e ao transporte e, finalmente, os consumidores que procuram manga de melhor qualidade, primeiro atraídos pela cor do fruto e depois pelo sabor. Para que as chances aumentem na difícil tarefa de desenvolver nova cultivar com a maioria das características desejáveis, é necessário que o melhorista tenha à sua disposição uma aceitável variabilidade genética, excelentes conhecimentos sobre a biologia floral, sobre o modo de

reprodução e a herdabilidade dos caracteres desejados. Portanto, novas cultivares somente serão aceitas se apresentarem, para os diversos segmentos da cadeia produtiva, alguma(s) vantagem (ns) em relação às já existentes no mercado (PINTO et al., 2011).

Em se tratando de espécie perene, o melhoramento genético requer a realização de medidas repetidas em cada indivíduo, o que representa uma dificuldade intrínseca por envolver tempo geralmente elevado para recomendação de uma cultivar superior. A seleção precoce constitui, assim, uma alternativa mais ágil para a formação de populações-base (MAIA et al., 2011).

Devido a sobreposição de gerações e ao desbalanceamento (mortalidade ao longo do tempo) associados aos dados de caracteres quantitativos em espécies perenes, procedimentos mais precisos de predição de valores genéticos e estimação de componentes de variância foram desenvolvidos, tais como a melhor predição linear não viciada (BLUP) e a estimação por máxima verossimilhança restrita (REML). Estes procedimentos apresentam várias propriedades teóricas e práticas

desejáveis, mas ainda são muito pouco utilizados no melhoramento de plantas frutíferas (RESENDE; DIAS, 2000). Não existem na literatura estudos genéticos para a manga rosa utilizando o procedimento REML/BLUP.

O objetivo desse estudo foi obter informações técnicas para a realização de uma seleção precoce, na cultura da mangueira, com base nas características agroindustriais, dos genótipos que compõem a população base do programa de melhoramento da variedade rosa da Embrapa Meio-Norte.

## MATERIAL E MÉTODOS

O material genético foi obtido através de polinização aberta entre matrizes de manga rosa e variedades comerciais. A manga rosa é adaptada às condições ecológicas da região meio-norte sendo a variedade local mais amplamente aceita pelos consumidores do mercado regional devido, especialmente, a cor atrativa, ao sabor, ao cheiro característico do fruto e a baixa ocorrência de colapso interno. Os genitores masculinos foram às seguintes cultivares comerciais e suas principais características:

- Irwin - árvore pequena, de copa aberta, com fruto médio de 340 a 450g, oval e alongado, de cor laranja-amarelada com laivos vermelhos profundos, polpa amarela, suave de pouca fibra e com semente monoembriônica.

- Keitt – árvore de copa espraçada que apresenta produção elevada e maturação dos frutos tardia, fruto grande de 550 a 740g, oval, verde-amarelado, corado de vermelho-róseo, fibra somente em volta da semente, semente monoembriônica, e relação polpa/fruto em torno de 0.7.

- Palmer - árvore de copa aberta, com frutos vermelhos escuro, de polpa amarelada, firme, com pouca ou nenhuma fibra, relação polpa/fruto de 0.7, teor médio de fibra e casca fina e sementes monoembriônicas.

- Tommy Atkins - árvore cheia e densa, com fruto de tamanho médio (450g), oval, de casca espessa, laranja-amarelo coberto com vermelho e púrpura intenso, firme, succulento, teor de fibra médio e teor de sólidos solúveis médio (17%).

- Amrapali – árvore de porte anão, precoce, de produção regular, fruto de tamanho médio, doce e sem fibras.

- Sensation – árvore de copa grande, aberta, produtiva, fruta avermelhada,

atrativa, boa qualidade da polpa e sem fibras.

Com base na autofecundação aparente se estabeleceu um esquema de cruzamentos abertos para obtenção da população segregante onde genótipos de manga rosa (parental feminino) selecionados para características agro-industriais foram circunvizinhos por variedades comerciais (parentais masculinos) onde se espera uma maior probabilidade de ocorrer cruzamentos entre as plantas vizinhas. Análises moleculares serão requeridas para determinar os genitores das progênies.

As variáveis agro-industriais analisadas nos genótipos descendentes, avaliados em experimento no delineamento inteiramente casualizado com uma planta por parcela, foram: massa do fruto (g), comprimento do fruto - CF (mm), diâmetro do fruto - DF (mm), massa da casca (g), massa da semente (g), massa da polpa (g), porcentagem de polpa (%), firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis totais

(Brix), relação sólidos solúveis totais/Acidez e pH. O experimento foi implantado em um só local em Teresina - Piauí. As avaliações foram realizadas em 5 frutos de cada planta, caracterizando um experimento de medidas repetidas.

O modelo estatístico utilizado foi o que segue:

$$y = Xb + Zg + e, \text{ em que:}$$

$y, b, g, e$  : vetores de dados observados, de efeitos de medições (efeito fixo), de valores genotípicos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

$X$  e  $Z$  : matrizes de incidência para  $b$  e  $g$ , respectivamente.

Esse modelo de repetibilidade equivale à estrutura de covariância denominada de simetria composta, a qual é adequada ao presente caso. O modelo é adequado tanto para o caso de medidas repetidas no tempo quanto para medidas repetidas no espaço.

#### Equações de Modelo Misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ onde } I \text{ é uma matriz identidade; } \sigma_g^2 \text{ é a}$$

variância genotípica e  $\sigma_e^2$  a variância residual.

### Estimador REML

Segundo o modelo apresentado e o algoritmo EM, os estimadores para obtenção de  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_e^2$  são:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y] / [N - r(X)]; \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{22}] / N_g, \text{ em que:}$$

$N_g$ : número de elementos aleatórios (indivíduos);

$I$ : matriz identidade;

$\text{tr}$ : operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz;

$N$ : número total de dados;

$r(X)$ : posto ou número de colunas linearmente independentes de X; e

$$C^{22} \text{ é da forma } \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2 / \sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}.$$

As soluções para as equações de modelo misto devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, tais como o método de Gauss Seidel. A solução direta via inversão da matriz dos coeficientes é impossível na prática.

A estimação dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos genéticos foram realizadas por meio de software SELEGEN-REML/BLUP desenvolvido pelo Centro Nacional de Pesquisa de Florestas da Embrapa – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 estão representados os resultados referentes às estimativas de componentes de variância (REML individual) para as variáveis: massa do fruto, massa da casca, massa da semente, massa da polpa, porcentagem de polpa, firmeza do fruto, sólidos

solúveis totais (°Brix), relação sólidos solúveis totais (°Brix)/Acidez e pH.

No contexto da avaliação genotípica, o parâmetro estatístico mais importante é a acurácia seletiva (Acm). Esse parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos

experimentos de campo. A acurácia é tanto mais alta quanto menores forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos ou verdadeiros e os valores genéticos estimados ou preditos. Altas acurácias foram observadas para todas as variáveis consideradas no estudo, onde se infere boa qualidade da avaliação genotípica, indicando existência de variância genética entre os genótipos avaliados. Exceção feita ao atributo porcentagem de polpa (0,654), que apresentou acurácia apenas mediana. Conforme Cargnelutti-Filho e Storck (2009), em geral ensaios com maior acurácia seletiva, são aqueles com menor variância residual e maior variância genética. Quanto maior o número  $m$  de medições em cada planta, maiores são as acurácias das predições e, portanto, mais precisas são as inferências. A acurácia é uma medida que está associada à precisão na seleção, sendo o principal componente do progresso genético que se pode alterar para maximizar o ganho genético.

As estimativas de repetibilidade individual variaram de 43% a 77% (Tabela 1), valores esses classificados como valores de moderada (entre 40% e 60%) a alta (maior que 60%)

magnitudes. Esses valores sugerem que existe variância genética a ser explorada na seleção entre os genótipos, indicando que a população pode ser considerada apropriada para o programa de melhoramento genético através dessa estimativa de considerável controle genético.

Estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito para vários caracteres em manga foram apresentadas por Hardner et al. (2012) na Austrália. As magnitudes variaram de 46% a 94%, revelando um controle genético moderado a alto, concordando com os resultados obtidos no presente trabalho. Os autores também usaram a metodologia REML/BLUP, a qual mostrou-se muito efetiva no melhoramento da mangueira. Outros artigos relatam também controle genético alto para caracteres produtivos em manga (LAVI et al., 1989; 1998).

**Tabela 1.** Estimativas dos componentes de variância (REML individual) para as variáveis: massa do fruto, massa da casca, massa da semente, massa da polpa, % de polpa, firmeza do fruto, sólidos solúveis totais (°Brix), relação: sólidos solúveis totais (°Brix) /Acidez e pH, de genótipos de manga rosa.

Componentes de Variância (REML Individual)									
	Massa do Fruto	Massa da Casca	Massa Semente	Massa Polpa	% Polpa	Firmeza do fruto	sólidos solúveis totais	sólidos solúveis totais /Acidez	pH
Vg	18261,9585	364,3810	169,0116	10963,0409	11,1688	7,6746	8,5688	482,0795	0,1448
Vet	5278,0107	130,8879	99,5586	5282,4597	14,9257	2,2925	5,0853	140,1573	0,0772
Vf	23539,9692	495,2690	268,5701	16245,5006	26,0944	9,9671	13,6542	622,2367	0,2220
r	0,775785 +/-	0,735724 +/-	0,629301 +/-	0,674836 +/-	0,428013 +/-	0,769992 +/-	0,627562 +/-	0,774753 +/-	0,652132 +/-
	0,3714	0,3617	0,3345	0,3464	0,2758	0,3700	0,3543	0,3936	0,3657
Ac	0,880787	0,857743	0,793285	0,821484	0,654227	0,877492	0,792188	0,880200	0,807547
Média	350,8686	47,7271	40,2260	261,6501	73,8449	6,3898	16,0867	41,1747	4,1653
Geral									

Vg: variância genotípica entre plantas (genotípica + ambiental permanente de uma colheita para outra). Vet: variância de ambiente temporário. Vf: variância fenotípica individual. r: repetibilidade individual. Ac: acurácia da seleção baseada em uma colheita ou medida repetida e média geral do experimento.

Para obtenção de um coeficiente de determinação do valor genotípico de 90% são necessárias 10, 5 e 3 medições, para os caracteres com repetibilidade individuais de 43%, 65% e 77%, respectivamente.

A variância genética observada na população estudada incrementa a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos sendo reflexo da utilização nos cruzamentos de parentais geneticamente divergentes e indivíduos que apresentam superioridade per se para as características alvo, condição que favorece o surgimento de segregantes transgressivos através de boa complementariedade gênica. Para Brown et al. (2009) o melhoramento de manga pode ser bem sucedido como resultado de alto nível de variabilidade genética, principalmente, nos casos em que os materiais genéticos selecionados são propagados via reprodução vegetativa.

Com o aumento do número de avaliações em cada planta, ocorre um aumento da herdabilidade no âmbito de médias de indivíduo e também da acurácia seletiva (ALVES; RESENDE, 2008). Em concordância com esses autores, Brown et al. (2009) encontraram maiores herdabilidades

quando um maior número de frutos foi analisado por cada indivíduo. Para espécies com possibilidade de propagação vegetativa, a repetibilidade ao invés da herdabilidade no sentido amplo pode ser considerada um parâmetro adequado para inferir sobre o controle genético dos caracteres.

Valores altos a moderados de repetibilidade foram encontrados para as variáveis incluídas no estudo. As estimativas dos coeficientes de repetibilidade altos e medianos expressaram maior estabilidade para as variáveis consideradas no estudo e através do seu estudo é possível estimar o número de medições necessárias para predizer o valor real de um genótipo. Conclui-se que a população considerada apresenta condições ideais para a seleção, indicando possibilidade de obtenção de ganhos genéticos significativos. Considera-se que entre os genótipos selecionados será aproveitada a dispersão genética total (aditiva e de dominância) via processo de clonagem podendo ser esperada maximização dos ganhos genéticos. Para Maia et al. (2011) a multiplicação vegetativa, possível em algumas espécies, apresenta um fator facilitador para o melhoramento, aumentando

significativamente as possibilidades de obtenção de ganho em eficiência do processo seletivo.

De acordo com Brown et al. (2009) métodos mais eficientes de análise e classificação de genótipos podem ser necessários, dada a complexidade de alguns caracteres de manga. Para esses autores, estimativas de herdabilidade acrescentam informações valiosas para os melhoristas de manga no estabelecimento eficiente de esquemas de cruzamentos e no processo seletivo. Nesse trabalho, níveis elevados de repetibilidade foram obtidos para as variáveis: peso do fruto, comprimento do fruto, largura do fruto, resistência a antracnose e para o atributo coloração da casca.

As estimativas dos coeficientes de correlações genéticas mensuradas entre pares de variáveis como: massa do fruto, comprimento do fruto - CF, diâmetro maior do fruto - DMF, diâmetro menor do fruto - DMeF, massa da casca, massa da semente, massa da polpa, porcentagem de polpa, firmeza da polpa, teor de sólidos

solúveis totais ( $\text{Brix}$ ), relação (sólidos solúveis totais ( $\text{Brix}$ )/Acidez) e pH podem ser visualizadas na Tabela 2.

Em programas de melhoramento as estimativas de associações genéticas entre caracteres são indispensáveis, uma vez que permitem ao melhorista avaliar a resposta seletiva e obter ganhos indiretos em outras variáveis. Assim, variáveis de natureza genética complexa e bastante influenciadas pelo ambiente, podem ser selecionadas indiretamente a partir de variáveis tomadas com medidas mais fáceis e menos passíveis de erros de mensuração. As variáveis massa do fruto e massa da polpa apresentaram altas correlações genéticas com as variáveis comprimento e diâmetro maior e menor do fruto. Assim, estas podem ser tomadas para seleção das primeiras aumentando a eficiência do processo seletivo e garantindo ganhos genéticos nos atributos massa do fruto e massa da polpa que são de mensuração mais difícil.

**Tabela 2.** Coeficientes de correlações genótípicas entre: massa do fruto (MF), comprimento do fruto (CF), diâmetro maior do fruto (DMF), diâmetro menor do fruto (DMeF), massa da casca (MC), massa da semente (MS), massa da polpa (MP), porcentagem de polpa (%), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis totais (°Brix), relação teor de sólidos solúveis totais ((°Brix)/Acidez) e pH, de genótipos de manga rosa.

	MF	CF	DMF	DMeF	MC	MS	MP	% polpa	FP	°Brix	°Brix / Acidez	pH
MF	1,0000	<b>0,8311</b>	<b>0,8903</b>	<b>0,9252</b>	<b>0,8444</b>	0,6118	<b>0,9856</b>	0,3958	0,2187	-0,0603	-0,2657	0,0228
CF		1,0000	0,6346	<b>0,6558</b>	<b>0,7717</b>	0,4457	<b>0,8205</b>	0,2428	0,1144	-0,1141	-0,3363	-0,0573
DMF			1,0000	<b>0,9170</b>	<b>0,7336</b>	0,6270	<b>0,8485</b>	0,2624	0,2678	-0,0495	-0,2083	0,0365
DMeF				1,000	0,6962	0,5978	<b>0,9235</b>	0,4821	0,3008	-0,1542	-0,3518	-0,0488
MC					1,0000	0,6165	<b>0,7635</b>	0,0261	0,0246	-0,0718	-0,2569	-0,0459
MS						1,0000	0,5003	-0,2763	0,1175	0,1299	-0,0476	0,0750
MP							1,0000	0,5257	0,2498	-0,0810	-0,2719	0,0194
% polpa								1,0000	0,3918	-0,541	-0,2257	-0,0029
FP									1,0000	-0,1766	-0,3312	-0,1232
°Brix										1,0000	<b>0,6564</b>	<b>0,8197</b>
°Brix / Acidez											1,0000	0,6082
pH												1,0000

Valores em negrito: Significativos ao nível de 1% de probabilidade.

Correlações genéticas baixas e negativas foram observadas entre as variáveis: % de polpa, firmeza do fruto, teor de sólidos solúveis totais (°Brix), relação: sólidos solúveis totais (°Brix)/Acidez e pH e as demais características incluídas no estudo excetuando-se o coeficiente entre sólidos solúveis totais (°Brix) e pH (0,8239). Isso impossibilita a seleção

indireta envolvendo aquelas variáveis. Genótipos com sólidos solúveis totais (°Brix) elevados também são aqueles que apresentam elevado pH. Estes atributos são importantes para frutos destinados ao consumo *in natura* (frutos de mesa).

As previsões dos valores genotípicos (componentes de médias) são apresentadas nas Tabelas 3 e 4.

**Tabela 3.** Predição dos valores genotípicos: ganho genético e nova média (BLUP Individual) para as variáveis: massa do fruto, massa da polpa e % da polpa, de genótipos de manga rosa.

Componentes de Média (BLUP Individual)								
Massa do Fruto			Massa da Polpa			% Polpa		
Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média
15	306,8442	657,7128	15	250,6444	512,2945	15	4,6974	78,5423
22	282,1357	633,0043	14	209,1509	470,8010	14	4,5908	78,4357
20	254,4016	605,2703	22	187,3579	449,0081	17	3,9643	77,8092
14	237,0902	587,9589	20	172,0481	433,6982	19	3,5923	77,4372
18	209,0311	559,8998	18	151,3928	413,0429	25	3,3339	77,1788
13	184,4757	535,3444	19	135,0863	396,7365	21	3,1610	77,0059
19	166,6979	517,5665	17	122,4913	384,1414	7	3,0229	76,8678
17	151,8876	502,7562	13	111,3899	373,0400	18	2,7839	76,6288
9	136,4103	487,2789	9	100,1087	361,7588	9	2,5414	76,3863
16	122,8640	473,7327	16	90,1498	351,7999	16	2,3166	76,1615
8	109,3491	460,2177	8	80,1068	341,7569	24	2,1147	75,9596
3	97,9262	448,7949	3	71,2791	332,9292	20	1,9391	75,7839
1	87,3375	438,2062	1	63,4534	325,1035	26	1,7851	75,6300
4	77,9950	428,8637	4	56,6844	318,3345	8	1,6525	75,4974
11	69,6770	420,5457	24	49,7328	311,3830	4	1,5182	75,3631
6	62,3848	413,2535	11	43,6330	305,2831	13	1,3844	75,2293
23	54,7464	405,6151	26	38,0800	299,7301	1	1,2631	75,1080
24	47,7046	398,5732	23	33,0436	294,6937	2	1,1526	74,9975
26	41,1954	392,0640	6	28,5170	290,1671	3	1,0254	74,8703
5	34,9154	385,7841	25	24,4157	286,0659	5	0,9036	74,7485
2	29,0917	379,9604	2	20,3687	282,0188	23	0,7745	74,6193
10	23,5147	374,3834	5	16,6552	278,3053	22	0,6553	74,5002
25	18,4216	369,2902	10	12,7807	274,4308	10	0,5381	74,3830
7	12,8826	363,7513	7	9,0207	270,6708	11	0,3645	74,094
12	6,4100	357,2787	21	4,6824	266,3326	12	0,1972	74,0421
21	0,0000	350,8687	12	0,0000	261,6501	6	0,0000	73,8449

**Tabela 4.** Predição dos valores genotípicos: ganho genético e nova média (BLUP Individual) para as variáveis : firmeza da polpa , sólidos solúveis totais ( °Brix) e relação: sólidos solúveis totais ( °Brix)/Acidez, de genótipos de manga rosa.

Componentes de Média (BLUP Individual)								
Firmeza da Polpa			sólidos solúveis totais(°Brix)			Relação: sólidos solúveis totais ( °Brix)/Acidez		
Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média	Genótipo	Ganho	Nova Média
16	7,9464	14,3362	10	4,5601	20,6468	2	39,0047	80,1794
21	6,6952	13,0849	11	4,4671	20,5538	11	36,2511	77,4258
18	5,2232	11,6130	23	4,2360	20,3226	3	35,2063	76,3810
17	4,4545	10,8443	2	3,8223	19,9090	7	33,9445	75,1192
20	3,9502	10,3400	3	3,4737	19,5604	10	33,1703	74,3450
15	3,4548	9,8446	18	3,1576	19,2443	14	30,1801	71,3548
14	3,0362	9,4260	17	2,8960	18,9827	1	27,3955	68,5702
4	2,7087	9,0985	6	2,6606	18,7473	9	24,8809	66,0556
3	2,4471	8,8369	7	2,4751	18,5618	6	22,6548	63,8295
9	2,2271	8,6168	1	2,3100	18,3967	23	20,7864	61,9611
19	2,0470	8,4368	8	2,1570	18,2437	12	18,4132	59,5878
22	1,8617	8,2515	9	1,9989	18,0855	21	16,4065	57,5812
7	1,6713	8,0611	26	1,8554	17,9421	18	14,5285	55,7032
6	1,5079	7,8976	24	1,7056	17,7922	4	12,8857	54,0604
5	1,3648	7,7545	4	1,5631	17,6498	24	11,4505	52,6252
24	1,2260	7,6158	16	1,4385	17,5252	19	10,1303	51,3050
13	1,0991	7,4889	14	1,2710	17,3577	8	8,7864	49,9611
12	0,9850	7,3747	22	1,1103	17,1969	22	7,5741	48,7488
1	0,8565	7,2463	13	0,9631	17,0497	13	6,3227	47,4973
8	0,7400	7,1298	20	0,8055	16,8922	20	5,1580	46,3327
10	0,6180	7,0077	15	0,6600	16,7466	25	4,0858	45,2605
2	0,5045	6,8943	25	0,5020	16,5887	17	3,0572	44,2319
25	0,3962	6,7860	21	0,3550	16,4417	16	1,9816	43,1563
26	0,2793	6,6690	12	0,1958	16,2824	15	0,9831	42,1578
23	0,1461	6,5359	19	0,0000	16,0867	26	0,0000	41,1747
11	0,0000	6,3898						

Os resultados mostraram que ocorreu uma alteração no ordenamento dos genótipos, como reflexo da correlação genotípica de baixa a média magnitude, exceção feita para as variáveis massa do fruto e massa da polpa e entre teor de sólidos solúveis totais (Brix) e pH.

As variáveis: massa da polpa e massa do fruto apresentaram alta

correlação (0,9856). Para essas variáveis os genótipos que apresentaram maiores ganhos genéticos são, respectivamente, 15, 14, 22, 20, 18, 19, 17, 13, 9, 16 e 8; e 15, 22, 20, 14, 18, 13, 19, 17, 9, 16 e 8. Como esperado, houve alto grau de concordância no ordenamento entre os genótipos nos dois grupos, refletindo aquela associação genética em alta magnitude.

Visando a seleção precoce tomando como critério seletivo as variáveis massa da polpa e massa do fruto que refletem diretamente o potencial produtivo do material genético esses genótipos são candidatos à seleção.

Para porcentagem de polpa os genótipos que apresentaram melhor classificação foram: 15, 14, 17, 19, 25, 21, 7, 18, 9, 16 e 24, superando a média geral (73,845). Valores > 60% para essa característica são altamente desejados para aproveitamento de derivados industriais. Com base no teor de sólidos solúveis totais (Brix), os genótipos em ordem decrescente de ganho genético são: 10, 11, 23, 2, 3, 18, 17, 6, 7, 1 e 8. Os valores superam a média geral (16,087) sendo, portanto, candidatos a seleção.

Para variável firmeza da polpa, os genótipos que apresentaram maior ganho genético foram: 16, 21, 18, 17,

20, 15, 14 e 4. Esta característica define o tempo útil de prateleira (*shelf-life*) dos frutos. Para Pinto et al. (2011) em mercado exigente em qualidade, a comercialização da manga fresca (*in natura*) parece ser bem mais complexa que seus produtos processados, em virtude de ser um produto altamente perecível.

A relação sólidos solúveis totais (Brix)/Acidez é um indicativo do sabor do fruto assim valores elevados para essa relação são atribuídos a frutos de melhor qualidade. Os genótipos que apresentaram os maiores ganhos genéticos para essa característica são em ordem decrescente: 2, 11, 3, 7, 10, 14, 1 e 9.

## CONCLUSÕES

As estimativas dos coeficientes de repetibilidade altos e medianos expressaram estabilidade para as variáveis através do tempo, permitindo estimar o número de medições

necessárias para predizer o valor real de um genótipo.

As variáveis massa do fruto e massa da polpa apresentaram altas correlações genéticas com as variáveis comprimento e diâmetro do fruto, estas podem ser tomadas para seleção indireta

dos atributos de massa que são de mensuração mais passíveis de erros de mensuração.

Ocorreu uma alteração no ordenamento dos genótipos entre variáveis como reflexo da correlação genotípica de baixa a média magnitude , exceto para as variáveis massa do fruto

e massa da polpa e entre sólidos solúveis totais (Brix) e pH.

Esse estudo permitiu obter informações técnicas para a realização de uma seleção precoce, na cultura da mangueira, com base nas características agroindustriais.

## REFERÊNCIAS

ALVES, R. M.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 6, p. 696-701, 2008.

BROWN, J. S.; SCHNELL, R. J.; AVALA-SILVA, T.; MOORE, J. M.; TONDO, C. L.; WINTERSTEIN, M. C. Broad-sense Heritability Estimates for Fruit Color and Morphological Traits from Open-pollinated Half-sib Mango Families. **Hortscience**. v. 44, n.3, p. 1552-1556. 2009.

CARGNELUTTI-FILHO, A.; STORCK, L. Measures of experimental precision degree in corn cultivar competition trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n.2, p. 111-117, 2009.

HARDNER, C. M.; BALLY, I.S.E; WRIGHT, C.L. Prediction of breeding values for average fruit weight in mango using a multivariate individual mixed model. **Euphytica**, v. 186, n. 2, p. 463-477, 2012.

LAVI, U; TOMER, E; GAZIT, S. Inheritance of agriculturally important traits in mango. **Euphytica**. v. 44, n.2, p. 5-10, 1989.

LAVI, U; TOMER, E; GAZIT, S; HILLEL J. Components of the genetic variance and genetic correlations between traits in Mango. **Scientia Horticulturae**. v. 75, n.2, p. 11–25, 1998.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ALVES, R.M.; SILVA FILHO, J. L.; ROCHA, M. M.; CAVALCANTE, J. J. V.; RONCATTO, G. Análise genética de famílias de meios-irmãos de

cupuaçuzeiro. **Pesquisa Florestal Brasileira.** v. 31, n. 66. p.123-130, 2011.

PINTO, A. C. Q.; LIMA NETO, F. P.; GUIMARÃES, T. G. Estratégias do melhoramento genético da manga visando atender a dinâmica de mercado. **Revista Brasileira de Fruticultura.** v. 33, n. Especial, p. 64-72, 2011.

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura.** v. 1, n.11, p. 44-52, 2000.