

Variabilidade genética entre cultivares comerciais e híbridos experimentais de morangueiro com ênfase em análise de múltiplos fatores

Douglas Correa de Souza, Paulo Cesar Ossani, Luciane Vilela Resende, Marcelo Ângelo Cirillo, Luis Felipe Lima e Silva, João Barcellos Xavier

Universidade Federal de Lavras, Campus universitário, CEP 37200-000, Lavras, MG, Brasil. E-mails: douglascorrea@ymail.com, ossanipc@hotmail.com, luciane.vilela@dag.ufla.br, macufla@gmail.com, luisufla@hotmail.com, bxjoao@yahoo.com.br.

Resumo: Com o intuito de desenvolver cultivares de morangueiro adaptadas as condições edafoclimáticas brasileiras são avaliados e selecionados genitores que apresentem características genéticas promissoras. Durante a seleção de materiais algumas estratégias têm sido adotadas visando o sucesso do programa de melhoramento genético, a exemplo, o uso de ferramentas estatísticas como as técnicas multivariadas de análise de dados. Objetivou-se com esse trabalho avaliar o nível de similaridade entre genótipos de morangueiro com o propósito de diagnosticar possíveis agrupamentos em relação às variáveis analisadas, utilizando as técnicas de análises multivariadas. Foram estudados 103 híbridos experimentais desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Lavras (UFLA) e sete cultivares comerciais importadas, avaliando as características de produção e as variáveis físico-químicas do fruto de cada genótipo, utilizando-se a análise de múltiplos fatores (MFA) e de componentes principais (PCA). Os 110 genótipos estudados apresentam alto grau de similaridade entre si (78,8%), sendo que mais de 97% dos híbridos experimentais tem similaridade forte ou alta com os demais genótipos. As cultivares comerciais 'Camarosa' e 'Oso Grande', e os híbridos experimentais MDSC12-146, MCA12-121 e MDA12-23 são os materiais que apresentaram maior divergência com relação aos demais genótipos estudados, sendo recomendados para aumentar a base genética no programa de melhoramento.

Palavras chave: *Fragaria x ananassa* Duch, Similaridade, Programa de melhoramento.

Genetic variability between commercial cultivars and experimental strawberry hybrids with emphasis on multi-factor analysis

Abstract: In order to develop strawberry cultivars adapted to the Brazilian edaphoclimatic conditions, parents are evaluated and selected with promising genetic characteristics. During the selection of materials some strategies have been adopted for the success of the breeding program, for example, the use of statistical tools such as multivariate data analysis techniques. The purpose of this study was to evaluate the level of similarity between strawberry genotypes for the purpose of diagnosing possible groupings in relation to the variables analyzed using analysis techniques multivariate. It was studied 103 experimental hybrids developed by Universidade Federal de Lavras (UFLA) breeding program and seven imported commercial cultivars, evaluating the production characteristics and the physico-chemical variables of the fruit of each genotype, using the multiple factor analysis (MFA) and principal components (PCA). The 110 genotypes studied showed a high degree of similarity among them (78.8%), with more than 97% of the experimental hybrids having strong or high similarity with the other genotypes. The commercial cultivars 'Camarosa' and 'Oso Grande', and the experimental hybrids MDSC12-146, MCA12-121 and MDA12-23 are the materials that present greater divergence with respect to the other genotypes studied, being recommended to increase the genetic base in the program improvement.

Keywords: *Fragaria x ananassa* Duch, Similarity, Breeding program.

Introdução

O morangueiro (*Fragaria x ananassa* Duch.) é uma cultura com grande importância social e econômica, seus frutos apresentam crescente demanda pelos consumidores com disponibilidade durante todo o ano, proporcionado por vários locais de produção no mundo (Munaretto et al., 2018). O fruto é cultivado em países temperados e tropicais, sendo os principais produtores China, Estados Unidos, Espanha e Japão, segundo a Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAOSTAT] (2016). No Brasil, a produção contribui significativamente com o PIB e caracteriza-se como uma atividade com intenso uso de mão de obra. Porém, o país não possui programas ativos de melhoramento genético do morangueiro, devido à falta de interesse das empresas privadas e públicas, criando uma dependência de cultivares importadas, o que impacta fortemente nos custos de produção da cultura, em função do uso intenso de insumos como fertilizantes e defensivos, bem como a aquisição de mudas. Na ausência de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas nacionais, os produtores têm maiores gastos, pois pagam indiretamente por *royalties* (Galvão et al., 2014 & Vieira et al., 2017).

Considerando a importância para o país, visando aumentar ainda mais a rentabilidade, diminuir custos de produção e a dependência de materiais genéticos importados, torna-se primordial desenvolver genótipos que sejam adaptados às condições climáticas das regiões de cultivo. Para assegurar uma recomendação mais eficiente, é necessário atenuar o efeito da interação genótipo x ambientes, procurando materiais com melhor adaptabilidade e maior previsibilidade de comportamento nos ambientes considerados (Nick & Borém, 2016). Por se tratar de uma espécie que permite a reprodução assexuada (clonal), toda variância genética pode ser explorada, seja ela aditiva, dominante ou epistática (Souza, 1995). Dessa forma, devem ser escolhidos genitores que apresentem boa divergência genética, a fim de se evitar a endogamia, a qual, frequentemente, resulta em perda de vigor e redução na produtividade (Rios,

2007 & Gil-Ariza et al., 2009).

Nesse contexto, as técnicas multivariadas de análise de dados são ferramentas estatísticas que permitem acessar informações, explorando padrões e simplificando a estrutura de conjuntos de dados. Dentre as várias técnicas multivariadas, algumas podem ter aplicação na análise de conjunto de dados aplicados ao melhoramento genético vegetal, tais como análise de múltiplos fatores (MFA) e a análise de componentes principais (PCA), contudo ainda é escasso o uso de análises multivariadas no Brasil para essa finalidade, o que enfatiza a necessidade de mais estudos a seu respeito (Freitas, 2018).

Diante o exposto, foi introduzido na Universidade Federal de Lavras [UFLA] um programa de melhoramento genético visando desenvolver híbridos adaptados à região Sul de Minas Gerais. Com intuito de se conhecer as características desses materiais, objetivou-se com esse trabalho verificar o nível de similaridade entre genótipos de morangueiro, com o propósito, de diagnosticar possíveis agrupamentos em relação às variáveis analisadas, utilizando as técnicas multivariadas.

Material e métodos

Os genitores foram previamente selecionados entre as cultivares introduzidas e plantadas no Brasil e com base nos fenótipos favoráveis para as características de interesse agrônomo. Esses genitores foram as cultivares 'Aromas', 'Camarosa', 'Dover', 'Festival Flórida', 'Oso Grande', 'Sweet Charlie' e 'Milsei-Tudla'. Dentre as cultivares, apenas 'Aromas' é classificada como cultivar de dia neutro, sendo todas as demais cultivares de dias curtos.

As hibridações foram realizadas de acordo com os procedimentos recomendados pelo Instituto Agrônomo de Campinas (Camargo & Passos, 1993) e Universidade da Flórida (Chandler, 2012). Foram obtidas 12 populações híbridas, combinando as cultivares, conforme a Tabela 1

Tabela 1 - Descrição das 12 populações híbridas geradas a partir de sete cultivares de morangueiros.

População	Genitores		População	Genitores	
	♀	♂		♀	♂
1	Dover	Aromas	7	Sweet Ch.	Aromas
2	Oso Gr.	Aromas	8	Tudla	Aromas
3	Camarosa	Aromas	9	Tudla	Sweet Ch.
4	Dover	Sweet Ch.	10	Camarosa	Sweet Ch.
5	Oso Gr.	Tudla	11	Festival	Aromas
6	Festival	Sweet Ch.	12	Oso Grande	Sweet Ch.

♀ Genitor feminino; ♂ Genitor masculino;

Após a colheita foi feita a retirada dos aquênios com o auxílio de um liquidificador para extração das sementes. Em seguida as sementes foram secas em temperatura ambiente. Para superação da dormência tegumentar utilizou-se o método descrito por Galvão et al. (2014). Após este tratamento, os aquênios foram transferidos para cultivo *in vitro* em meio de cultura MS (Murashige & Skoog, 1962) solidificado com ágar (0,6 %) e suplementado por sacarose (3%).

Após 60 dias de cultivo *in vitro*, os *seedlings* foram transplantados para aclimação, em bandejas de 72 células contendo substrato comercial e foram irrigados diariamente. Depois dessa etapa realizou-se o transplante e implantação do experimento em campo.

O experimento foi implantado em casas de vegetação, no setor de Olericultura da UFLA em Lavras, sul de Minas Gerais (21° 14' de latitude Sul e a 40° 17' de longitude Oeste, altitude de 918, 80 m). O clima da região, segundo a classificação climática de Köppen é Cwa (mesotérmico) com inverno seco e verão chuvoso (Brasil, 1992).

O solo da área experimental é classificado como latossolo vermelho distroférrico típico e apresenta textura argilosa, com 33% de areia, 18% de silte e 49% de argila. O preparo do solo, nas estufas, foi realizado um mês antes do transplante das mudas para os canteiros, por meio de aração, seguida de calagem e gradagem.

Os canteiros foram levantados com auxílio de rotoencateirador nas medidas de 0,20 m de altura e 1,20 m de largura. Para calagem foi utilizado 2,50 t ha⁻¹ de calcário (PRNT 92%), calculado com base na análise química de solo. Os *seedlings* receberam uma toaleta e foram transplantados para os canteiros em casa de vegetação no espaçamento de 0,30 m x 0,40 m formando duas linhas. O sistema de irrigação adotado foi com tubos gotejadores, no

espaçamento entre gotejadores de 0,30 m, sendo utilizadas duas linhas de gotejo por canteiro, espaçadas em 0,50 m. Os canteiros foram cobertos com filme polietileno preto (*mulching*), com espessura de 30 µm. As adubações e tratamentos culturais seguiram as recomendações feitas por Dias (2007) para a cultura do morangueiro.

O controle de plantas daninhas foi feito manualmente, a cada 15 dias ou de acordo com a necessidade observada no local. O controle de fitopatógenos e pragas foi realizado quinzenalmente, de acordo com a incidência dos mesmos.

O delineamento experimental foi de blocos aumentados (Federer, 1956), este delineamento foi escolhido devido à falta de repetições dos genótipos, pois, o objeto em estudo é a geração F1 com apenas uma planta por tratamento. Assim, os tratamentos comuns foram os genitores (testemunhas) e os regulares os 103 híbridos experimentais F1 de todos os cruzamentos, onde cada cruzamento foi arranjado em um bloco, totalizando 12 blocos.

O início da colheita ocorreu em diferentes datas devido ao desenvolvimento diferenciado de cada genótipo avaliado. Foram colhidos e mensurados os frutos que apresentavam 75% de coloração vermelho-escuro. Os frutos colhidos foram pesados em balança analítica de precisão e classificados em não comerciais (≤ 35 mm) e comerciais (> 35 mm) (Pbmh & Pimo, 2009). O final do período de produção comercial foi considerado quando a planta em avaliação produziu mais de 70% dos frutos como não comerciais. Com posse dos dados foram calculadas a massa total (MT, g planta⁻¹), porcentagem de frutos comerciais e não comerciais e massa média de frutos (MMF, g fruto⁻¹).

Foram avaliadas 10 características físico-químicas dos frutos. O comprimento e largura

foram medidos com auxílio de paquímetro. A firmeza foi mensurada em dois pontos equidistantes na parte central do fruto, com auxílio de penetrômetro manual com ponteira de 3 mm expressos em Newton. Acidez titulável foi determinada por titulometria com solução de NaOH (0,1 N), utilizando como indicador, a fenolftaleína, de acordo com metodologia descrita na Horowitz (2016), e os resultados foram expressos em % de ácido cítrico 100 g^{-1} de polpa.

O teor de sólidos solúveis foi determinado por leitura direta em refratômetro digital de bancada Reichert AR 200 (temperatura ambiente) e expresso em °Brix. A relação SS/AT foi obtida pela divisão das leituras de sólidos solúveis (SS) pelos teores em porcentagem de acidez titulável (AT).

O pH foi mensurado com auxílio de pHmetro Tec-3MP (Tecnal), segundo a metodologia descrita na Horowitz (2016). Os açúcares totais foram extraídos pelo método de Antrona (Dische, 1962) e a determinação foi realizada por espectrofotometria com comprimento de onda de 620 nm.

Os teores de pectina total e solúvel, foram mensurados segundo método adaptado por McCready e McComb (1970) e determinados colorimetricamente, com reação em carbazol, de acordo com metodologia descrita por Bitter e Muir (1962), dados expressos em $\text{mg } 100\text{g}^{-1}$ de ácido galacturônico.

As análises estatísticas utilizadas foram a Análise de Componentes Principais (PCA), que procura estabelecer as correlações entre as variáveis originais, e a técnica de Análise de Múltiplos Fatores (MFA) que opera no mesmo princípio PCA, mas ao invés de correlação, ela fornece a similaridade entre os grupos de variáveis. A técnica MFA utiliza a estrutura da variância e covariância de um vetor aleatório, composto de p -variáveis aleatório por meio da construção de combinações lineares das variáveis originais pertencentes a cada grupo de

variáveis, as quais são balanceadas conforme a natureza das variáveis em cada grupo, com isso obtendo-se resultados utilizados na avaliação de similaridade entre os grupos. Assim, pode-se dizer que a técnica MFA é uma generalização do PCA para grupos de variáveis (Bécue-Bertaut, Pagès et al., 2008 & Abdi et al. 2013).

Consideremos vários grupos de variáveis, representados por $X_1, \dots, X_j, \dots, X_k$, porém, justapostos em um único conjunto, conforme ilustrado na Figura 1.

Na Figura 1, as n observações são descritas por k conjuntos de variáveis. A letra j refere-se a um conjunto, a letra P refere-se a uma coluna, e P_j é o número de colunas no conjunto j . E $m = \sum_{k \in j} P_j$ é o número de colunas em todos os conjuntos.

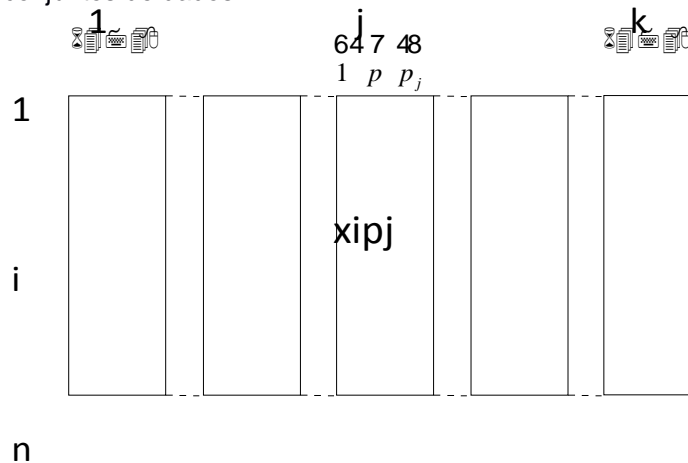
Uma tabela $n \times P_j$ está associada com cada conjunto j . As k tabelas juntas compõem uma tabela múltipla ou global S de dimensão $n \times m$.

O MFA consiste de um PCA na matriz global S , com dos grupos devidamente balanceados conforme sugerido por Escofier e Pagès (1982, 1990).

Do PCA, também chamado de análise global, os componentes principais são obtidos de modo usual (Pagès, 2002, Pagès, 2004, Abdi, Valentin, 2007, Abdi & Williams, 2010).

Usando a decomposição em valores singulares sabe-se que sendo U e V as matrizes de autovetores e $A = \text{diag}(\sqrt{\lambda_i})$ onde $\lambda_i > 0$ são os autovalores, e I é a matriz identidade, assim extraindo:

$S = U A V^T$, com $U^T U = V^T V = I$, (1) os autovetores e autovalores da matriz S obtêm-se os escores dos fatores globais.

Figura 1 - Layout dos conjuntos de dados.

As relações entre as variáveis e a solução global são analisadas calculando a inércia parcial de cada variável por cada dimensão da análise global. Isto é calculado, para cada variável, como a soma das projeções ao quadrado das variáveis do vetor singular V de S multiplicado pelo autovalor correspondente. Os vetores singulares são normalizados, a soma das inércias parciais para todos os grupos para uma determinada dimensão é igual o seu autovalor, ou seja, (Pagès, 2002, Pagès, 2004, Abdi, Valentin, 2007, Abdi & Williams, 2010):

$$W_{jr} = \lambda_r \times \sum_1^p v_{prj}^2 \quad (2)$$

Sendo W_{jr} o índice de similaridade do j -ésimo grupo na r -ésima componente dos dados com P observações, e λ_r é o r -ésimo autovalor da decomposição em valores singulares e v_{prj} os valores do autovetor V .

Os resultados das análises foram obtidos com auxílio do software R ® para uso público por meio do pacote MVar.pt versão 1.9.8 (Ossani & Cirillo, 2017).

Resultados e discussão

Observou-se com a técnica MFA a similaridade entre os 110 genótipos avaliados levando em consideração as 10 características físico-químicas. Os resultados descritos na Tabela 2 evidenciam que as análises poderão ser explicadas em um espaço bidimensional, uma vez que a proporção da variação explicada nos dois primeiros componentes é de 100% da variação amostral, sendo que 63,77% da variabilidade é explicada pelo primeiro componente, eixo com maior proporção de explicação da variabilidade dos dados.

Tabela 2 - Proporção da variabilidade explicada pelos componentes.

Componentes	Variância	% explicação	% acumulada
1	102,006	63,77	63,77
2	57,9605	36,23	100,00

Em se tratando da inércia parcial de cada genótipo, interpretada como a quantidade de variação restituída em cada componente inerente da análise global, os valores variaram de 0,538 a

1,000 no primeiro componente (relacionado à melhor explicação com 63,77% da variação total), enquanto que no segundo componente a variação foi de 0,161 a 0,981 (Tabela 3).

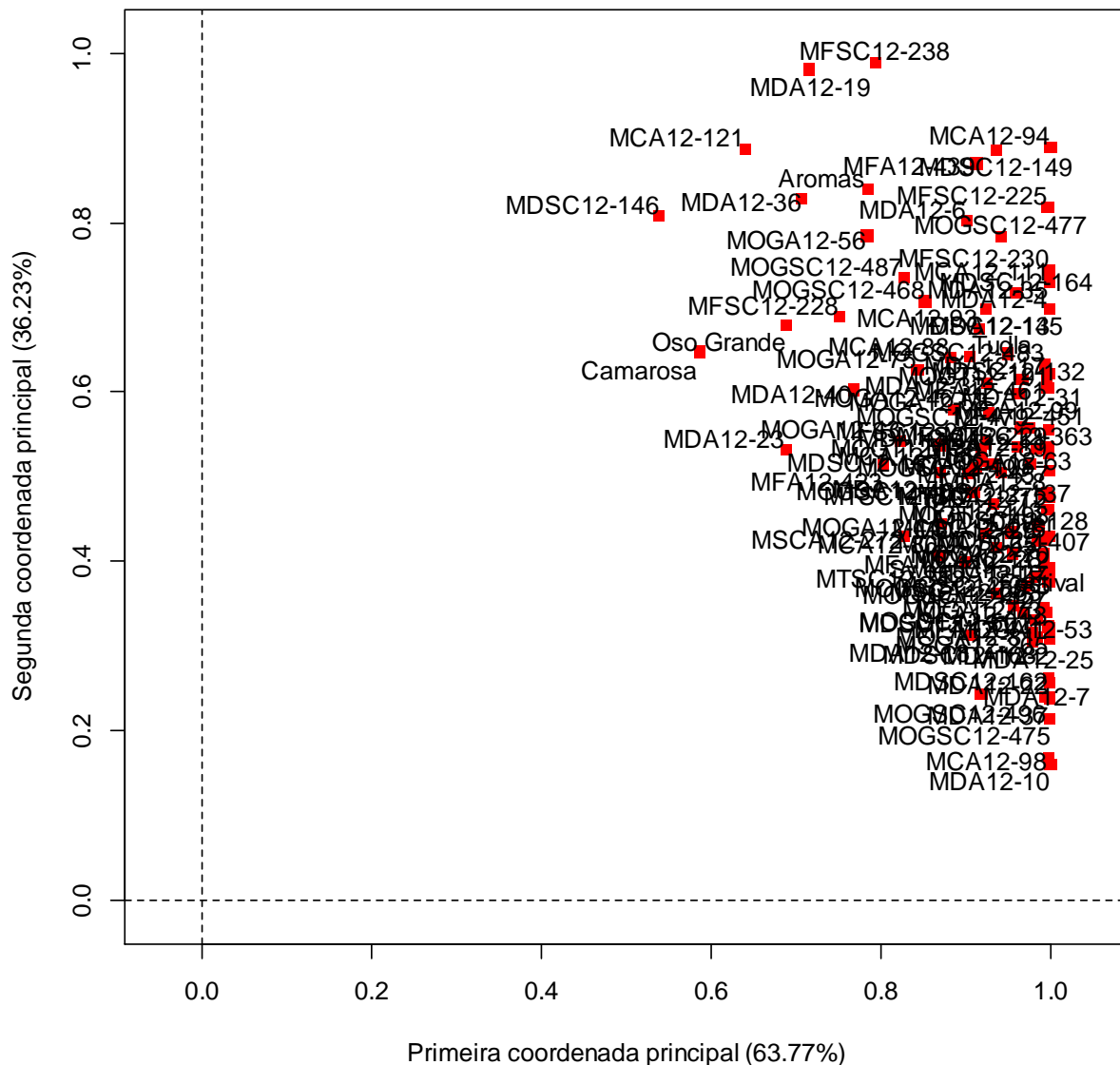
Tabela 3 - Valores referentes às inércias computadas nos dois primeiros eixos para cada genótipo formado por grupo de variáveis.

Genótipos	Componentes		Genótipos	Componentes		Genótipos	Componentes	
	1	2		1	2		1	2
MDSC12-146	0,538	0,807	MDSC12-145	0,923	0,698	MOGSC12-483	0,993	0,632
Camarosa	0,585	0,647	MFSC12-214	0,924	0,540	MCSC12-415	0,994	0,425
MCA12-121	0,639	0,887	MDA12-32	0,925	0,610	MOGSC12-496	0,994	0,240
MDA12-23	0,688	0,532	MOGA12-58	0,927	0,576	MDA12-17	0,995	0,618
Oso Grande	0,688	0,679	MDA12-8	0,932	0,515	MDA12-12	0,996	0,460
MDA12-36	0,707	0,828	MDSC12-137	0,933	0,468	MFA12-441	0,996	0,340
MDA12-19	0,716	0,981	Festival	0,935	0,363	MFA12-461	0,996	0,605
MFSC12-228	0,751	0,689	MDSC12-149	0,936	0,886	MFSC12-225	0,996	0,818
MDA12-40	0,767	0,603	MFA12-449	0,936	0,416	MFSC12-229	0,996	0,535
Aromas	0,783	0,839	MOGSC12-477	0,941	0,784	MTSC12-375	0,996	0,481
MOGA12-56	0,783	0,784	MOGA12-63	0,942	0,505	MCA12-89	0,997	0,556
MFSC12-238	0,793	0,988	MDSC12-132	0,949	0,645	MCA12-98	0,997	0,168
MFA12-423	0,802	0,514	MDSC12-128	0,954	0,434	MDA12-1	0,997	0,430
MOGA12-43	0,823	0,542	MCSC12-407	0,955	0,410	MDA12-11	0,997	0,528
MOGSC12-487	0,826	0,735	MDSC12-131	0,956	0,348	MDA12-27	0,998	0,389
MSCA12-272	0,827	0,429	MDSC12-164	0,959	0,717	MDSC12-162	0,998	0,263
MOGA12-75	0,843	0,626	MCA12-99	0,961	0,598	MFA12-427	0,998	0,375
MOGSC12-468	0,852	0,707	MTSC12-363	0,961	0,535	MFA12-448	0,998	0,324
MCA12-86	0,869	0,407	MFA12-451	0,963	0,558	MFSC12-230	0,998	0,744
MDA12-5	0,870	0,506	MDA12-31	0,967	0,614	MSCA12-265	0,998	0,322
MDSC12-167	0,870	0,538	MOGA12-53	0,967	0,341	MCA12-111	0,999	0,730
MOGA12-44	0,872	0,444	MOGSC12-485	0,971	0,372	MDA12-22	0,999	0,258
MCA12-88	0,882	0,641	MOGSC12-479	0,974	0,558	MDA12-35	0,999	0,742
MOGA12-46	0,886	0,579	MOGSC12-499	0,977	0,515	MDA12-37	0,999	0,239
MTSC12-343	0,899	0,400	MOGSC12-501	0,978	0,317	MDA12-4	0,999	0,730
MDA12-6	0,901	0,802	MDA12-25	0,979	0,305	MFA12-457	0,999	0,508
MOGSC12-469	0,904	0,504	MOGSC12-495	0,980	0,382	MOGSC12-475	0,999	0,214
Tudla	0,904	0,643	MCA12-105	0,982	0,533	MOGT12-191	0,999	0,622
MDA12-18	0,907	0,313	MOGA12-81	0,983	0,331	MOGT12-198	0,999	0,476
MTSC12-347	0,909	0,482	MDA12-29	0,984	0,424	MCA12-112	1,000	0,389
MCA12-106	0,911	0,512	MDSC12-168	0,984	0,310	MCA12-94	1,000	0,890
MFA12-439	0,913	0,870	MOGA12-65	0,985	0,441	MCSC12-385	1,000	0,393
MCA12-93	0,915	0,674	MSCA12-263	0,991	0,384	MDA12-10	1,000	0,161
MDA12-24	0,918	0,533	MDA12-28	0,992	0,408	MDA12-13	1,000	0,699
MDA12-7	0,918	0,244	MFA12-443	0,992	0,480	MDA12-2	1,000	0,309
MOGT12-188	0,919	0,519	MOGA12-73	0,992	0,345	MOGA12-70	1,000	0,430
Dover	0,923	0,433	Sweet Charlie	0,992	0,394			

Os coeficientes de similaridade (CS), representados pelas estimativas apresentadas na Tabela 3, sugerem classificar a similaridade em uma escala ordinal, na seguinte ordem: fraca similaridade entre $0,0 \leq CS < 0,3$; baixa $0,3 \leq CS < 0,5$; moderada $0,5 \leq CS < 0,7$; alta $0,7 \leq CS < 0,9$; e forte $0,9 \leq CS \leq 1,0$. Seguindo essas especificações, nota-se uma forte similaridade, 78,18% entre os genótipos avaliados. Os materiais MDA12-36 (0,707), MDA12-19 (0,716), MFSC12-228 (0,751), MDA12-40 (0,767), 'Aromas' (0,783), MOGA12-56 (0,783), MFSC12-238 (0,793), MFA12-423 (0,802), MOGA12-43

(0,823), MOGSC12-487 (0,826), MSCA12-272 (0,827), MOGA12-75 (0,843), MOGSC12-468 (0,852), MCA12-86 (0,869), MDA12-5 (0,870), MDSC12-167 (0,870), MOGA12-44 (0,872), MCA12-88 (0,882) e MOGA12-46 (0,886) apresentaram alta similaridade entre si. Enquanto que os genótipos MDSC12-146 (0,538), 'Camarosa' (0,585), MCA12-121 (0,639), MDA12-23 (0,688) e 'Oso Grande' (0,688) têm similaridade moderada em relação ao primeiro componente principal. Os resultados do primeiro e segundo componente foram utilizados para gerar a Figura 2.

Figura 2 - Coordenadas principais da similaridade entre os 103 híbridos experimentais de morangoiro desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da UFLA e sete cultivares comerciais avaliadas.



De acordo Radmann et al. (2006) a similaridade genética entre as cultivares comerciais de morango pode estar vinculada ao compartilhamento de genes derivados de ancestrais comuns mais distantes, pois a genealogia da maioria das cultivares tem um progenitor em comum: 'Aromas' (clone 87.112-6 x clone 88.270-1), 'Camarosa' ('Douglas' x clone 85.218-605), 'Dover' ('Flórida' x clone Fla 71-189), 'Sweet Charlie' (clone FI 80-456 x 'Pajaro'), 'Festival Florida' ('Rosa Linda' x 'Oso Grande') com exceção da cultivar 'Oso Grande' ('Parker' x clone 773-603) e da 'Milsei-Tudla' ('Parker' x 'Chandler') (Chandler, 2000, Conti et al., 2002 & Multiplanta, 2018). Como os híbridos experimentais avaliados nesse estudo apresentam como genitores as cultivares comerciais, por esse motivo é explicada a grande similaridade entre os 110 genótipos. No entanto é interessante observar que plantas diferentes dentro do mesmo cruzamento diferiram quanto ao grau de similaridade com os demais genótipos, como é o caso do cruzamento MCA, cujos valores de inércia variaram de 0,639 (moderada similaridade) a 0,997 (forte similaridade), comprovando a possibilidade de obtenção de ganhos em cruzamentos entre estes genitores, mesmo esses tendo genitores ancestrais em comum.

Os híbridos MDSC12-146, MCA12-121 e MDA12-23, juntamente com as duas cultivares comerciais 'Camarosa' e 'Oso Grande' distinguiram dos demais genótipos com moderada similaridade, pois, segundo estudo realizado por De Souza et al. (2017), esses materiais apresentam algumas características físico-químicas como firmeza, comprimento e largura de fruto semelhantes entre si, porém distintas dos demais.

O grau de similaridade (maior ou menor) obtido entre genótipos possibilita a identificação de genitores adequados à obtenção de

cruzamentos, com maior efeito heterótico, aumentando a possibilidade de obtenção de indivíduos superiores (Cruz & Carneiro, 2006). Conhecer as relações genéticas, entre os genótipos disponíveis para um programa de melhoramento genético, é fundamental para a definição das estratégias de utilização do germoplasma de forma eficiente (Gichuki et al., 2003).

Devido ao alto grau de similaridade entre os genótipos e pelo fato das variáveis agrônômicas não estarem envolvidas na análise do MFA, foi realizada o PCA para verificar como as variáveis se comportaram no geral. Os resultados obtidos no PCA mostraram que os dois primeiros componentes principais respondem por 40,19% da variação amostral, conforme Tabela 4, o que evidencia que as análises também poderão ser explicadas em um espaço bidimensional.

Pelos resultados apresentados na Tabela 5, de modo geral pode-se observar que o primeiro componente explica as características agrônômicas enquanto que a segunda componente explica as características físico-químicas. No primeiro componente principal observa-se que as variáveis frutos comerciais e peso médio do fruto são em módulo altamente correlacionadas entre si e ambas são inversamente correlacionadas com a porcentagem de frutos não comerciais e número total de frutos, enquanto que as outras variáveis possuem correlação baixa, exceto as variáveis largura e massa total que possuem correlação fraca e inversa. No segundo componente principal, as variáveis sólidos solúveis e acidez titulável possuem correlação moderada e inversa entre si, as variáveis pH, açúcares totais e pectina solúvel possuem em módulo baixa correlação e inversa com comprimento, enquanto as outras variáveis possuem fraca correlação exceto a variável SS/AT que possui correlação forte

Tabela 4 - Proporção explicada pelas variâncias nos componentes.

Componentes	Variância	% explicação	% acumulada
1	3,649	24,32	24,32
2	2,380	15,87	40,19
3	1,954	13,03	53,22
4	1,449	9,66	62,88
5	1,165	7,76	70,64
6	0,967	6,44	77,09
⦿	⦿	⦿	⦿
15	0,015	0,10	100,00

Tabela 5 - Correlação dos componentes principais com as variáveis originais.

Características físico-químicas					
Comp.	pH	Sólidos solúveis (%)	Acidez titulável	SS/AT	Açúcares totais (%)
1	-0,293	0,000	-0,060	0,085	0,003
2	-0,476	-0,689	0,519	-0,918	-0,464
Características físico-químicas					
Comp.	Pectina solúvel (mg/100g)	Pectina total (mg/100g)	Firmeza (N)	Comprimento (cm)	Largura (cm)
1	0,278	-0,047	-0,271	-0,289	-0,427
2	-0,359	-0,110	-0,055	0,356	0,214
Características agrônômicas					
Comp.	Massa total	Frutos comerciais %	Número total de frutos	Frutos não comerciais %	Peso médio do fruto
1	0,290	-0,919	0,756	0,919	-0,888
2	-0,040	-0,116	-0,021	0,116	-0,068

O conhecimento das correlações existentes entre os caracteres é de grande importância em programas de melhoramento genético, de forma que, quando a seleção é praticada para um caráter em particular, pode-se fazer inferências sobre a maneira pela qual este caráter afetará os demais. Estas correlações podem ser classificadas como nulas ($r=0$), fracas ($0 < r < 0,3$), médias ($0,3 \leq r < 0,6$), fortes ($0,6 \leq r < 0,9$), fortíssimas ($0,9 \leq r < 1$) e perfeitas ($r=1$) (Carvalho et al., 2004).

Para Vieira et al. (2018), as correlações entre caracteres relacionados à produção de morango, como massa total e número de frutos comerciais, peso médio dos frutos e número de frutos não comerciais foram elevadas. O que era esperado, uma vez que os frutos comerciais são maiores e um maior número deste tipo de fruto tende a gerar maiores massas totais e maior número de frutos não comerciais, que em geral são menores e tende a reduzir a média dos frutos.

Em termos práticos as variáveis, acidez titulável e sólidos solúveis, são inversamente proporcionais, sendo fatores primordiais para obtenção da relação SS/AT, fator responsável pelo *flavor* dos frutos, conferindo alta qualidade em termos de sabor ao fruto. Geralmente frutos com maiores valores SS/AT apresentam sabor suave e melhor aceitação sensorial, sendo preferidos pelos consumidores (Barankevicz et al., 2015). O pH depende da acidez do fruto e a relação SS/AT depende de AT e SS, assim como o comprimento e largura do fruto estão associados. Segundo Vieira et al. (2018) essas correlações fortes já eram esperadas.

Informações relativas ao comportamento de novos materiais, em regiões nas quais se pretende implantar um programa de melhoramento, são fundamentais para auxiliar o melhorista na escolha dos melhores cruzamentos, possibilitando a concentração de esforços nas combinações mais promissoras (Morales et al., 2011). Dessa forma, estes resultados são úteis para o entendimento da base genética dos cultivares de morango e servem de subsídios para futura implantação de um programa de melhoramento, visando ao desenvolvimento de cultivares adaptados à região Sul de Minas Gerais, bem como para outras regiões brasileiras.

Conclusões

Os 110 genótipos estudados apresentam alto grau de similaridade entre si, sendo que mais de 97% dos híbridos experimentais tem similaridade forte ou alta com os demais genótipos. As cultivares comerciais 'Camarosa' e 'Oso Grande', e os híbridos experimentais MDSC12-146, MCA12-121 e MDA12-23 são os materiais que apresentam maior divergência com relação aos demais genótipos estudados, sendo recomendados para aumentar a base genética do programa de melhoramento.

Referências

- Abdi, H & Valentin, D. (2007). Multiple factor analysis (MFA). In: Salkind NJ, (Ed.). *Encyclopedia of Measurement and Statistics* (pp.657-663) Thousand Oaks (CA): Sage.
- Abdi, H & Williams, L. (2010). Principal Component Analysis. *WIREs Computational Statistics*, 2 (1), 433-459. Recuperado de <https://doi.org/10.1002/wics.101>
- Abdi, H, Williams, L., & Valentin, D. (2013). Multiple factor analysis: principal component analysis for multitable and multiblock data sets. *WIREs Computational Statistics* 5(1), 149-179.
- Barankevicz, G.B., Novello, D., Resende, J.T.V., Schwarz, K., & Santos, E.F. (2015). Características físicas e químicas da polpa de híbridos de tomateiro, durante o armazenamento congelado. *Horticultura Brasileira*, 33 (1), 7-11.
- Bécue-Bertaut, M., & Pagès, J. (2008). Multiple factor analysis and clustering of a mixture of quantitative, categorical and frequency data. *Computational Statistics & Data Analysis*, 52 (6), 3255-3268.
- Bitter, T., & Muir, H.M. (1962). A modified uronic acid carbazole reaction. *Analytical biochemistry*, 4 (4), 330-334.

- Brasil. (1992). Ministério da Agricultura e da Reforma Agrária. Departamento Nacional de Meteorologia. *Normais climatológicas: 1961-1990* (84 p). Brasília, DF: Ministério da Agricultura e da Reforma Agrária.
- Camargo, L.S., & Passos, F.A. (1993). Morango. In: Furlani, A. M. C., & Viégas, G. P. (Ed.). *O melhoramento de plantas no Instituto Agrônomo* (v. 1, pp. 411-432). Campinas: Instituto Agrônomo.
- Carvalho, F.I.F., Lorencetti, C., & Benin, G. (2004). *Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal* (142 p). Pelotas: UFPel.
- Chandler, C.K. (2000). Strawberry festival 'strawberry. *HortScience*, 35 (7), 1366-1367
- Chandler, C.K. (2012). Strawberry. In: Badenes, M. L., & Byrne, D. H. (Ed.). *Fruit breeding* (pp. 305-325). New York: Springer.
- Conti, J.H., Minami, K., & Tavares, F.C.A. (2002). Comparação de caracteres morfológicos e agrônômicos com moleculares em morangueiros cultivados no Brasil. *Horticultura Brasileira*, 20 (1), 419-423.
- Cruz, C.D., & Carneiro, P.C.S. (2006). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (585 p). Viçosa: Editora UFV.
- De Souza, D.C., Vieira, S.D., Resende, L.V., Galvão, A.G., Ferraz, A., Resende, J.T.V., & Elias, H.H.S. (2017). Propriedades físico-químicas em frutos de híbridos experimentais de morangueiro. *Agrotrópica*, 29 (1), 85-96
- Dias, M.S.C. (2007). Morango. In: Paula Jr., T. J., & Venzon, M. (Ed.). *101 culturas: manual de tecnologias agrícolas* (p. 800). Belo Horizonte: EPAMIG.
- Dische, Z. (1962). Color reactions of carbohydrates. *Methods in carbohydrate chemistry*, 1 (1), 475-514.
- Escofier, B., & Pagès, J. (1982). Comparaison de groupes de variables définies sur le même ensemble d'individus: un exemple d'applications. Working paper 165. Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, Le Chesnay, France.
- Escofier, B., & Pagès, J. (1990). *Analyse Factorielles Simples et Multiples*. Paris: Dunod.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2016). Recuperado em Maio, 2016, de <http://faostat.fao.org>.
- Federer, W.T. (1956). Augmented (hoonuiaku) designs. *Hawaiian Planters Record*, Aica, 55 (1), 191-208.
- Freitas, L. A. (2018). *Avaliação genética de crescimento e resistência a verminoses em ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória e análises multivariadas*. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, SP, Brasil.
- Galvão, A.G., Resende, L.V., Guimaraes, R.M., Ferraz, A.K.L., Morales, R.G.F., Marodin, J.C., & Catão, H.C.R.M. (2014). Overcoming strawberry achene dormancy for improved seedling production in breeding programs. *Idesia*, 32 (1), 57-62.
- Gichuki, S.T., Berenyl, M., Zhang, D., Hermann, M., Schmidt, J., Glossol, J., & Burg, K. (2003). Genetic diversity in sweet potato (*Ipomoea batatas*) in relationship to geographic source as assessed with RAPD markers. *Genetic resources and crop evolution*, 5 (1), 429-437.
- Gil-Ariza, D.J., Amaya, I., López-Aranda, J.M., & Sánchez-Sevilla, J.F. (2009). Impact of plant breeding on the genetic diversity of cultivated strawberry as revealed by expressed sequence tag-derived simple sequence repeat markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 134 (3), 337-347.
- Horowitz, W. (Ed.). (2016). Official methods of analysis of the Association of Official. *Analytical Chemists* (20th ed., 3rd rev., 3100 p). Gaithersburg, Maryland: AOAC.
- Mccready, R. & Mccomb. (1970). *Pectin. Methods in Food Analysis: physical, chemical and instrumental methods of analysis*, 30, 575-599.
- Morales, R.G.F, Resende, J.T.V., Faria, M.V., Silva, P.R., Figueiredo, A.S.T. & Carminatti, R. (2011). Divergência genética em cultivares de morangueiro, baseada em caracteres

morfoagronômicos. *Revista Ceres*, Viçosa, 58 (3), 323-329.

Multiplanta. (2018) *Morango: cultivares*, Recuperado em 13 janeiro, 2018, de <http://www.multiplanta.com.br>.

Munaretto, L.M., Botelho, R.V., Resende, J.T.V, Schwarz, K., & Sato, A.J. (2018). Productivity and quality of organic strawberries pre-harvest treated with silicon. *Horticultura Brasileira*, 36 (1), 40-46.

Murashige, T., & Skoog, F. (1962). A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum*, Copenhagen, 15 (1), 473-497

Nick, C., & Borém A. (2016). *Melhoramento de hortaliças* (464 p). Viçosa, MG: UFV.

Ossani, P.C., & Cirillo M. Â. (2017). MFAg: a R package for carrying out the multiple factor analysis. *Revista da Universidade Vale do Rio Verde*, 15 (2), 566-575.

Pagès, J. (2002). Analyse factorielle multiple appliquée aux variables qualitatives et aux données mixtes. *Revue de Statistique Appliquée*. 50 (4), 5-37.

Pagès, J. (2004). Multiple Factor Analysis: main features and application to sensory data. *Revista Colombiana de Estadística*. 27(1), 1-26.

Pbmh, & Pimo. (2009). Programa Brasileiro Para a Modernização da Horticultura e Produção Integrada de Morango. *Normas de Classificação de Morango* (Documento, n.33). São Paulo: CEAGESP.

Radmann, E.B., Bianchi, V.J., Oliveira, R.P., & Fachinello, J.C. (2006). Caracterização e diversidade genética de cultivares de morangueiro. *Horticultura Brasileira*, 26, 84-87.

Rios, S. (2007). Melhoramento genético do morangueiro. *Informe Agropecuário*, 28 (1), 14-19.
Souza Jr., C. L. (1995). *Melhoramento de espécies de propagação vegetativa* (41p). Piracicaba: ESALQ/U

Vieira, S.D., De Souza, D.C., Martins, I. A., Ribeiro, G. H. M. R., Resende, L. V., Ferraz, A. K.

L., Galvão, A. G., & Resende, J. T. V. (2017). Selection of experimental strawberry (*Fragaria x ananassa*) hybrids based on selection indices. *Genetics and Molecular Research* 16 (1). DOI: 10.4238/gmr16019052

Recebido em: 20/09/2018
Aceito em: 05/02/2019