

**UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO
JEQUITINHONHA E MUCURI – UFVJM**

ALCINEI MISTICO AZEVEDO

**DIVERGÊNCIA, VARIABILIDADE GENÉTICA E DESEMPENHO
AGRONÔMICO EM GENÓTIPOS DE COUVE**

DIAMANTINA - MG

2012

ALCINEI MISTICO AZEVEDO

**DIVERGÊNCIA, VARIABILIDADE GENÉTICA E
DESEMPENHO AGRONÔMICO EM GENÓTIPOS DE COUVE**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Produção Vegetal da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, área de concentração Produção Vegetal, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador: Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior

DIAMANTINA - MG

2012

Ficha Catalográfica - Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecário Anderson César de Oliveira Silva, CRB6 - 2618.

A994d	<p>Azevedo, Alcinei Místico Divergência, variabilidade genética e desempenho agrônomo em genótipos de couve/ Alcinei Místico Azevedo. – Diamantina: UFVJM, 2012. 52p.</p> <p>Orientador: Valter Carvalho de Andrade Júnior</p> <p>Dissertação(Mestrado - Curso de Pós Graduação em Produção Vegetal) - Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p>1. <i>Brassica oleracea</i> var. <i>acephala</i> L.2. Análise multivariada. 3. correlação fenotípica. 4. Correlação genotípica. 5. Herdabilidade. I. Título II. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p style="text-align: right;">CDD 631.5</p>
-------	--

**DIVERGÊNCIA, VARIABILIDADE GENÉTICA E DESEMPENHO
AGRONÔMICO EM GENÓTIPOS DE COUVE**

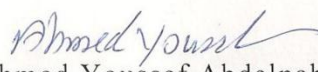
Alcinei Místico Azevedo


Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, nível de Mestrado, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre.

APROVADA EM 09 / 03 / 2012


Prof. Ernani Clarete da Silva – UFSJ


Prof. José Sebastião Cunha Fernandes – UFVJM


Pesq. Ahmed Youssef Abdelnabi Mohamed Elsayed – UFVJM


Prof. Valter Carvalho de Andrade Júnior – UFVJM
Presidente

DIAMANTINA
2012

OFEREÇO

A Deus e meus mentores espirituais pelas graças recebidas. Aos meus pais pelo amor e compreensão, sempre me guiando pelo caminho correto.

DEDICO

Aos meus pais Jair Aparecido de Azevedo e Maria Aparecida Pires Ramos de Azevedo e a todos os meus amigos e familiares como agradecimento por todo carinho e apoio.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) pela oportunidade de realização do curso e pela contribuição à minha formação acadêmica.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), por ter me acolhido de braços abertos durante o início de meu mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (Fapemig) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo patrocínio do projeto de pesquisa e à Coordenadoria de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão de bolsa de estudo.

Ao professor Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior, pela amizade, incentivo, orientação e por ser exemplo de dedicação, esforço e profissionalismo.

Ao professor Dr. Wilson Roberto Maluf pelo apoio, amizade e por ter indicado em suas aulas o caminho profissional que desejo seguir.

Ao professor Dr. José Carlos Moraes Rufini, pelo incentivo à pesquisa durante minha iniciação científica.

Ao professor Dr. José Sebastião Cunha Fernandes, pelo apoio, amizade e expressiva contribuição neste trabalho.

Ao professor Dr. Ernani e Dr. Ahmed por aceitar fazer parte da minha banca de defesa.

Ao meu padrinho Leonidas e sua esposa Rita pela participação em meu crescimento profissional.

Aos meus amigos Carlos, Vinícius, Celso, Irã, Danilo, Alessandro, Adson, Caio e Fabrício pela amizade, paciência, dedicação e pelos momentos de descontração.

Aos irmãos da olericultura Carlos, Marcos Aurélio, Rafael, Ahmed, Bárbara, Nermy, Marcus Flavius, Gustavo, Renner e Ana Cláudia que muito contribuíram para minha dissertação.

Aos funcionários Teodoro, Geraldo, Zezinho, Rogério, Adélcio e Altair pela amizade e auxílio em minha dissertação.

A Nermy por ser uma namorada carinhosa, compreensiva, dedicada e por ser companheira em todos os momentos.

A todos os meus familiares pelo incentivo.

Às secretárias da Pró-reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, pela ajuda nos momentos de dúvidas.

A todos os professores e funcionários da Pós-Graduação da UFVJM e UFLA.

Aos colegas do curso pelo constante apoio e consideração.

RESUMO

AZEVEDO, A. M. **DIVERGÊNCIA, VARIABILIDADE GENÉTICA E DESEMPENHO AGRONÔMICO EM GENÓTIPOS DE COUVE.** 2012. 52p. (Dissertação - Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012.

Embora haja grande variabilidade genética para a couve, são poucos trabalhos no Brasil que visam obter informações para programas de melhoramento genético nesta cultura. Assim, objetivou-se neste trabalho caracterizar 30 genótipos de couve a partir de caracteres morfo-agronômicos para estimar a divergência genética, a importância dos caracteres para a divergência, o desempenho agronômico, os parâmetros genéticos e a correlação entre as características avaliadas. O experimento foi conduzido na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) utilizando o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições constituídos por cinco indivíduos, avaliando-se 30 genótipos de couve a partir de 44 características. Observaram-se genótipos com grande divergência genética entre si, sendo os genótipos UFLA-6 e UFVJM-24 os mais divergentes dos demais, contudo, a maioria dos genótipos são similares, o que evidencia uma base genética restrita. O comprimento do pecíolo, proporção da projeção alada, o tom de roxo da superfície adaxial da nervura primária, formato da margem foliar, número de folhas totais, formato da base da folha e diâmetro da base do pecíolo foram as características mais discriminantes quanto à divergência genética em genótipos de couve. Verificou-se variabilidade genética entre os genótipos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, indicando a possibilidade de se obter ganhos genéticos representativos no melhoramento. O comprimento da folha, largura da folha, diâmetro do pecíolo, área foliar, altura da planta, número de brotações e massa seca da folha se apresentaram como as características mais importantes no melhoramento genético da couve. Os genótipos comerciais apresentaram características distintas dos demais genótipos. Verificou-se destaque para o genótipo UFLA-11, que se apresentou entre os genótipos com maior tamanho de folha e produção de folhas comerciais.

Palavras-chave: *Brassica oleracea* var. *acephala* L., análise multivariada, correlação fenotípica, correlação genotípica, herdabilidade.

ABSTRACT

AZEVEDO, A. M. **DIVERGENCE, GENETIC VARIABILITY AND AGRONOMIC PERFORMANCE IN KALE GENOTYPES.** 2012. P 52. (Dissertation - Master in Plant Production) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012.

Although there is large kale genetic variability there are few studies in Brazil aiming to obtain information of this culture for breeding programs purposes. Thus, this study aimed to characterize 30 kale genotypes from morpho-agronomic traits to estimate the genetic diversity, the importance of those traits for the divergence, the agronomic performance, the genetic parameters and the correlation between the evaluated characteristics. The experiment was conducted at the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), using a randomized block design with four replicates consisting of five individuals, evaluating 30 genotypes of kale from 44 features. Genotypes with significant genetic divergence were observed, and the genotypes UFLA-6 and UFVJM -24 were the ones most divergent from the others, however, most genotypes are similar, which shows a narrow genetic base. The petiole length, projection winged proportion, the purple shade of adaxial surface of the primary beam, form of leaf margins, number of leaves, shape of leaf base and diameter of the base of the petiole were the characteristics that stood out for genetic divergence in kale genotypes. There was observed significant genetic variability among genotypes, with a predominance of genetic effects over the environmental ones, indicating the possibility of obtaining representative genetic gains in breeding. The leaf length, leaf width, petiole's diameter, leaf area, plant height, shoot number and dry weight of the leaves are presented as the most important features in the kale genetic improvement. The commercial genotypes showed distinct characteristics from the other genotypes. It stands for genotype UFLA-11, which appeared between genotypes with biggest leaf size and commercial leaf production.

Keywords: *Brassica oleracea* var. *Acephala* L., multivariate analysis, phenotypic correlation, genetic correlations, heritability.

LISTA DE FIGURAS

ARTIGO CIENTÍFICO I.	Pág.
Figura 1. Escala de notas para as características avaliadas na folha em genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.	16
Figura 2. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade obtido pelo método UPGMA, com base na distância de Mahalanobis. Diamantina, UFVJM, 2012.	18

LISTA DE TABELAS

ARTIGO CIENTÍFICO I.	Pág.
Tabela 1 Estimativas para a distância dos genótipos de couve mais próximos e mais distantes, baseados nas distâncias generalizadas de Mahalanobis (D2). Diamantina, UFVJM, 2012.	17
Tabela 2 Agrupamentos formados com base no método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis em genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.	18
Tabela 3 Contribuição relativa (%) de características para a divergência genética em genótipos de couve, estimados pelo método proposto por Singh (1981). Diamantina, UFVJM, 2012.	19
ARTIGO CIENTÍFICO II.	
Tabela 1 Esquema da análise de variância para cada caráter em nível de plantas individuais e de parcela para um delineamento balanceado de blocos ao acaso. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.	35
Tabela 2 Estimativas do quadrado médio do genótipo (QM_{gen}) e estimativas dos coeficientes de variação do erro dentro (CVe_{dentro}) e entre (CVe_{entre}), coeficiente de variação genético (CVg), das variâncias genéticas (σ_g^2), variâncias residual (σ_e^2), variâncias dentro (σ_d^2), herdabilidade da média ($h_{(m)}^2$), herdabilidade do indivíduo no bloco ($h_{(i)bl}^2$), herdabilidade do indivíduo no experimento ($h_{(i)exp}^2$), herdabilidade da parcela no bloco ($h_{(p)bl}^2$), herdabilidade da parcela no experimento ($h_{(p)exp}^2$), índice de variação (I_v) e ganho com a seleção (GS) para 11 características de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.	36
Tabela 3 Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e correlação genotípica (abaixo da diagonal) entre 11 características avaliadas em 30 genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2010.	37
Tabela 4 Média do comprimento da folha (CF), largura da folha (LF), comprimento do pecíolo (CP), diâmetro do centro do pecíolo (DP), área foliar (AF) e média da massa seca da folha (MSF) em genótipos de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.	38
Tabela 5 Altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas totais (NFT), número de folhas comerciais (NFC) e número de brotações (NB) em genótipos de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.	39

SUMÁRIO

	Pág.
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
LISTA DE FIGURAS.....	iii
LISTA DE TABELAS.....	iv
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	3
ARTIGO CIENTIFICO I.....	4
1 Resumo.....	4
2 Abstract.....	5
3 Introdução.....	6
4 Material e Métodos.....	7
5 Resultados e discussão.....	10
6 Conclusão.....	12
7 Agradecimentos.....	13
8 Referências Bibliográficas.....	13
ARTIGO CIENTIFICO II.....	20
1 Resumo.....	20
2 Abstract.....	21
3 Introdução.....	22
4 Material e Métodos.....	23
5 Resultados e discussão.....	27
6 Conclusões.....	32
7 Agradecimentos.....	32
8 Referências Bibliográficas.....	33
CONCLUSÃO GERAL.....	40

INTRODUÇÃO GERAL

A couve (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) é uma cultura rica em carotenóides, que despertam grande interesse em virtude de sua importância na prevenção de determinados tipos de câncer (como de pulmão, mama, cavidade oral, cólon e reto), de doenças cardiovasculares e catarata, na ação inibidora nas mucosas contra úlceras gástricas e na atuação sobre o sistema imunológico (LUCIA et al., 2008).

Embora a importância e o consumo de couve tenham aumentado, são raros os trabalhos no Brasil com esta cultura, principalmente com foco no estudo da divergência genética e na seleção de genótipos superiores e de genitores para programas de melhoramento.

O sucesso em um programa de melhoramento depende, entre outros fatores, da disponibilidade de genitores que apresentem alta divergência genética para as características sob seleção e com bom desempenho *per se*. O estudo da divergência genética pode ser feito por meio de técnicas multivariadas, sendo uma opção viável, uma vez que permite múltiplas combinações de informações dentro da unidade experimental, através da discriminação do genótipo com base em uma variável complexa (MOREIRA et al., 2009).

Para a quantificação da divergência genética, os caracteres morfo-agronômicos são descritores bastante acessíveis quando comparados com técnicas moleculares mais avançadas e conseqüentemente vêm sendo utilizados por vários autores como Daros et al. (2002), Oliveira et al. (2004) e Bertini et al. (2009).

Além da avaliação da divergência genética, alguns estudos preliminares devem ser feitos, como forma de auxiliar na escolha de estratégias de melhoramento mais adequadas para a cultura e que permitam fazer inferências sobre a predição de ganhos com a seleção.

Dentre estes estudos, destacam-se as estimativas de parâmetros genéticos como variância genotípica, coeficiente de variação genético, herdabilidade e índice de variação (CRUZ et al., 2004). Neste contexto, o estudo de correlação também se destaca, permitindo avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres, permitindo avaliar a possibilidade da seleção indireta, o que pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção do caráter desejado.

Desta forma, torna-se importante avaliar genótipos de couve quanto a sua divergência genética, desempenho agrônômico, parâmetros genéticos e correlação, como informações preliminares para futuros programas de melhoramento destinados à cultura.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BERTINI, C.H.C.M.; TEÓFILO, E. M.; DIAS, F. T. C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco de germoplasma da UFC. **Revista Ciência Agronômica**, v.40, p.99-105, 2009.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DAROS, M.; MARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, T.N.S.; LEAL, N.R.; FREITAS, S.P.; SEDIYAMA, T. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v.20, p.43-47, 2002.

LUCIA, C.M.D.; MILAGRES, F.C.; CAMPOS, G.M.S.; PINHEIRO-SANT'ANA, H.M. Controle de perdas de carotenóides em hortaliças preparadas Em unidade de alimentação e nutrição hospitalar. **Ciência & Saúde Coletiva**, v.13, n.5, p.1627-1636, 2008.

MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VANCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, L. Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, p.1051-1060, 2009.

OLIVEIRA, A.C.B; SEDIYAMA, M.A.N; PEDROSA M.W; GARCIA, N.C.P; GARCIA, S.L.R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum Agronomy**. v.26, p.211-217, 2004.

ARTIGO CIENTÍFICO I

Pesquisa Agropecuária Brasileira

Versão impressa ISSN 0100-204X

AZEVEDO, A.M. **Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de couve**. 2012. 16p. Dissertação de Mestrado (Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Produção Vegetal). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012.

Resumo – Há necessidade de se caracterizar os genótipos existentes de couve quanto aos seus caracteres morfológicos, estimando a divergência genética e a importância desses caracteres para o estudo da divergência. Assim, objetivou-se com este trabalho caracterizar genótipos de couve do banco de germoplasma da UFVJM quanto aos seus caracteres morfológicos, visando estimar a divergência genética por meio de diferentes técnicas de análise multivariada e verificar a importância das características avaliadas para o estudo de divergência. O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura da UFVJM, Diamantina, MG, utilizando o delineamento em blocos casualizados contendo trinta genótipos e quatro repetições, constituídas por cinco plantas. Os genótipos avaliados fazem parte do banco de germoplasma de couve da UFVJM. Para a caracterização morfológica avaliaram-se em cada planta quarenta e quatro características, verificando-se que há alguns genótipos com grande divergência genética entre si, sendo os genótipos UFLA-6 e UFVJM-24 os mais divergentes em relação aos demais, contudo, a maioria são similares. O comprimento do pecíolo, proporção da projeção alada, o tom de roxo da superfície adaxial da nervura primária, formato da margem foliar, número de folhas totais, formato da base da folha e diâmetro da base do pecíolo são as características mais discriminantes quanto à divergência genética.

Termos para indexação: *Brassica oleracea* var. *acephala* L., Análise multivariada, Distância de Mahalanobis, Agrupamento de Tocher.

AZEVEDO, A.M. **Genetic divergence and importance of characters in genotypes of cabbage.** 2012. 16p.,MSc's Dissertation (*Stricto Sensu* Graduate Program in Plant Production). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012.

Summary - There is a need to characterize kale genotypes in regard to their morphological characters, estimating genetic diversity and importance of these characters for the study of divergence. Thus, the aim of this study was to characterize the kale genotypes collected from UFVJM'S germplasm bank as to their morphological characters, aiming to estimate the genetic diversity by means of different techniques of multivariate analysis and to verify the importance of the characteristics assessed for the study of divergence. The experiment was conducted at the Department of Vegetable Crops of UFVJM, in Diamantina, Minas Gerais, Brazil, using a randomized block design with thirty genotypes and four replications, consisting of five plants. The evaluated genotypes are part of the UFVJM's germplasm bank collection. To the morphological characterization there have been evaluated, in each plant, forty-four characteristics. There have been verified that some genotypes presented significant genetic divergence, and the genotypes UFVJM-24 and UFLA-6 were the most divergent compared one to the other, however, most types are similar. The petiole length, projection winged proportion, purple shade of adaxial surface of the primary beam, form of leaf margins, number of leaves, shape of leaf base and petiole's base diameter are the most discriminating features related to genetics divergence.

Keywords: *Brassica oleracea* var. *Acephala* L., Multivariate analysis, Mahalanobis Distance, Tocher's Grouping.

Introdução

A couve (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) é uma das formas mais antigas da família das *Brassicáceas*, originada no leste do mediterrâneo e utilizada para a alimentação humana há mais de 2000 a.c (BALKAYA & YANMAZ, 2005). Bem como as outras brássicas, esta cultura apresenta alto teor de água e baixo teor de lipídeos, carboidratos e propriedades calóricas (VILAR et al., 2008), além de apresentar ação anticarcinogênica, uma vez que é fonte rica de glucosinolatos e possui um elevado teor de flavonóides, vitaminas e nutrientes minerais (MORENO et al., 2006).

Por ser uma cultura rústica, que se adapta em diferentes condições ambientais, a couve não necessita de alto nível tecnológico para o seu cultivo (VILAR et al., 2008). No entanto, é necessário um intenso trabalho de melhoramento para esta cultura, principalmente para aumentar sua produtividade de folhas com padrão comercial e resistência para o ataque de *Brevicoryne brassicae* (L.) e da *Plutella xylostella* (L.), que são as principais pragas das brássicas (LOVATTO et al., 2004; BOIÇA JÚNIOR et al, 2010).

Existem muitos recursos genéticos podem ser utilizados no melhoramento, porém, há o perigo de se perder cultivares antigas devido à modernização das técnicas produtivas, mudanças socioeconômicas e pela introdução de novas cultivares (LAGHETTI et al., 2005; GEPTS, 2006; CHRISTENSEN et al., 2011). Desta forma, há necessidade de se caracterizar os genótipos de couve quanto aos seus caracteres agronômicos, variabilidade genética e mantê-los para futuros programas de melhoramento.

Atualmente, pesquisadores em muitos países estão se atentando para a necessidade de estudar a divergência genética existente nas brássicas como na Índia (KHAN et al., 2009, VAISHNAVA et al., 2006), Paquistão (YOUSUF et al., 2011), Etiópia (BELETE et al., 2011), Turquia (OKUMUS & BALKAYA, 2007), Bangladesh (KHATUN et al., 2010; NATH et al., 2003), Grécia (KOUTITA et al., 2008), Dinamarca, Suécia e Itália

(CHRISTENSEN et al., 2011; SJODIN et al., 2008), utilizando a análise multivariada como ferramenta no estudo da divergência. No entanto, no Brasil são raros os trabalhos que visam caracterizar a divergência genética da couve e de outras brássicas.

Sendo assim, objetivou-se com este trabalho caracterizar genótipos de couve do banco de germoplasma da UFVJM quanto aos seus caracteres morfológicos, visando estimar a divergência genética por meio de diferentes técnicas de análise multivariada e verificar a importância das características avaliadas para o estudo de divergência.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura, localizado no campus JK da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), com altitude de 1387 m e coordenadas 18°12'01"S e 43°34'20"W. No período de condução do experimento, a temperatura média foi de 18,3 °C com umidade relativa do ar de 80,3 %, havendo poucas oscilações no decorrer deste período.

O delineamento experimental utilizado foi o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Foram avaliados 30 genótipos de couve do banco de germoplasma da UFVJM, sendo 19 genótipos oriundos de coletas em propriedades rurais na região de Diamantina-MG (UFVJM-2, UFVJM-3, UFVJM-4, UFVJM-5, UFVJM-7, UFVJM-8, UFVJM-9, UFVJM-10, UFVJM-13, UFVJM-19, UFVJM-21, UFVJM-22, UFVJM-24, UFVJM-26, UFVJM-27, UFVJM-30, UFVJM-32, UFVJM-34 e UFVJM-36), 8 genótipos doados pela Universidade Federal de Lavras (UFLA-1, UFLA-3, UFLA-6, UFLA-8, UFLA-5, UFLA-10, UFLA-11 e UFLA-12) e 3 cultivares comerciais de couve: couve manteiga 900 legítima pé alto da empresa Feltrin® (COM-1), couve manteiga da empresa

Vidasul baby[®] (COM-2) e couve de folha manteiga Geórgia da empresa Horticerres[®] (COM-3).

Para a instalação do experimento, foram coletadas no dia 28 de julho de 2011 brotações para a formação das mudas pelo sistema de estaquia verde coletando-se as brotações laterais no terço basal das plantas matrizes, com três a quatro centímetros de altura e dois folíolos. Após coleta, os brotos foram plantados em bandejas de isopor de 72 células, preenchidas com substrato comercial Plantimax[®] e mantidos em casa de vegetação no Setor de Olericultura da UFVJM por 30 dias, a fim de garantir o melhor enraizamento das brotações. Para o transplante das mudas utilizaram-se vasos com capacidade de 7,5 kg de solo preenchido com latossolo vermelho distrófico e esterco bovino na proporção 3:1. Para garantir o melhor pegamento das mudas os vasos foram mantidos em casa de vegetação por 30 dias. Em 28 de setembro de 2011 os vasos foram levados para o campo, onde permaneceram até a coleta dos dados para a caracterização morfológica. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2008) e o controle de pulgões e lagartas foi feito manualmente em dias alternados. Semanalmente, foram retiradas as folhas senescentes e as brotações para possibilitar o melhor desenvolvimento das plantas.

No dia 2 de janeiro de 2012, foram avaliados, em cada indivíduo, a altura das plantas utilizando fita métrica graduada em cm (a partir do nível do solo até a extremidade das folhas mais altas); o diâmetro do caule em mm (medido com paquímetro na metade da altura da planta); o comprimento e largura do limbo foliar utilizando régua graduada em cm (selecionando-se a 5ª folha expandida mais nova); o número de folhas apropriadas para a comercialização (obtida pela contagem das folhas maiores que 15 cm e sem sinais de senescência); o número total de folhas na planta (obtida pela contagem de todas as folhas desconsiderando as não expandidas e as folhas existentes nas brotações); o número de

brotações e o número de pulgões adultos de (*Brevicoryne brassicae* (L.)) e de lagartas (*Plutella xylostella* (L.) de 4ª instar) presente em todas as folhas da planta. Na 5ª folha expandida, mais nova de cada planta, foram avaliados: o diâmetro da base e do centro do pecíolo em mm (medido com paquímetro na metade de sua extensão); o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar); a área foliar em cm² (foi coletada a 5ª folha expandida mais nova de cada planta que compõe a parcela e escaneada utilizando um Scanner HP Photosmart C4480, totalizando 5 folhas por repetição, sendo sua área estimada com o auxílio do software Image Pro Plus 4.5); e o peso da matéria seca em estufa com ventilação forçada de ar a 65 °C até atingir peso constante.

Para a caracterização dos genótipos quanto aos caracteres qualitativos, a fim de proporcionar maior facilidade na análise e interpretação dos dados a partir da estatística uni e multivariada, utilizou-se escala de notas. Desta forma, a 5ª folha expandida mais nova de cada planta foi coletada e levada para o Laboratório de olericultura, onde rapidamente foram avaliadas por cinco avaliadores previamente treinados o formato do limbo foliar, formato da margem foliar, formato do ápice foliar, formato da base foliar, base do pecíolo, proporção da projeção alada e tonalidade de verde, roxo e amarelo da parte adaxial e abaxial do pecíolo, da nervura principal, da nervura secundária e do limbo foliar seguindo a escala de notas apresentada na Figura 1.

A fim de se atender as pressuposições da análise de variância, os dados obtidos por contagem e pontuação foram submetidos à transformação $\sqrt{X + 1}$. Para a aplicação do método de agrupamento de otimização de Tocher citado por Rao (1952), foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade. O dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) também foi utilizado no estudo da diversidade genética

entre os genótipos. Tal procedimento permite avaliar melhor a divergência, confrontando os resultados obtidos por diferentes metodologias de análise multivariada, possibilitando interpretação mais precisa dos resultados e evitando possíveis equívocos. Com o intuito de verificar a importância dos caracteres para a divergência, foi avaliada a contribuição relativa para a divergência genética, estimados pelo método proposto por Singh (1981).

As análises uni e multivariadas foram realizadas utilizando-se o aplicativo genético-estatístico Genes (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

As medidas de dissimilaridade genética (Tabela 1), estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), apresentaram uma variação de 15,25 a 661,90, o que segundo Benitez et al. (2011) indica a presença de ampla divergência genética entre os genótipos estudados, o que também foi verificado por Khan et al. (2009) avaliando genótipos de couve.

Os genótipos UFLA-3 e UFLA-6 foram os mais divergentes entre si ($D^2=661,90$), seguido dos genótipos UFVJM-10 e UFLA-24 ($D^2=632,78$) enquanto que os genótipos COM-1 e COM-3 foram os menos divergentes ($D^2=15,25$), seguidos dos genótipos UFVJM-34 e UFVJM-22 ($D^2=22,60$). O genótipo UFLA-6 esteve presente em 9 combinações, apresentando-se como o genótipo mais divergente em relação aos demais genótipos, seguido do UFVJM-24 que esteve presente em 8 combinações. Esta informação é importante, mostrando que estes genótipos podem ser utilizados em cruzamentos com os outros genótipos, pois segundo Belete et al. (2011), o cruzamento entre genótipos com maior divergência genética possibilita a obtenção de populações segregantes e identificação de genótipos transgressivos para múltiplas características.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher (Tabela 2), possibilitou a separação dos 30 genótipos em seis grupos, verificando-se a presença de 77% dos genótipos no primeiro grupo, o que indica que embora haja alguns genótipos com grande divergência genética entre si, a maioria são similares, o que segundo Silva et al. (2011) evidencia uma base genética restrita. O mesmo foi observado por diversos autores em diferentes culturas, como Sudre et al. (2005) avaliando pimenta e pimentão, Vaishnava et al. (2006) avaliando mostarda-amarela, Nunes et al. (2011a) avaliando linhagens de melão pele de Sapo, Nunes et al. (2011b) avaliando linhagens de melão do grupo *Inodorus* e Silva et al. (2011) avaliando cana-de-açúcar.

A ocorrência de mudanças abruptas nos agrupamentos, e o conhecimento prévio dos genótipos, foram utilizados para a formação de grupos no dendrograma (Figura 2), considerando-se o corte como a distância de 70%, resultando na formação de 6 grupos. Observou-se que os genótipos COM-2, UFVJM-10, UFLA-3, UFVJM-24, UFVJM-3 e UFLA-6 se mantiveram agrupados no dendrograma da mesma forma quando avaliados pelo método Tocher. No entanto, os genótipos pertencentes ao grupo I formado pelo método Tocher, que antes eram similares se dividiram em dois grupos no dendrograma: os genótipos COM-1 e COM-3 continuaram a serem considerados genótipos similares entre si, mas distintos dos demais, o que já era esperado, visto que as cultivares comerciais recentes tendem a apresentar características morfológicas distintas das variedades antigas, como maior número de folhas, possibilitando a maior produtividade e menor porte da planta reduzindo a necessidade de tutoramento e facilitando os tratamentos culturais.

Diferenças para a estimativa da divergência genética entre o método Tocher e o dendrograma, também foi observado por outros autores como Sudré et al. (2005), Ivoglo et al. (2008), Nunes et al. (2011a) e Nunes et al. (2011b) indicando a diferença entre os métodos quanto à precisão e critério.

A técnica de análise multivariada tem a vantagem em relação aos métodos de análise univariada de avaliar a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos, possibilitando a não utilização dos caracteres menos discriminantes (MARTINELLO et al., 2002). Desta forma, na tabela 3 está apresentada a contribuição relativa para a divergência (S. j.) estimada pelo método proposto por Singh (1981), onde se pode observar que as características que foram mais discriminantes quanto a divergência genética foram o comprimento do pecíolo (9,81%), proporção da projeção alada (8,77%), o tom de roxo da superfície adaxial da nervura primária (7,77%), formato da margem foliar (7,49%), número de folhas totais (6,89%), formato da base da folha (5,93%) e diâmetro da base do pecíolo (5,26%), sendo estas características as mais importantes no estudo da divergência genética em genótipos de couve. Com exceção do tom de roxo da superfície abaxial e adaxial, de forma geral, a coloração das folhas foi a característica que menos contribuiu para a divergência genética, sendo que os tons de verde do pecíolo na superfície abaxial (0,10%), tons de amarelo do limbo na superfície adaxial (0,10%) e tons de verde da nervura primária na superfície adaxial (0,02%) foram as características que menos contribuíram para a divergência, o que pode ser justificado pela pequena divergência genética para estas características, pela influência da variação ambiental, ou pela ineficácia da avaliação visual por escala de notas.

Conclusões

Os genótipos UFLA-6 e UFVJM-24 são os mais divergentes, sendo a maioria dos genótipos similares, o que evidencia uma base genética restrita.

O comprimento do pecíolo, proporção da projeção alada, o tom de roxo da superfície adaxial da nervura primária, formato da margem foliar, número de folhas totais, formato da

base da folha e diâmetro da base do pecíolo são as características mais discriminantes quanto à divergência genética em genótipos de couve.

Agradecimentos

À FAPEMIG, ao CNPq e à CAPES pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

Referências Bibliográficas

BALKAYA, A.; YANMAZ, R. Promising kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) populations from Black Sea region, Turkey. **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, v.33, p.1-7, 2005.

BELETE, Y.S.; KEBEDE, S.A.; GEMELAL, A.W. Multivariate Analysis of Genetic Divergence among Ethiopian Mustard (*Brassica carinata* A. Brun) Genotypes in Relation to Seed Oil Quality Traits. **International Journal of Agricultural Research**, v.6, p.494-503, 2011.

BENITEZ, L.C.; RODRIGUES, I.C.S.; Arge, L.W.P.; RIBEIRO, M.V.; BRAGA, E. J.B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. *Revista Ciência Agronômica*, v.42, p.409-416, 2011.

BOIÇA JUNIOR, A.L.; CHAGAS FILHO, N.R.; SOUZA, J.R. Não-preferência para oviposição de traça-das-crucíferas em genótipos de couve-flor. **Revista Caatinga**, v.23, n.1, p.28-33, 2010.

CHRISTENSEN, S; BOTHMER, R.V.; POULSEN, .G; MAGGIONI, L.; PHILLIP, .M, ANDERSEN, B.A.; JØRGENSEN, R.B. AFLP analysis of genetic diversity in leafy kale (*Brassica oleracea* L. convar. *acephala* (DC.) Alef.) landraces, cultivars and wild populations in Europe. **Genet Resour Crop Evol**, v.58, p.57–666, 2011.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows**. Viçosa: UFV. 2006. 382 p.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV. 2008. 402p.

GEPTS P. Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. **Crop Science**, v.46, p.2278–2292, 2006.

IVOGLO, M.G.; FAZUOLI, L.C.; OLIVEIRA, A.C.B. de; GALLO, P.B.; MISTRO, J.C.; SILVAROLLA, M.B.; TOMA-BRAGHINI M. Divergência genética entre progênes de café robusta. **Bragantia**, v.67, p.823-83, 2008.

KHAN, S.H.; AHMED, N.; JABEEN, N.; MUSHTAK, F.; HSSAIN, K. Genetic divergence in kale (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) S.H. **The Asian Journal of Horticulture**, v.4, n.1, p.134-137, 2009.

KHATUN, H.; RASUL, M.G.; SAIKAT, M.M.H.; HAQUE, M.M. Genetic diversity in *Brassica rapa* L. **Bangladesh J. Pl. Breed. Genet.** V.23, n.1, p.31-37, 2010.

KOUTITA, O.; TERTIVANIDIS, K.; KOUTSOS, T.; KOUTSIKA-SOTIRIOU, M.; SKARACIS, G. Genetic Changes Between C₀, C₃, C₅ Cycles of Selection and S₄ Lines of Two Cabbage (*Brassica oleracea* L. var. *capitata* L.) Open Pollinated Populations Based on RAPD Markers. **Biotechnology**, v.7, p. 475-480, 2008.

LAGHETTI G.; MARTIGNANO F.; FALCO V.; CIFARELLI S.; GLADIS T.; HAMMER K. “Mugnoli”: a neglected race of *Brassica oleracea* L. from Salento (Italy). **Genet Resour Crop Evol**, v.52, p.635–639, 2005.

LOVATTO, P.B.; GOETZE, M.; THOMÉ, G.C.H. Efeito de extratos de plantas silvestres da família *Solanaceae* sobre o controle de *Brevicoryne brassicae* em couve (*Brassica oleracea* var. *acephala*). **Ciência Rural**, v.34, n.4, p.971-978, 2004.

MARTINELLO, G.E.; LEAL, N.R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; DAHER, R.F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, v.20, p.52-58, 2002.

MORENO D.A.; CARVAJAL M.; LOPEZ-BERENGUER C.; GARCIA-VIGUERA C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **J Pharm Biomed Anal**, v.41, p.1508–22, 2006.

NATH , U.K.; NAZ, S.; RAHMAN, M.M. Genetic Divergence of *Brassica campestris*, *Brassica juncea* Parents and Their Hybrids. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.6, n.10, p.936-938, 2003.

NUNES, G.H.; COSTA FILHO, J.A.; SILVA, D.J.H.; CARNEIRO, P.C.S.; DANTAS, D.J.; Divergência genética entre linhagens de melão pele de Sapo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 3, p. 765-773, 2011a.

NUNES, G.H.; MELO, D.R.M.; DANTAS, D.J.; ARAGÃO, F.A.S.; NUNES, E.W.L. Divergência genética entre linhagens de melão do grupo *Inodorus*. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 02, p. 448-456, 2011b.

OKUMUS A.; BALKAYA A. Estimation of genetic diversity among Turkish kale populations (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) using RAPD markers. **Russ J Genet**, v.43, p.411–415, 2007.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley and Sons. 1952. 390p.

SILVA G.C; OLIVEIRA F.J; ANUNCIACÃO FILHO C.J; NETO D.E.S.; MELO L.J.O.T.; Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 06, n. 01, p. 52-58, 2011.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.

SJÖDIN P.; HEDMAN H.; KRUSKOPF OSTERBERG M.; GUSTAFSSON S.; LAGERCRANTZ U.; LASCOUX M. Polymorphism and Divergence at Three Duplicate Genes in *Brassica nigra*. **J Mol Evol**, v.66, p.581–590, 2008.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.22-27, 2005.

VAISHNAVA, A.; SACHAN, J.N.; TEWARI, S.K. Genetic divergence for important quantitative traits in indian mustard (*Brassica juncea* (L.) Czern and Coss). **Agric. Sci. Digest**, v.26, n.4, p.269 - 272, 2006.

VILAR, M.; CARTEA M. E.; PADILLA, G. The potential of kales as a promising vegetable crop. **Euphytica**, v.159, p.153–165, 2008.

YOUSUF, M.; AJMAL, S.U.; MUNIR, M.; GHAFOR, A. Genetic diversity analysis for agro-morphological and seed quality traits in rapeseed (*Brassica campestris* L.). **Pak. J. Bot.**, v.43, n.2, p.1195-1203, 2011.














































Características	Nota 1	Nota 2	Nota 3	Nota 4	Nota 5
Formato do limbo foliar	 Redondo	 Obovado	 Obovado-elíptico	 Elíptico	 Espatulado
Formato da margem foliar	 Liso	 Levemente ondulado	 Ondulado	 Lobado	 Lacerado
Formato do ápice foliar	 Truncado	 Arredondado	 Obtuso	 Agudo	 Acuminado
Formato da Base da folha	 Decorrente	 Auriculado	 Levemente auriculado	 Sem aurícula	 Oval
Formato da base do pecíolo	 Fortemente trapezoidal	 Trapezoidal	 Levemente trapezoidal	 Com base trapezoidal	 Reto
Proporção da projeção alada em relação ao limbo foliar	 0%	 10%	 20%	 30%	 40%
Tons de verde*					
Tons de roxo*					
Tons de amarelo*					
*Para a avaliação da coloração, os genótipos que não apresentaram a tonalidade avaliada receberam a nota 0.					

Figura 1. Escala de notas para as características avaliadas na folha em genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.

Tabela 1. Estimativas para a distância dos genótipos de couve mais próximos e mais distantes, baseados nas distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2). Diamantina, UFVJM, 2012.

Genótipo	Menor D^2	Genótipo mais próximo	Maior D^2	Genótipo mais distante
UFVJM-2	34,86	UFVJM-26	392,19	UFVJM-24
UFVJM-3	47,32	UFLA-6	622,93	UFLA-3
UFVJM-4	30,16	UFVJM-36	328,42	UFLA-6
UFVJM-5	45,93	UFVJM-4	315,49	UFVJM-24
UFVJM-7	59,26	UFVJM-19	416,29	UFLA-6
UFVJM-36	30,16	UFVJM-4	401,26	COM-2
UFVJM-9	41,59	UFVJM-2	334,05	UFVJM-24
UFVJM-10	83,77	UFLA-1	632,78	UFVJM-24
UFVJM-13	44,29	UFVJM-19	532,15	UFLA-6
UFVJM-19	44,29	UFVJM-13	455,60	UFLA-6
UFVJM-21	52,13	UFLA-1	499,83	UFLA-6
UFVJM-22	22,60	UFVJM-34	328,48	COM-2
UFVJM-24	171,83	UFLA-12	632,78	UFVJM-10
UFVJM-26	34,86	UFVJM-2	396,40	UFVJM-24
UFVJM-27	55,22	UFVJM-30	349,14	UFVJM-24
UFVJM-30	38,47	UFVJM-22	320,81	UFVJM-24
UFVJM-32	30,54	UFVJM-4	370,13	UFVJM-24
UFVJM-34	22,60	UFVJM-22	376,03	COM-2
UFVJM-8	59,29	UFVJM-4	388,83	UFLA-6
COM-1	15,25	COM-3	515,70	UFLA-11
COM-2	213,61	UFVJM-5	525,40	UFLA-5
COM-3	15,25	COM-1	529,10	UFLA-11
UFLA-1	52,13	UFVJM-21	474,71	UFLA-6
UFLA-3	118,46	UFVJM-10	661,90	UFLA-6
UFLA-6	47,32	UFVJM-3	661,90	UFLA-3
UFLA-8	99,54	UFLA-12	351,88	UFLA-6
UFLA-5	41,38	UFLA-10	525,40	COM-2
UFLA-10	41,38	UFLA-5	471,74	COM-2
UFLA-11	96,11	UFLA-12	529,10	COM-3
UFLA-12	96,11	UFLA-11	353,93	COM-3

Tabela 2. Agrupamentos formados com base no método de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis em genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.

Grupo	Genótipos
1	COM-1, COM-3, UFVJM-30, UFVJM-32, UFVJM-2, UFVJM-34, UFVJM-22, UFVJM-9, UFVJM-26, UFVJM-4, UFVJM-5, UFVJM-36, UFVJM-8, UFVJM-27, UFVJM-19, UFVJM-13, UFVJM-7, UFLA-1, UFVJM-21, UFLA-10, UFLA-8, UFLA-5, UFLA-12
2	UFVJM-3, UFLA-6
3	UFVJM-10, UFLA-3
4	UFLA-11
5	COM-2
6	UFVJM-24

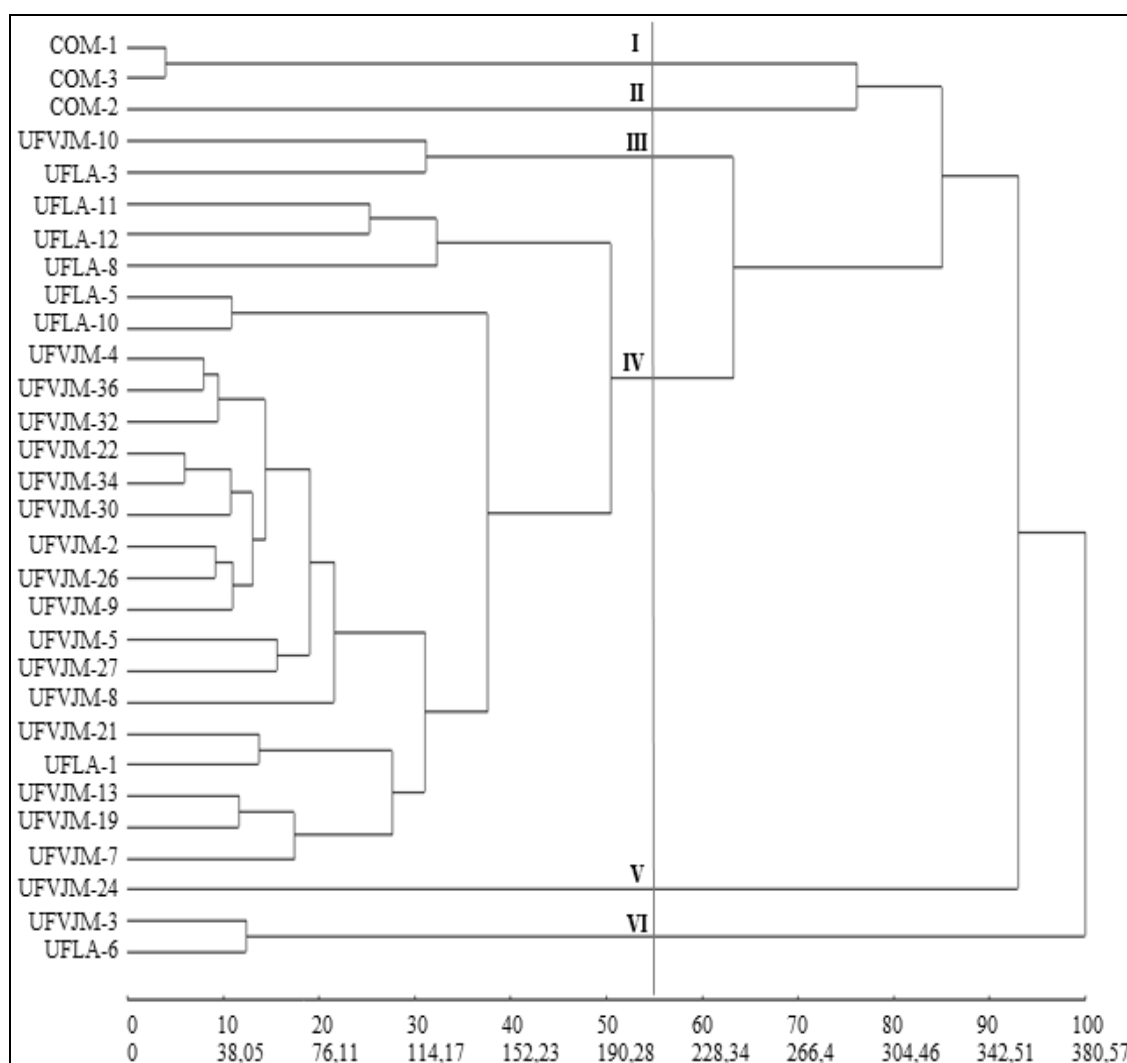


Figura 2. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade obtido pelo método UPGMA, com base na distância de Mahalanobis em genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.

Tabela 3. Contribuição relativa (%) de características para a divergência genética em genótipos de couve, estimados pelo método proposto por Singh (1981). Diamantina, UFVJM, 2012.

Características	S. j (%)	Características	S. j (%)
Formato do limbo foliar	2,34	Tom de verde do pecíolo (Adaxial)	1,88
Formato da margem foliar	7,49	Tom de verde do limbo (Adaxial)	1,90
Formato do ápice foliar	2,02	Tom de verde da nervura 1 ^a (Adaxial)	0,02
Formato da Base da folha	5,93	Tom de verde da nervura 2 ^a (Adaxial)	0,28
Formato da base do pecíolo	1,46	Tom de roxo do pecíolo (Adaxial)	3,17
Proporção da projeção alada	8,77	Tom de roxo do limbo (Adaxial)	0,67
Comprimento da folha	1,37	Tom de roxo da nervura 1 ^a (Adaxial)	7,77
Largura da folha	1,53	Tom de roxo da nervura 2 ^a (Adaxial)	0,26
Comprimento do pecíolo	9,81	Tom de amarelo do pecíolo (Adaxial)	0,58
Diâm. do centro do pecíolo	1,84	Tom de amarelo do limbo (Adaxial)	1,84
Diam. da base do pecíolo	5,26	Tom de amarelo da nervura 1 ^a (Adaxial)	0,48
Área foliar	0,76	Tom de amarelo da nervura 2 ^a (Adaxial)	0,42
Massa seca por folha	2,82	Tom de verde do pecíolo (Abaxial)	0,10
Altura da planta	5,14	Tom de verde do limbo (Abaxial)	0,93
Diâmetro do Caule	1,36	Tom de verde da nervura 1 ^a (Abaxial)	0,15
Núm. de folhas comerciais	0,89	Tom de verde da nervura 2 ^a (Abaxial)	2,20
Núm. Folhas totais	6,89	Tom de roxo do pecíolo (Abaxial)	0,53
Número de brotações	2,02	Tom de roxo do limbo (Abaxial)	0,32
Número de pulgões	0,97	Tom de roxo da nervura 1 ^a (Abaxial)	3,97
Número de lagartas	0,81	Tom de roxo da nervura 2 ^a (Abaxial)	0,81
		Tom de amarelo do pecíolo (Abaxial)	0,74
		Tom de amarelo do limbo (Abaxial)	0,10
		Tom de amarelo da nervura 1 ^a (Abaxial)	0,24
		Tom de amarelo da nervura 2 ^a (Abaxial)	1,18

ARTIGO CIENTÍFICO II

Pesquisa Agropecuária Brasileira

Print version ISSN 0100-204X

AZEVEDO, A.M. **Desempenho agronômico, variância genética e correlação em genótipos de couve.** 2012. 20p. Dissertação de Mestrado (Programa de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Produção Vegetal). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012.

Resumo - A estimação de parâmetros genéticos para caracteres relacionados ao desempenho agronômico é um dos conhecimentos indispensáveis na elaboração de um programa de melhoramento. Há poucos trabalhos no Brasil que visam obter informações para o melhoramento genético da couve. O objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos direta ou indiretamente relacionados ao desempenho agronômico em genótipos desta espécie. O experimento foi conduzido na Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) utilizando um delineamento em blocos casualizados com 30 genótipos de couve (tratamentos), quatro repetições e cinco indivíduos por parcela. Verificou-se variabilidade genética entre os genótipos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, indicando a possibilidade de se obter ganhos genéticos representativos no melhoramento. O comprimento da folha, largura da folha, diâmetro do pecíolo, área foliar, altura da planta, número de brotações e massa seca da folha se apresentaram como características importantes no melhoramento desta espécie. Os genótipos comerciais apresentaram características distintas dos demais. Entre os genótipos com maior tamanho de folha e produção de folhas comerciais destacou-se o UFLA-11.

Termos para indexação: *Brassica oleracea* var. *acephala* L., correlação fenotípica, correlação genotípica, herdabilidade, parâmetros genéticos.

AZEVEDO, A.M. **Agronomic Performance, genetic variability and correlation in kale genotypes.** 2012. 20p. MSc's Dissertation (*Stricto Sensu* Graduate Program in Plant Production). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina.

Abstract - The estimation of genetic parameters for traits related to agronomic performance is an essential knowledge in the development of a breeding program. Few studies in Brazil have been targeting to obtain information for kale genetic improvement. The aim of this study was to estimate genetic parameters directly or indirectly related to the agronomic performance of genotypes of this species. The experiment was conducted at the Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) using a randomized block design with 30 kale genotypes (treatments) and four replicates with five individuals per plot. There was significant variability among genotypes, with a predominance of genetic effects over the environment ones, indicating the possibility of obtaining representative genetic gains in breeding. The leaf length, leaf width, stem diameter, leaf area, plant height, number of shoots and dry weight of the sheet are presented as important characteristics in breeding. The commercial genotypes showed distinct characteristics from the others. Among the genotypes with larger leaf size and commercial leaf production stood out the UFLA-11.

Keywords: *Brassica oleracea* var. *Acephala* L., phenotypic correlation, genetic correlations, heritability, genetic parameters.

Introdução

A couve (*Brassica oleracea* L. var. *acephala*) é uma hortaliça arbustiva anual ou bienal cujo consumo no Brasil tem aumentado gradativamente (NOVO et al., 2010). Além de apresentar ação anticarcinogênica, uma vez que suas folhas são fontes ricas de glucosinolatos, possui elevado teor de flavonóides, vitaminas e nutrientes minerais (Moreno et al., 2006).

A espécie *B. oleracea* ($2n = 18$) apresenta auto-incompatibilidade do tipo esporofítica, o que contribui para uma grande variabilidade genética. Há várias pesquisas em outros países que visam estudar a variabilidade genética em brássicas (CHRISTENSEN et al., 2011; YOUSUF et al., 2011; BELETE et al., 2011; KHATUN et al., 2010; KHAN et al., 2009; SJODIN et al., 2008; KOUTITA et al., 2008; OKUMUS & BALKAYA, 2007; VAISHNAVa et al., 2006; BALKAYA & YANMAZ, 2005; NATH et al., 2003). No Brasil, por outro lado, pesquisas nesta área são bem menos frequentes, principalmente com foco na seleção de genótipos superiores e de genitores para programas de melhoramento.

Para se obter sucesso em um programa de melhoramento, além da avaliação do desempenho agrônômico de possíveis genitores, de acordo com Cruz et al. (2004), alguns estudos preliminares devem ser feitos, como forma de auxiliar na escolha de estratégias de melhoramento mais adequado para a cultura e que permitam fazer inferências sobre a predição de ganhos com a seleção.

Dentre estes estudos destacam-se as estimativas de parâmetros genéticos como variância genotípica, coeficiente de variação genético, herdabilidade, índice de variação e correlações. Os primeiros refletem a proporção da variação fenotípica que é determinada pela variação genética ou genotípica para determinado caráter. As correlações refletem o grau de associação entre dois ou mais caracteres e podem ser causadas por pleiotropia ou ligação entre os genes envolvidos direta ou indiretamente em suas heranças.

Desta forma, objetivou-se neste trabalho avaliar o desempenho agrônômico em genótipos de couve do banco de germoplasma da UFVJM e compará-los com o desempenho de genótipos comerciais, bem como estudar os parâmetros genéticos e a correlação entre as características avaliadas como informações preliminares para futuros programas de melhoramento.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura, localizado no campus JK da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM), com altitude de 1387 m e coordenadas 18°12'01"S e 43°34'20"W. No período de condução do experimento, a temperatura média foi de 18,3 °C com umidade relativa do ar de 80,3 %, havendo poucas oscilações no decorrer deste período.

Foram avaliados três genótipos comerciais e vinte e sete genótipos de couve do banco de germoplasma da UFVJM utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela, sendo dezenove genótipos oriundos de coletas em propriedades rurais na região de Diamantina-MG (UFVJM-2, UFVJM-3, UFVJM-4, UFVJM-5, UFVJM-7, UFVJM-8 UFVJM-9, UFVJM-10, UFVJM-13, UFVJM-19, UFVJM-21, UFVJM-22, UFVJM-24, UFVJM-26, UFVJM-27, UFVJM-30, UFVJM-32, UFVJM-34 e UFVJM-36) e oito genótipos doados pela Universidade Federal de Lavras (UFLA-1, UFLA-3, UFLA-6, UFLA-8, UFLA-5, UFLA-10, UFLA-11 e UFLA-12). Os comerciais foram as cultivares: couve manteiga 900 legitima pé alto da empresa Feltrin[®] (COM-1); couve manteiga da empresa Vidasul baby[®] (COM-2); e couve de folha manteiga Geórgia da empresa Horticer[®] (COM-3).

Para a instalação do experimento, foram coletadas no dia 28 de julho de 2011 brotações para a formação das mudas pelo sistema de estaquia verde coletando-se as brotações laterais, com três a quatro centímetros de altura e dois folíolos, no terço basal das plantas matrizes. Após coleta, os brotos foram plantados em bandejas de isopor de 72 células preenchidas com substrato comercial Plantimax[®] e mantidas em casa de vegetação no Setor de Olericultura da UFVJM por 30 dias, a fim de garantir o melhor enraizamento das brotações. Para o transplante das mudas, utilizaram-se vasos com capacidade de 7,5 kg de solo preenchido com latossolo vermelho distrófico e esterco bovino na proporção 3:1. Para garantir o melhor pegamento das mudas, os vasos foram mantidos em casa de vegetação por 30 dias. Em 28 de setembro de 2011 os vasos foram levados para o campo, onde permaneceram até a coleta dos dados para a avaliação agrônômica. As adubações de solo e cobertura foram realizadas de acordo com as recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2008) e o controle de pulgões e lagartas foi feito manualmente em dias alternados. Semanalmente, foram retiradas as folhas senescentes e as brotações para possibilitar o melhor desenvolvimento das plantas.

No dia 2 de janeiro de 2012, avaliaram-se em cada indivíduo a altura das plantas utilizando fita métrica graduada em cm (a partir do nível do solo até a extremidade das folhas mais altas), o diâmetro do caule em mm (medido com paquímetro na metade da altura da planta), o comprimento e largura do limbo foliar utilizando régua graduada em cm (selecionando-se a 5ª folha expandida mais nova), o número de folhas apropriadas para a comercialização (obtida pela contagem das folhas maiores que 15 cm e sem sinais de senescência), o número total de folhas na planta (obtida pela contagem de todas as folhas desconsiderando as não expandidas e as folhas existentes nas brotações) e o número de brotações .

Na 5ª folha expandida mais nova de cada planta foi avaliado o diâmetro do centro do pecíolo em mm (medido com paquímetro na metade de sua extensão), o comprimento do pecíolo (medido com régua graduada em centímetros a partir de sua inserção no caule até o início do limbo foliar), a área foliar em cm^2 (cada folha foi escaneada utilizando um Scanner HP Photosmart C4480, sendo sua área estimada com o auxílio do software Image Pro Plus 4.5) e o peso da matéria seca foi obtido em nível de parcela em estufa com $65\text{ }^\circ\text{C}$ até atingir peso constante.

Para as variáveis onde os dados foram coletados em nível de indivíduo o modelo utilizado para a análise de variância foi: $Y_{ijk} = m + t_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$. Para a variável peso da massa seca da folha, onde os dados foram obtidos em nível de parcela, utilizou-se o modelo: $Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$, em que: Y_{ijk} = observação referente ao k -ésimo indivíduo, do j -ésimo bloco, do i -ésimo genótipo; Y_{ij} = observação referente ao j -ésimo bloco, do i -ésimo genótipo; m = média geral da variável em análise; t_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, I$); b_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$); e_{ij} = efeito da interação entre o i -ésimo genótipo do j -ésimo bloco, ou efeito ambiental da ij -ésima parcela; d_{ijk} = efeito do k -ésimo indivíduo dentro da ij -ésima parcela. Todos os efeitos do modelo foram assumidos como aleatórios, sendo que K é o número de plantas por parcela, J é o número de blocos, I é o número de genótipos e \bar{K} é a média harmônica do número de plantas por parcela, já que houve número desigual de genótipos sobreviventes por parcela. O esquema da análise de variância para um modelo balanceado é apresentado na Tabela 1.

As estimativas $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genética; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância devida à interação entre genótipos e repetições (variância ambiental); e $\hat{\sigma}_d^2$ = variância fenotípica (ambiental) dentro de genótipos foram estimadas a partir das esperanças dos quadrados médios (Tabela 1).

Os demais parâmetros foram estimados conforme expressões a seguir:

$$\text{Variância fenotípica: } \hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2.$$

Herdabilidade no sentido amplo em nível de indivíduo no bloco:

$$h_{(i)bl}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2} \times 100$$

Herdabilidade no sentido amplo em nível de indivíduo no experimento:

$$h_{(i)exp}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2} \times 100$$

Herdabilidade no sentido amplo da média para os caracteres avaliados em nível de indivíduo:

$$h_{(m)}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{KJ}} \times 100$$

Herdabilidade no sentido amplo da média para os caracteres avaliados em nível de parcela:

$$h_{(m)}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J}} \times 100$$

Herdabilidade em nível de média de parcela no bloco: $h_{(p)bl}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} \times 100$

Herdabilidade em nível de média de parcela no experimento: $h_{(p)exp}^2(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_e^2} \times 100$

Coefficientes de variação genética: $CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\hat{m}} \times 100$

Coefficientes de variação ambiental: $CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\hat{m}} \times 100$

Índice de variação: $I_v = \frac{CV_g}{CV_e}$

Ganho de seleção: $GS(\%) = \frac{h_{(m)}^2 \cdot (m_m - m_o)}{m_o} \times 100$

Coefficientes de correlação fenotípica: $r_f = \frac{\sqrt{C\hat{o}V_f(X, Y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2(X) \cdot \hat{\sigma}_f^2(Y)}}$

$$\text{Coeficientes de correlação genotípica: } r_g = \frac{\sqrt{C\hat{O}V_g(X, Y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2(X) \cdot \hat{\sigma}_g^2(Y)}}$$

Em que: m_m = refere-se à média dos genótipos selecionados (20% melhores); m_o = média geral; $C\hat{O}V_f(X, Y)$ e $C\hat{O}V_g(X, Y)$ = estimativas da covariância fenotípica e genotípica, respectivamente, entre dois caracteres X e Y.

Para os coeficientes de correlações fenotípicas foi feita a verificação da hipótese de nulidade ($H_0: \rho=0$) pela estatística t , a partir da expressão abaixo citada por Cruz et al. (2004):

$$t = \frac{r}{\sqrt{(1-r^2)}} \sqrt{(n-2)}$$

em que:

t = está associada a $n-2$ graus de liberdade e nível de significância α ;

r = correlação;

n = número de pares de observações que deram origem à correlação estimada.

A fim de se atender as pressuposições da análise de variância, os dados obtidos por contagem foram submetidos à transformação $\sqrt{X+1}$ (para a melhor visualização dos dados, foram apresentados nas tabelas os valores de originais), e posteriormente, realizou-se a análise de variância, sendo que quando identificado diferença significativa pelo teste F as médias dos tratamentos foram comparadas utilizando-se o teste Scott-Knott (1974), adotando-se o nível de 5% de significância.

Resultados e Discussão

As estimativas de F foram significativas para todas as características avaliadas (Tabela 2), indicando a presença de variabilidade genética entre os genótipos. Quanto ao coeficiente de variação ambiental entre e dentro, verificaram-se maiores valores para a área foliar e valores inferiores para o número de folhas totais, indicando uma influência maior do ambiente

sobre a primeira característica e menor sobre a segunda. Em geral, a precisão experimental foi satisfatória, considerando-se os valores do coeficiente de variação experimental e a significância do efeito dos tratamentos (genótipos).

A existência da variabilidade genética entre os genótipos também pode ser confirmada pelos coeficientes de variação genéticos, visto que este coeficiente expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Desta forma, o coeficiente de variação genético revela que a largura da folha e o número de folhas total foram as características que menos variaram geneticamente, enquanto que as demais características apresentam maior variação genética, o que segundo Freitas et al. (2007) indicam a possibilidade de progressos genéticos com a seleção.

Verificaram-se valores para a variância genética superiores a variância residual, o que mostra a predominância do efeito genético sobre o ambiental para todas as características, constituindo condições favoráveis para o melhoramento. Para a variância dentro encontraram-se valores relativamente altos, que no caso em estudo, referem-se apenas a variância devido ao efeito do ambiente.

As estimativas da herdabilidade apresentaram menores valores para a largura da folha, número de folhas comerciais e área foliar. Esse resultado sugere de acordo com Sato et al. (2007) menor controle genético destes caracteres e menor possibilidade de se obterem progressos genéticos por meio da seleção. Contudo, todas as estimativas para as herdabilidades apresentaram valores satisfatórios, em especial para o comprimento do pecíolo, altura da planta e diâmetro do caule, indicando um substancial controle genético nos caracteres e, conseqüentemente, a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção dos melhores genótipos.

Avaliando a razão entre o coeficiente de variação genotípico e experimental (I_v), observaram-se valores próximos ou maiores que uma unidade para o comprimento do pecíolo,

altura da planta, diâmetro do caule, número de folhas totais e massa seca da folha, o que indica que para estas características há a possibilidade de se obter ganhos genéticos representativos no melhoramento. A possibilidade de se obter ganhos genéticos com a seleção também pode ser verificada pelas estimativas do ganho de seleção, quando se verificaram altos valores, com estimativas variando de 10,40 a 26,21% para a seleção dos melhores genótipos (20%).

Correlações fenotípicas e genotípicas positivas e significativas foram observadas entre todas as características que se relacionam direta ou indiretamente à dimensão da folha (comprimento da folha, largura da folha, comprimento do pecíolo, diâmetro do pecíolo, área foliar e massa seca da folha), com exceção do comprimento do pecíolo, que não se correlacionou com o comprimento da folha e largura da folha (Tabela 3). A correlação da altura da planta não foi significativa com comprimento e diâmetro do pecíolo, e foi positiva e significativa com o comprimento da folha, largura da folha, área foliar, número de folhas comerciais e número de brotações. Contudo a altura da planta apresentou correlação negativa com o diâmetro do caule e número de folhas totais (Tabela 3). Esta informação é condizente com os genótipos comerciais, que além de apresentar menor porte de acordo com Novo et al. (2010), tendem a produzir menor quantidade de brotações e folhas menores quando comparadas às variedades tradicionais.

Quanto ao diâmetro do caule, verificou-se correlação significativa com a altura das plantas e com o número de brotações, apresentando sinal negativo, e correlações não significativas com as outras características. O diâmetro do caule possui considerável importância no melhoramento, pois segundo Novo et al. (2010), apresenta relação com a perda de plantas pela ação do vento. No entanto, Chakwizira (2007) afirma que o diâmetro do caule é influenciado também pelas condições climáticas da região de cultivo, e segundo Trani (2008) pelos tratamentos culturais como a adubação nitrogenada.

Para o número de folhas comerciais, característica mais importante para o melhoramento, verificou-se correlação significativa e negativa com o número de folhas totais (Tabela 3), mostrando que quanto maior o número de folhas em um genótipo, menor será o desenvolvimento das folhas e, conseqüentemente, haverá menor número de folhas comerciais. Além desta correlação negativa, verificaram-se valores não significativos para o comprimento do pecíolo, diâmetro do caule e número de brotações, já para as outras características, observaram-se valores positivos e significativos.

Na tabela 4 estão apresentados os valores referentes ao desempenho agrônômico dos genótipos testados, onde se verificou destaque para os genótipos UFVJM-10 e UFLA-11, seguidos dos genótipos UFLA-1 e UFLA-3 para a dimensão do limbo foliar (comprimento da folha, largura da folha e área foliar). De forma geral, todos os genótipos não-comerciais sobressaíram-se em relação aos genótipos comerciais no que se refere à dimensão do limbo foliar. Comportamento similar foi observado para a dimensão do pecíolo (comprimento do pecíolo e diâmetro do pecíolo), quando os genótipos comerciais também fizeram parte dos genótipos com menores dimensões. Verificou-se também para a dimensão do pecíolo, destaque para o genótipo UFLA-11 seguido dos genótipos UFVJM-24, UFLA-6 e UFLA-12, com maiores valores de comprimento e diâmetro do pecíolo. É válido lembrar que para a comercialização de folhas de couve, genótipos com pecíolos muito grandes são indesejáveis, principalmente para o mercado de minimamente processados, pois além do pecíolo ser normalmente descartado, dificulta o transporte. Quanto à massa seca das folhas, destacaram-se o genótipo UFLA-11 com maior valor, e os genótipos comerciais (COM-1, COM-2 e COM-3) com médias inferiores aos demais.

Quanto à altura da planta, Niewhof (1969) ressalta que as cultivares de couve de porte médio a alto são as preferidas pelos agricultores, pois suas folhas são facilmente colhidas, logo, sobressaíram para esta característica os genótipos UFVJM-27 e UFLA-3 com as

maiores médias, já os genótipos COM-1, COM-2 e COM-3 tiveram menor altura, sendo indesejáveis sob este ponto de vista (Tabela 5). Para o diâmetro do caule, os genótipos COM-2 e UFLA-11 apresentaram maiores valores, o que é desejável, por diminuir a necessidade do tutoramento. Os genótipos que apresentaram maior número de folhas totais foram os genótipos comerciais COM-1 e COM-3, no entanto, eles se apresentaram entre os genótipos com menor número de folhas comercial, sendo que para esta última característica, se destacaram os genótipos UFVJM-4, UFVJM-8, UFVJM-10, UFVJM-13, UFVJM-19, UFVJM-22, UFVJM-26, UFVJM-30, UFLA-1, UFLA-3, UFLA-5, UFLA-8, UFLA-10, UFLA-11 e UFLA-12, por terem maior número de folhas comerciais.

Para o número de brotações verificou para os genótipos UFLA-6, COM-1, COM-2 e COM-3 menores médias (Tabela 5). A seleção de genótipos de couve com menor número de brotações é uma alternativa de interesse para as empresas produtoras de sementes, por diminuir o potencial da propagação vegetativa da planta, garantindo a venda contínua de suas sementes. Outro benefício da seleção de genótipos com menor número de brotações consiste na redução dos tratos culturais referente à desbrota, reduzindo os custos com mão-de-obra para a produção comercial de folhas.

A diferença dos genótipos comerciais para a maioria das características em relação aos demais genótipos se justifica pela nova tendência no melhoramento de couve, onde se procura selecionar genótipos com menor altura, menor número de brotações e maior número de folhas para facilitar os tratos culturais e aumentar o rendimento por área, mas que infelizmente está negativamente correlacionado com a dimensão da folha e conseqüentemente com o menor número de folhas comerciais. Além deste inconveniente, segundo Novo et al.(2010), plantas de porte compacto e propagado por sementes, como é o caso dos genótipos comerciais, normalmente são pouco atrativas pelo consumidor, por apresentar folhas com coloração mais

escura, nervuras proeminentes e de cor clara, que o consumidor associa ao maior tempo de cocção.

Conclusões

Há variabilidade genética entre os genótipos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, indicando a possibilidade de se obter ganhos genéticos representativos no melhoramento.

O comprimento da folha, largura da folha, diâmetro do pecíolo, área foliar, altura da planta, número de brotações e massa seca da folha apresentam correlação significativa com a produção de folhas comerciais, sendo portanto características importantes no melhoramento genético da couve.

Os genótipos comerciais (COM-1, COM-2 e COM-3), apresentaram características distintas dos demais genótipos, com menores médias para a área foliar, massa seca da folha e altura da planta, mantendo-se entre os genótipos com menor comprimento da folha, largura da folha, comprimento do pecíolo, número de folhas comerciais e número de brotações.

O genótipo UFLA-11 apresentou desempenho superior aos comerciais, com maiores valores para as características que refletem a dimensão da folha e estando entre os genótipos com maior produção de folhas comerciais.

Agradecimentos

À FAPEMIG, ao CNPq e à CAPES pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

Referências Bibliográficas

BALKAYA, A.; YANMAZ, R. Promising kale (*Brassica oleracea* var. *acephala*) populations from Black Sea region, Turkey. **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, v.33, p.1-7, 2005.

BELETE, Y.S.; KEBEDE, S.A.; GEMELAL, A.W. Multivariate Analysis of Genetic Divergence among Ethiopian Mustard (*Brassica carinata* A. Brun) Genotypes in Relation to Seed Oil Quality Traits. **International Journal of Agricultural Research**, v.6, p.494-503, 2011.

CHAKWIZIRA, E.. **Growth and development of ‘Pasja’ and kale crops with two methods and four rates of phosphorus (P) application**. 2008. 127 p. Tese (mestrado) - Lincoln University, Lincoln.

CHRISTENSEN, S; BOTHMER, R.V.; POULSEN, .G; MAGGIONI, L.; PHILLIP, .M, ANDERSEN, B.A.; JØRGENSEN, R.B. AFLP analysis of genetic diversity in leafy kale (*Brassica oleracea* L. convar. *acephala* (DC.) Alef.) landraces, cultivars and wild populations in Europe. **Genet Resour Crop Evol**, v.58, p.57–666, 2011.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2008. 402p.

FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A.C.S.; MORAES, E. Pomar de mentes por mudas a partir da seleção dentro em teste de progênes de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Rev. Inst. Flor.**, v.19, n.2, p.65-72, 2007.

KHAN, S.H.; AHMED, N.; JABEEN, N.; MUSHTAK, F.; HSSAIN, K. Genetic divergence in kale (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) S.H. **The Asian Journal of Horticulture**, v.4, n.1, p.134-137, 2009.

KHATUN, H.; RASUL, M.G.; SAIKAT, M.M.H.; HAQUE, M.M. Genetic diversity in *Brassica rapa* L. **Bangladesh J. Pl. Breed. Genet**. V.23, n.1, p.31-37, 2010.

KOUTITA, O.; TERTIVANIDIS, K.; KOUTSOS, T.; KOUTSIKA-SOTIRIOU, M.; SKARACIS, G. Genetic Changes Between C₀, C₃, C₅ Cycles of Selection and S₄ Lines of

Two Cabbage (*Brassica oleracea* L. var. *capitata* L.) Open Pollinated Populations Based on RAPD Markers. **Biotechnology**, v.7, p. 475-480, 2008.

MORENO D.A.; CARVAJAL M.; LOPEZ-BERENGUER C.; GARCIA-VIGUERA C. Chemical and biological characterization of nutraceutical compounds of broccoli. **J Pharm Biomed Anal**, v.41, p.1508–22, 2006.

NIEUWHOF, M. **Cole Crops**. Londres: World Crops Books. 1969, 95p.

NOVO M.C.S.S.; PRELA-PANTANO A.; TRANI P.E.; BLAT S.F. Desenvolvimento e produção de genótipos de couve manteiga. **Horticultura Brasileira**, v.28, p. 321-325, 2010.

OKUMUS A.; BALKAYA A. Estimation of genetic diversity among Turkish kale populations (*Brassica oleracea* var. *acephala* L.) using RAPD markers. **Russ J Genet**, v.43, p.411–415, 2007.

SATO, A. S.; SEBBENN, A.M.; MORAES, E.; ZANATTO, A.C.S.; FREITAS, M.L.M.; Seleção dentro de progênies de *Eucalyptus resinífera* aos 21 anos de idade em Luiz Antônio – SP. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 81-91, dez. 2007.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 03, p. 507-512, 1974.

SJÖDIN P.; HEDMAN H.; KRUSKOPF OSTERBERG M.; GUSTAFSSON S.; LAGERCRANTZ U.; LASCOUX M. Polymorphism and Divergence at Three Duplicate Genes in *Brassica nigra*. **J Mol Evol**, v.66, p.581–590, 2008.

TRANI PE. **Avaliação agronômica, organoléptica e caracterização botânica da coleção de germoplasma de couve de folhas do IAC**. São Paulo: Secretaria de Agricultura e Abastecimento. 2008. 3p.

VAISHNAVA, A.; SACHAN, J.N.; TEWARI, S.K. Genetic divergence for important quantitative traits in indian mustard {*Brassica juncea* (L.) Czern and Coss}. **Agric. Sci. Digest**, v.26, n.4, p.269 - 272, 2006.

YOUSUF, M.; AJMAL, S.U.; MUNIR, M.; GHAFLOOR, A. Genetic diversity analysis for agro-morphological and seed quality traits in rapeseed (*Brassica campestris* L.). **Pak. J. Bot.**, v.43, n.2, p.1195-1203, 2011.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância para cada caráter em nível de plantas individuais e de parcela para um delineamento balanceado de blocos ao acaso. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.

FV	GL	QM	$E(QM)_{\text{indivíduo}}$	$E(QM)_{\text{parcela}}$
Blocos	$J-1$	QM_{blocos}	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2 + I\bar{K} \sigma_b^2$	$\sigma_e^2 + I \sigma_g^2$
Genótipos	$I-1$	$QM_{\text{genótipos}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2 + J\bar{K} \sigma_g^2$	$\sigma_e^2 + J \sigma_g^2$
Resíduo	$(J-1)(I-1)$	$QM_{\text{resíduo}}$	$\sigma_d^2 + \bar{K} \sigma_e^2$	σ_e^2
Dentro	$J I \sum_{i=1}^p (K-1)$	QM_{dentro}	σ_d^2	-

Em que: J = número de blocos; I = número de progênies; \bar{K} = média harmônica do número de plantas por parcela; p = é o número de parcelas.

Tabela 2. Estimativas do quadrado médio do genótipo (QM_{gen}) e estimativas dos coeficientes de variação do erro dentro (CVe_{dentro}) e entre (CVe_{entre}), coeficiente de variação genético (CVg), das variâncias genéticas (σ_g^2), variâncias residual (σ_e^2), variâncias dentro (σ_d^2), herdabilidade da média ($h_{(m)}^2$), herdabilidade do indivíduo no bloco ($h_{(i)bl}^2$), herdabilidade do indivíduo no experimento ($h_{(i)exp}^2$), herdabilidade da parcela no bloco ($h_{(p)bl}^2$), herdabilidade da parcela no experimento ($h_{(p)exp}^2$), índice de variação (I_v) e ganho com a seleção (GS) para 11 características de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.

Parâmetros	CF (cm)	LF (cm)	CP (cm)	DP (mm)	AF (cm ²)	AP (cm)	DC (cm)	NFC	NFT	NB	MSF (g/flh)
QM_{gen}	3992,90**	1592,94**	2186,33**	602,46**	1038523,55**	75412,09**	3378,26**	28,71**	48,02**	69,45**	2,11**
$CVe_{dentro}(\%)$	22,70	17,24	25,00	18,02	27,20	13,94	19,25	24,38	10,25	24,08	-
$CVe_{entre}(\%)$	8,13	9,36	8,12	8,79	15,25	8,67	7,49	10,77	2,32	7,45	17,73
$CVg(\%)$	13,83	10,22	27,18	13,71	18,82	17,18	18,69	14,22	10,20	16,87	23,42
$\hat{\sigma}_g^2$	5,89	2,13	3,72	0,92	1480,42	119,44	5,37	0,06	0,13	0,16	0,46
$\hat{\sigma}_e^2$	2,04	1,79	0,33	0,38	971,78	30,44	0,86	0,03	0,01	0,03	0,26
$\hat{\sigma}_d^2$	15,88	6,06	3,14	1,58	3093,31	78,71	5,70	0,17	0,13	0,33	-
$h_{(m)}^2(\%)$	81,42	73,53	93,74	83,76	78,48	91,16	91,44	72,03	0,91	82,06	87,47
$h_{(i)bl}^2(\%)$	24,75	21,33	51,67	31,85	26,70	52,25	45,00	22,16	48,51	30,92	-
$h_{(i)exp}^2(\%)$	24,70	19,82	50,01	32,03	25,36	48,80	45,01	20,90	47,93	30,54	-
$h_{(p)bl}^2(\%)$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	63,58
$h_{(p)exp}^2(\%)$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	62,01
I_v	0,61	0,59	1,09	0,76	0,69	1,23	0,97	0,58	1,00	0,70	1,32
$GS(\%)$	19,20	10,40	24,90	13,57	21,52	15,73	26,21	17,19	15,36	24,18	25,97

¹Caracteres: Comprimento da folha (CF), largura da folha (LF), comprimento do pecíolo (CP), diâmetro do centro do pecíolo (DP), área foliar (AF), massa seca da folha (MSF), altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas comerciais (NFC), número de folhas totais (NFT) e número de brotações (NB).** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 3. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e correlação genotípica (abaixo da diagonal) entre 11 características avaliadas em 30 genótipos de couve. Diamantina, UFVJM, 2012.

Caracteres ¹	CF	LF	CP	DP	AF	AP	DC	NFC	NFT	NB	MSF
CF	-	0,42*	0,15 ^{ns}	0,69**	0,74**	0,46*	0,13 ^{ns}	0,68**	-0,56**	0,16 ^{ns}	0,55**
LF	0,42*	-	0,25 ^{ns}	0,42*	0,82**	0,61**	-0,17 ^{ns}	0,69**	-0,55**	0,46*	0,70**
CP	0,13 ^{ns}	0,25 ^{ns}	-	0,38*	0,36*	0,09 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,26 ^{ns}	-0,30 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,66**
DP	0,74**	0,40*	0,42*	-	0,69**	0,31 ^{ns}	0,26 ^{ns}	0,58**	-0,24 ^{ns}	-0,02 ^{ns}	0,67**
AF	0,77**	0,82**	0,37*	0,71**	-	0,65**	-0,08 ^{ns}	0,80**	-0,60**	0,34 ^{ns}	0,81**
AP	0,50**	0,71**	0,10 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,73**	-	-0,50**	0,60**	-0,60**	0,53**	0,44*
DC	0,10 ^{ns}	-0,24 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,24 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	-0,55**	-	0,00 ^{ns}	0,15 ^{ns}	-0,45*	0,09 ^{ns}
NFC	0,82**	0,77**	0,25 ^{ns}	0,63**	0,89**	0,72**	-0,07 ^{ns}	-	-0,40*	0,31 ^{ns}	0,54**
NFT	-0,65**	-0,64**	-0,32 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,69**	-0,68**	0,15 ^{ns}	-0,46*	-	-0,54**	-0,64**
NB	0,21 ^{ns}	0,59**	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,45*	0,61**	-0,53**	0,42*	-0,63**	-	0,23 ^{ns}
MSF	0,61**	0,81**	0,72**	0,73**	0,91**	0,48*	0,05 ^{ns}	0,61**	-0,70**	0,26 ^{ns}	-

¹Caracteres: Comprimento da folha (CF), largura da folha (LF), comprimento do pecíolo (CP), diâmetro do centro do pecíolo (DP), área foliar (AF), massa seca da folha (MSF), altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas comerciais (NFC), número de folhas totais (NFT) e número de brotações (NB). **, *, ^{ns} significativo a 1%, 5% e não significativo pelo teste t, respectivamente.

Tabela 4. Média do comprimento da folha (CF), largura da folha (LF), comprimento do pecíolo (CP), diâmetro do centro do pecíolo (DP), área foliar (AF) e média da massa seca da folha (MSF) em genótipos de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.

Genótipos	CF (cm)	LF (cm)	AF (cm ²)	CP (cm)	DP (mm)	MSF (g/flh)
UFVJM-2	17,55 b	14,08 a	206,56 c	6,03 e	6,36 c	3,10 b
UFVJM-3	19,25 b	11,78 b	193,35 c	9,99 b	6,69 c	3,12 b
UFVJM-4	17,53 b	16,00 a	225,64 b	6,66 d	6,99 b	3,07 b
UFVJM-5	14,58 c	13,54 a	168,06 c	6,07 e	5,31 c	2,61 c
UFVJM-7	16,03 b	12,50 b	167,85 c	6,58 d	7,08 b	2,30 c
UFVJM-8	16,69 b	15,71 a	201,34 c	6,12 e	7,11 b	2,34 c
UFVJM-9	16,26 b	14,60 a	181,38 c	6,02 e	6,09 c	2,96 b
UFVJM-10	23,58 a	14,23 a	276,27 a	5,47 e	7,93 b	3,06 b
UFVJM-13	15,78 b	13,98 a	187,89 c	6,53 d	6,38 c	2,39 c
UFVJM-19	17,53 b	15,63 a	222,78 b	6,65 d	6,78 c	2,61 c
UFVJM-21	17,46 b	13,91 a	194,20 c	5,20 e	6,81 c	2,91 b
UFVJM-22	17,53 b	15,23 a	210,29 b	6,50 d	6,65 c	3,19 b
UFVJM-24	13,48 c	13,50 a	189,22 c	11,60 a	7,56 b	3,65 b
UFVJM-26	21,51 a	14,35 a	190,84 c	5,83 e	6,41 c	2,41 c
UFVJM-27	16,54 b	13,76 a	188,85 c	5,97 e	5,67 c	2,24 c
UFVJM-30	18,21 b	15,83 a	237,78 b	6,98 d	6,88 b	2,83 b
UFVJM-32	17,93 b	15,43 a	229,55 b	6,60 d	7,42 b	3,29 b
UFVJM-34	16,78 b	13,90 a	174,61 c	5,25 e	6,47 c	2,75 b
UFVJM-36	18,28 b	15,15 a	234,93 b	6,43 d	7,43 b	3,39 b
UFLA-1	19,97 a	15,06 a	244,13 b	5,75 e	7,51 b	3,30 b
UFLA-3	22,81 a	14,07 a	243,00 b	5,68 e	10,31 a	3,17 b
UFLA-5	14,48 c	14,93 a	195,98 c	7,93 d	6,39 c	2,93 b
UFLA-6	18,61 b	12,85 b	224,62 b	10,44 b	7,50 b	3,24 b
UFLA-8	18,14 b	16,21 a	248,68 b	8,73 c	7,26 b	3,34 b
UFLA-10	16,10 b	15,21 a	219,05 b	8,33 c	6,67 c	2,84 b
UFLA-11	23,83 a	18,48 a	317,25 a	12,48 a	9,68 a	5,61 a
UFLA-12	17,38 b	14,75 a	199,73 c	9,38 b	7,81 b	3,29 b
COM-1	13,62 c	10,95 b	124,09 d	4,78 e	6,21 c	1,61 d
COM-2	17,22 b	10,57 b	111,22 d	7,59 d	6,22 c	1,80 d
COM-3	13,26 c	11,33 b	119,03 d	4,83 e	6,14 c	1,72 d

Médias seguidas de mesma letra minúscula na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Tabela 5. Altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de folhas totais (NFT), número de folhas comerciais (NFC) e número de brotações (NB) em genótipos de couve. Diamantina-MG, UFVJM, 2012.

Genótipos	AP (cm)	DC (cm)	NFT	NFC	NB
UFVJM-2	59,45 c	10,94 d	9,42 c	1,42 b	6,75 a
UFVJM-3	68,65 b	12,04 c	9,75 c	1,75 b	4,92 a
UFVJM-4	66,35 b	12,80 c	9,33 c	2,17 a	4,92 a
UFVJM-5	59,50 c	8,70 d	9,50 c	0,92 b	6,17 a
UFVJM-7	58,10 c	11,90 c	14,08 b	2,17 b	7,42 a
UFVJM-8	67,75 b	12,57 c	11,58 b	2,83 a	4,83 a
UFVJM-9	57,65 c	11,19 d	9,25 c	1,75 b	6,42 a
UFVJM-10	64,65 c	12,55 c	9,67 c	4,42 a	6,25 a
UFVJM-13	63,75 c	9,15 d	13,50 b	2,67 a	8,83 a
UFVJM-19	67,05 b	10,92 d	11,67 b	2,75 a	7,33 a
UFVJM-21	69,30 b	11,89 c	10,42 c	1,75 b	4,83 a
UFVJM-22	70,10 b	10,68 d	9,25 c	2,50 a	4,08 a
UFVJM-24	54,20 c	14,92 c	12,00 b	1,25 b	7,00 a
UFVJM-26	69,25 b	11,00 d	10,08 c	2,67 a	6,67 a
UFVJM-27	83,35 a	11,28 d	10,50 c	2,00 b	6,33 a
UFVJM-30	69,90 b	12,06 c	13,00 b	2,50 a	6,92 a
UFVJM-32	64,05 c	11,92 c	10,42 c	1,50 b	5,83 a
UFVJM-34	73,25 b	10,25 d	9,75 c	1,17 b	6,00 a
UFVJM-36	68,85 b	12,84 c	9,92 c	1,83 b	5,58 a
UFLA-1	65,20 c	12,43 c	10,08 c	2,83 a	4,92 a
UFLA-3	79,26 a	13,12 c	11,50 b	3,33 a	4,25 a
UFLA-5	71,60 b	12,70 c	13,42 b	3,67 a	5,08 a
UFLA-6	68,70 b	11,54 d	10,08 c	2,08 b	1,67 b
UFLA-8	62,80 c	14,19 c	10,33 c	3,33 a	5,42 a
UFLA-10	67,25 b	12,56 c	11,00 c	2,42 a	4,83 a
UFLA-11	69,30 b	17,07 b	8,33 c	4,42 a	4,33 a
UFLA-12	63,90 c	10,24 d	9,58 c	2,17 a	6,42 a
COM-1	35,40 d	13,49 c	20,58 a	0,50 b	0,67 c
COM-2	31,20 d	22,39 a	11,83 b	1,08 b	3,08 b
COM-3	36,40 d	13,86 c	20,50 a	0,67 b	0,75 c

Médias seguidas de mesma letra minúscula na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

CONCLUSÃO GERAL

Há genótipos com grande divergência genética entre si, sendo os genótipos UFLA-6 e UFVJM-24 os mais divergentes dos demais, contudo, a maioria dos genótipos são similares, o que evidencia uma base genética restrita.

O comprimento do pecíolo, proporção da projeção alada, o tom de roxo da superfície adaxial da nervura primária, formato da margem foliar, número de folhas totais, formato da base da folha e diâmetro da base do pecíolo foram as características mais discriminantes quanto à divergência genética em genótipos de couve.

Há variabilidade genética entre os genótipos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, indicando a possibilidade de se obter ganhos genéticos representativos no melhoramento. O comprimento da folha, largura da folha, diâmetro do pecíolo, área foliar, altura da planta, número de brotações e massa seca da folha se apresentaram como as características mais importantes no melhoramento genético da couve por se correlacionarem com a produção comercial de folhas.

Os genótipos comerciais COM-1, COM-2 e COM-3 apresentaram características distintas dos demais genótipos, com menores médias para a área foliar, massa seca da folha e altura da planta, mantendo-se entre os genótipos com menor comprimento da folha, largura da folha, comprimento do pecíolo, número de folhas comerciais e número de brotações. Desta forma, há genótipos com desempenho superior aos comerciais, com destaque para o UFLA-11, que além de apresentar os maiores valores para as características que refletem a dimensão da folha apresentou-se entre os genótipos com maior produção de folhas comerciais.