

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

HENRIQUE DE FARIA BRAGA

AVALIAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES F_2 DE ALFACES
TROPICALIZADAS

MONTE CARMELO
2026

HENRIQUE DE FARIA BRAGA

AVALIAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES F₂ DE ALFACES
TROPICALIZADAS

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao curso de Agronomia da
Universidade Federal de Uberlândia,
Campus Monte Carmelo, como requisito
necessário para a obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo.

Orientadora: Profa. Dra. Ana Carolina
Silva Siquieroli

MONTE CARMELO
2026

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

HENRIQUE DE FARIA BRAGA

AVALIAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES F₂ DE ALFACES
TROPICALIZADAS

Monte Carmelo, 17 de julho de 2026

Banca Examinadora

Profa. Dra. Ana Carolina Silva Siquieroli
Orientadora

M.Sc. Hugo Gabriel Peres
Membro da Banca

Eng. Agr. Edésio Rodrigues de Souza Júnior
Membro da Banca

MONTE CARMELO
2026

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, por iluminar meu caminho, fortalecer minha caminhada e me conceder sabedoria e determinação para superar os desafios e concluir esta importante etapa da minha vida.

Aos meus pais, Jones e Maria Cláudia, à minha avó Aparecida Kátia e aos meus familiares, expresso minha sincera gratidão pelo amor, carinho, incentivo e apoio incondicional em todos os momentos desta caminhada. Ao meu avô Onezio, deixo um agradecimento especial por ter despertado em mim o interesse pela Agronomia e inspirado o sonho de seguir essa profissão. Seus ensinamentos, histórias e exemplo de vida foram fundamentais para a construção da minha trajetória e para que eu chegasse até aqui.

À minha orientadora, Profa. Dra. Ana Carolina Silva Siquieroli, expresso minha profunda gratidão pela confiança, paciência e dedicação ao longo dos anos de orientação. Agradeço pelos ensinamentos, pelas oportunidades e por acreditar no meu potencial, contribuindo de forma decisiva para minha formação. Sua orientação e seu exemplo foram essenciais para meu crescimento, e levarei comigo todos os conhecimentos e valores compartilhados.

A todos os professores do curso de Agronomia, agradeço pelos ensinamentos, pela dedicação e pelo compromisso com a formação de seus alunos. Cada disciplina e experiência vivenciada contribuiu significativamente para minha formação acadêmica, profissional e pessoal.

Aos meus amigos e colegas, agradeço por fazerem parte dessa caminhada e por tornarem a graduação uma fase mais leve e especial. Agradeço à República Acasalar, aos agregados e a Pedro Negrini, Hugo Gabriel, Edésio Júnior, Ottavio Carvalho, João Victor Queiroz e Juarez Gomyde pela convivência, amizade, parceria, apoio, conversas, risadas e por todos os momentos compartilhados ao longo dessa trajetória. Levarei comigo as lembranças e os aprendizados construídos durante essa etapa tão importante da minha vida.

Ao Grupo de Pesquisa GEN-HORT, agradeço pela oportunidade de integrar a equipe e pelos conhecimentos e experiências compartilhados, que contribuíram significativamente para minha formação e despertaram ainda mais meu interesse pela pesquisa.

Ao Zé da horta, por todo auxílio e apoio na condução dos experimentos.

À Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, pelo suporte estrutural e acadêmico oferecido durante toda a graduação, proporcionando as condições necessárias para minha formação.

RESUMO

A alface (*Lactuca sativa* L.) é a hortaliça folhosa mais consumida no Brasil, cujo cultivo em regiões tropicais é limitado pelo pendoamento precoce induzido pelas altas temperaturas. O desenvolvimento de cultivares adaptadas ao clima tropical depende do conhecimento da variabilidade genética entre os materiais em melhoramento. Objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética entre populações F₂ de alfaces tropicalizadas. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, em delineamento de blocos casualizados com três repetições, avaliando-se dez populações F₂ e a testemunha comercial Grand Rapids. Foram mensurados a massa fresca da parte aérea, o número de folhas, o diâmetro e o comprimento de caule. Os dados foram submetidos à análise de variância, ao teste de Scott-Knott, à correlação de Pearson e às análises multivariadas de distância de Mahalanobis, agrupamento UPGMA e componentes principais. Apenas o comprimento de caule diferiu significativamente entre as populações, sendo o caráter de maior contribuição para a divergência (61,56%). As análises multivariadas foram concordantes e isolaram a testemunha Grand Rapids das populações F₂, que apresentaram caules mais curtos e, portanto, maior tolerância ao pendoamento. As populações C1P11, C2P5 e C1P12 destacaram-se como as mais promissoras para o avanço do programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Lactuca sativa*; divergência genética; pendoamento; análise multivariada; melhoramento vegetal.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Variação da temperatura do ar (máxima, média e mínima diárias) ao longo do período experimental.	11
Figura 2 - Médias e desvios-padrão de quatro caracteres morfoagronômicos avaliados em dez populações F ₂ de alface e na testemunha comercial Grand Rapids, ordenados de forma crescente pelo comprimento de caule. As barras verticais representam o desvio-padrão.	14
Figura 3 - Comprimento de caule (cm) de populações F ₂ de alface e testemunha comercial Grand Rapids, em delineamento de blocos casualizados. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).	15
Figura 4 - Coeficientes de correlação de Pearson entre os quatro caracteres morfoagronômicos avaliados em dez populações F ₂ de alface e a testemunha comercial Grand Rapids.	16
Figura 5 - Matriz de distâncias generalizadas de Mahalanobis (D ²) ordenada segundo o agrupamento UPGMA.	17
Figura 6 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre genótipos de alface, obtido pelo método UPGMA a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D ²).	18
Figura 7 - Dispersão gráfica de genótipos de alface nos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), com os vetores dos quatro caracteres morfoagronômicos avaliados.	19
Figura 8 - Contribuição relativa de quatro caracteres morfoagronômicos para a divergência genética entre genótipos de alface, estimada pelo método de Singh (1981).	20

SUMÁRIO

RESUMO	5
1. INTRODUÇÃO	8
2. OBJETIVO.....	9
3. REVISÃO DE LITERATURA	9
3.1 Cultura da alface	9
3.2 Tropicalização.....	10
3.3 Melhoramento e diversidade genética	10
4. MATERIAL E MÉTODOS	11
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
5.1 Desempenho dos caracteres morfoagronômicos e adaptação ao clima tropical	13
5.2 Divergência genética e agrupamento dos genótipos.....	16
5.3 Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética	19
6. CONCLUSÃO	20
REFERÊNCIAS	21

1 INTRODUÇÃO

A alface (*Lactuca sativa* L.) é uma hortaliça folhosa comumente presente na dieta de uma parcela considerável da população mundial. No Brasil, destaca-se como a hortaliça folhosa mais popular e consumida. A pesquisa voltada para o melhoramento genético da alface, com foco em sua adaptação ao clima tropical, tem enfrentado desafios, uma vez que grande parte das cultivares disponíveis foi desenvolvida para condições de clima temperado, atendendo pouco às necessidades da agricultura brasileira especialmente no que se refere à resistência de variedades às condições de cultivo típicas do país (SALA; COSTA, 2012).

Conforme dados do Censo Agropecuário (IBGE, 2017), a área de cultivo de alface no Brasil engloba 108.603 estabelecimentos, com produção anual de aproximadamente 671,5 mil toneladas. O alto número de estabelecimentos que cultivam alface, em comparação com o volume produzido, evidencia o forte papel da agricultura familiar no cultivo dessa hortaliça. A agricultura familiar é um dos principais pilares da segurança alimentar e nutricional no Brasil, especialmente por sua capacidade de ofertar uma ampla diversidade de alimentos (DANTAS; SOUZA; VALE, 2025).

No cenário atual, com o agravamento das mudanças climáticas, principalmente no que se refere ao aumento da temperatura média global e aos eventos extremos, como secas prolongadas, o melhoramento genético possui papel fundamental para garantir a oferta contínua de alface no mercado, por meio da adaptação das cultivares ao clima tropical (tropicalização). O sucesso dos programas de melhoramento depende da variabilidade genética, que pode ser ampliada por meio do cruzamento entre os genótipos mais distintos, focando nas características agronômicas de interesse para a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A recombinação obtida nos cruzamentos é fundamental para a geração de variabilidade genética, o que permite a seleção de populações e linhagens melhoradas. Das plantas híbridas, são colhidas sementes de populações F_2 , que devem ser avaliadas e selecionadas para obter a geração F_3 e, posteriormente, linhagens com os fenótipos que o melhorista julgar interessantes. A variabilidade entre e dentro de populações F_2 , a geração com maior variabilidade genética, é um forte indicador do potencial de seleção e de ganho genético dentro do germoplasma gerado a partir das hibridações (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1981).

A manutenção e ampliação da diversidade genética são aspectos importantes para o sucesso a longo prazo dos programas de melhoramento genético da alface. A diversidade genética dentro de cultivares é fundamental para garantir a resistência a doenças, pragas e condições climáticas adversas, que estão se tornando cada vez mais frequentes. A introdução

de novas fontes de germoplasma, seja por meio de cruzamentos entre variedades ou pela preservação de variedades locais, pode gerar uma variabilidade genética essencial para a adaptação da alface a diferentes sistemas de cultivo. Essa diversidade também oferece maior resiliência aos cultivos, permitindo que novas variedades de alface sejam desenvolvidas com características desejáveis, como resistência a estresses ambientais e maior adaptação a diferentes condições edafoclimáticas, sem comprometer a produtividade. A preservação e o uso adequado da diversidade genética não só fortalecem a produção agrícola, mas também contribuem para a segurança alimentar global (SALGOTRA; CHAUHAN, 2023).

2 OBJETIVOS

Avaliar a dissimilaridade genética entre populações F₂ de alfaces, com base em características morfoagronômicas relacionadas à tropicalização, visando subsidiar a seleção de genitores e o avanço das populações mais promissoras no programa de melhoramento.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Cultura da alface

A alface (*Lactuca sativa* L.), originária da região mediterrânea, destaca-se como uma das hortaliças folhosas de maior relevância e consumo global. Trata-se de uma planta herbácea, com caule curto e não ramificado, além de apresentar uma raiz principal do tipo pivotante, altamente ramificada. Essa estrutura radicular favorece a absorção eficiente de nutrientes e água nas áreas próximas ao solo onde está cultivada (SILVA et al., 2020). É uma hortaliça de folhas frescas amplamente utilizada em preparações como saladas e sanduíches (HASSAN et al., 2021).

A alface é uma planta autógama e sua hibridação é uma atividade laboriosa, sendo restrita a programas de melhoramento genético e estudos de algumas áreas correlatas, como a fisiologia vegetal e biologia molecular. A recombinação de genótipos é uma estratégia que pode ser usada por melhoristas para obter plantas com características desejadas pelos diferentes segmentos de mercado. Com a recombinação, gera-se variabilidade genética passível de seleção e ganho genético, principalmente na ocorrência de segregantes transgressivos (SILVA, 2021).

3.2 Tropicalização

As mudanças climáticas estão diretamente relacionadas à desnutrição e à insegurança alimentar e nutricional, pois afetam a disponibilidade, o acesso e a qualidade dos alimentos, comprometendo a saúde e o bem-estar das populações (ALPINO et al., 2022).

A alface é uma espécie de clima temperado, com temperatura ótima de desenvolvimento entre 15 e 20 °C; em ambientes com temperatura média diária superior a 25 °C, a planta tende a pendoar precocemente a partir do centro da roseta foliar. Esse processo envolve a ativação de múltiplas rotas florais, incluindo as vias do fotoperíodo, da idade da planta e das giberelinas, hormônios que promovem o alongamento celular do caule (HAO et al., 2022). Temperaturas altas podem reduzir a produtividade da alface e causar o endurecimento e o sabor amargo das folhas, em decorrência do florescimento antecipado. Quando essas condições são combinadas com elevada umidade relativa, aumentam-se ainda os riscos de infecção por fungos e bactérias, tornando as plantas mais suscetíveis a doenças e resultando em produtos com menor qualidade (SALA; COSTA, 2012).

As variedades de alface adaptadas ao clima tropical devem possuir resistência ao florescimento precoce, sendo recomendadas para o cultivo em áreas de clima quente (HENZ; SUINAGA, 2009). Nesse sentido, a seleção de genótipos com pendoamento tardio constitui a base fisiológica e genética para o desenvolvimento de cultivares comercialmente viáveis em regiões tropicais.

3.3 Melhoramento e diversidade genética

Os programas de melhoramento genético de alface no Brasil têm priorizado a tolerância ao pendoamento como critério central de seleção, essencial para viabilizar o cultivo em condições de altas temperaturas. A cultivar 'Gloriosa', desenvolvida no país, foi considerada a primeira alface do tipo americana tropicalizada, resultado da seleção voltada à tolerância ao calor (SALA; COSTA, 2012). Esse histórico consolidou a tropicalização como um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético de alface no Brasil, os quais dependem da diversidade genética gerada pela recombinação entre genótipos contrastantes para viabilizar a seleção de materiais adaptados ao clima tropical.

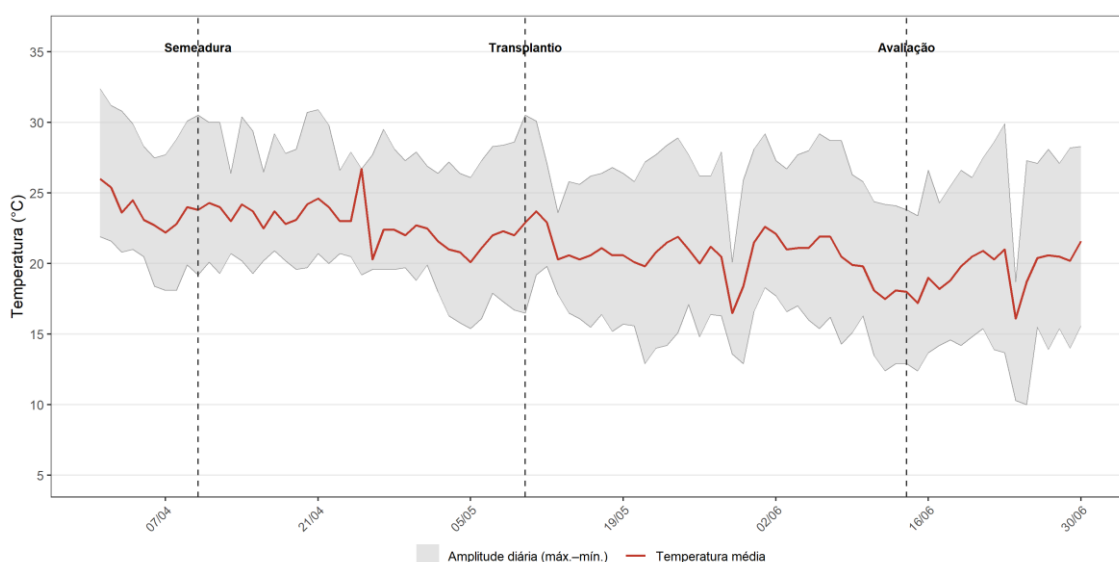
O Programa de Melhoramento Genético de Alface Biofortificada e Tropicalizada da UFU segue essa linha, caracterizando linhagens quanto à eficiência fotossintética, ao uso da água e ao potencial agrônomo-nutricional, e identificando genótipos que combinam pendoamento

tardio com vigor agrônômico e eficiência fisiológica em condições tropicais (SIQUIEROLI et al., 2025). A diversidade genética obtida pela recombinação entre genótipos contrastantes constitui, portanto, a base para a seleção de populações segregantes com maior adaptação ao clima tropical, fundamentando o avanço contínuo desses programas de melhoramento.

4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, Minas Gerais, Brasil (18°42'43,19" S; 47°29'55,8" O; altitude de 873 m), no período de abril a junho de 2025. A região apresenta clima tropical do tipo Aw segundo a classificação de Köppen (MARTINS et al., 2018), caracterizado por verão quente e chuvoso, condição que impõe elevadas temperaturas durante a fase de cultivo e favorece a ocorrência de pendoamento precoce em alface, justificando a avaliação de genótipos adaptados ao clima tropical. As condições térmicas registradas durante o período experimental são apresentadas na Figura 1.

Figura 1 - Variação da temperatura do ar (máxima, média e mínima diárias) ao longo do período experimental.



Fonte: Autor (2026).

Foram avaliados onze genótipos de alface, sendo dez populações F₂ (C1P10, C1P11, C1P12, C1P13, C1P14, C2P2, C2P3, C2P5, C2P6, C2P7) e a cultivar comercial Grand Rapids,

utilizada como testemunha. As populações F₂ são provenientes do cruzamento entre linhagens biofortificadas para carotenoides, clorofila e antocianina, provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Alface Biofortificada e Tropicalizada da UFU.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno preenchidas com substrato comercial à base de fibra de coco. Aos trinta dias após a semeadura, realizou-se o transplântio para o campo. A irrigação foi realizada por gotejamento superficial, sendo a lâmina, a frequência e o volume definidos com base no monitoramento visual das condições hídricas do solo e do estágio fenológico das plantas, associado à observação das condições climáticas vigentes durante o período experimental. Os tratamentos culturais e a adubação foram realizados conforme as recomendações técnicas para a cultura da alface (FILGUEIRA, 2008). Cada parcela foi composta por dezesseis plantas, arranjadas em duas linhas, no espaçamento de 0,25 m × 0,25 m, sendo avaliadas três plantas por parcela. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados (DBC), com onze tratamentos e três repetições, totalizando 33 parcelas.

Aos 35 dias após o transplântio, foram avaliados quatro caracteres morfoagronômicos relacionados à adaptação ao clima tropical: massa fresca da parte aérea (kg), número de folhas, diâmetro do caule (cm) e comprimento do caule (cm). A massa fresca da parte aérea foi determinada por pesagem das plantas em balança. O número de folhas foi obtido por contagem direta das folhas por planta. O diâmetro e o comprimento do caule foram mensurados com paquímetro. Para cada parcela, utilizou-se a média das plantas avaliadas.

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) segundo o modelo de blocos casualizados, e as médias dos genótipos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. A precisão experimental foi avaliada pelo coeficiente de variação (CV%). As relações lineares entre os caracteres foram quantificadas pelo coeficiente de correlação de Pearson.

A dissimilaridade genética entre os genótipos foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis (D²) (MAHALANOBIS, 1936; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A partir da matriz de distâncias, procedeu-se ao agrupamento hierárquico pelo método da ligação média entre grupos (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages* – UPGMA). A validade do agrupamento foi verificada pelo coeficiente de correlação cofenética (SOKAL; ROHLF, 1962; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014) e o número de grupos foi definido pelo critério de Mojena (1977), adotando-se a constante $k = 1,25$ (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A contribuição relativa de cada caráter para a dissimilaridade foi estimada pelo método de Singh (1981).

Complementarmente, realizou-se a análise de componentes principais (ACP), visando à representação bidimensional da divergência entre os genótipos. Todas as análises foram realizadas no programa R, versão 4.6.0 (R CORE TEAM, 2026), com o auxílio dos pacotes *biotools*, *ScottKnott*, *FactoMineR* e *factoextra*. As figuras foram elaboradas com os pacotes *ggplot2* e *ggdendro*.

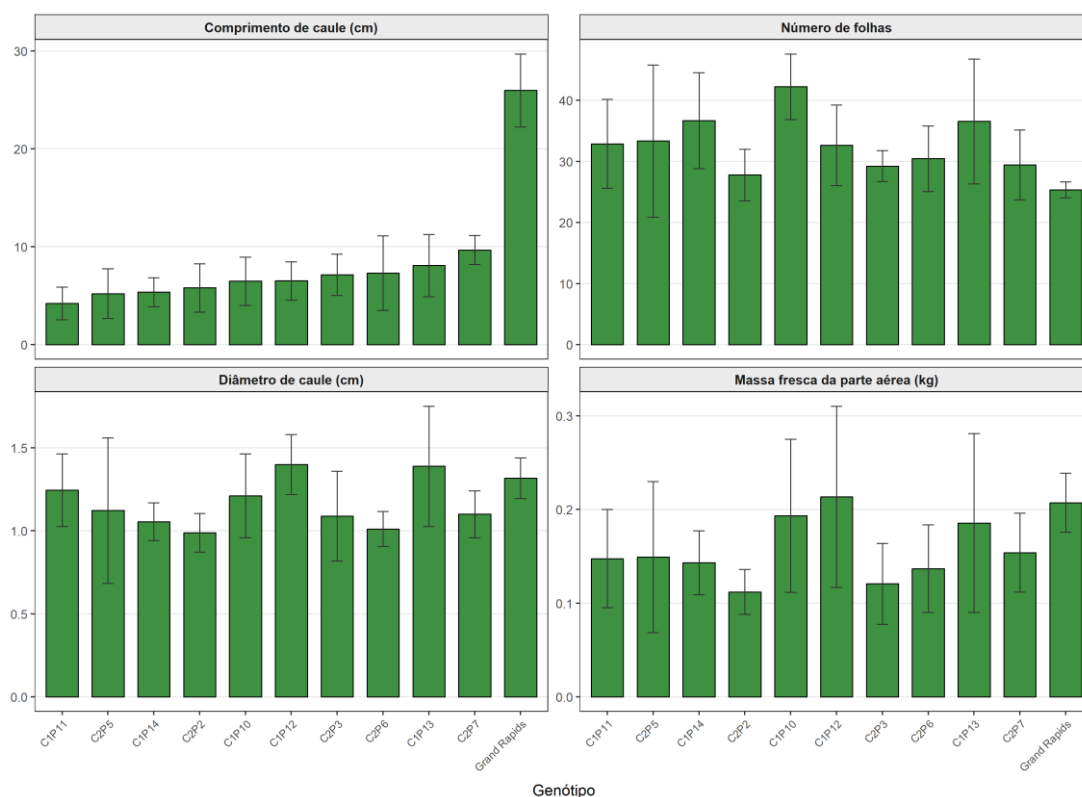
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Desempenho dos caracteres morfoagronômicos e adaptação ao clima tropical

A análise de variância revelou diferença significativa ($p < 0,01$) entre os genótipos apenas para o comprimento de caule. Para massa fresca da parte aérea, número de folhas e diâmetro de caule não foram detectadas diferenças significativas. Os coeficientes de variação situaram-se entre 16,70% (diâmetro de caule) e 30,95% (massa fresca), sendo os valores mais elevados esperados em populações F_2 , que se encontram em geração de máxima variabilidade genética (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), não comprometendo a confiabilidade das análises.

A caracterização morfoagronômica das populações revelou padrões distintos de desempenho e de variabilidade entre os genótipos (Figura 2). Embora massa fresca da parte aérea, número de folhas e diâmetro de caule não tenham diferido significativamente entre os genótipos, a amplitude de variação observada dentro das populações F_2 é expressiva, sobretudo para o número de folhas, caráter cuja média geral foi de 32,41 folhas. As populações C2P5 e C1P13 destacaram-se pelos maiores desvios-padrão (12,47 e 10,21 folhas, respectivamente), correspondendo aos coeficientes de variação mais elevados entre os onze genótipos avaliados (37,4% e 27,9%, respectivamente). Esse comportamento contrasta com a reduzida variabilidade da testemunha comercial Grand Rapids, cultivar geneticamente homogênea, e reflete a condição das populações F_2 , geração de máxima segregação, na qual a variabilidade intrapopulacional constitui a matéria-prima essencial para a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Assim, a ausência de significância na análise de variância entre médias não implica ausência de variabilidade útil, uma vez que o ganho por seleção em gerações segregantes depende justamente da variação existente dentro das populações.

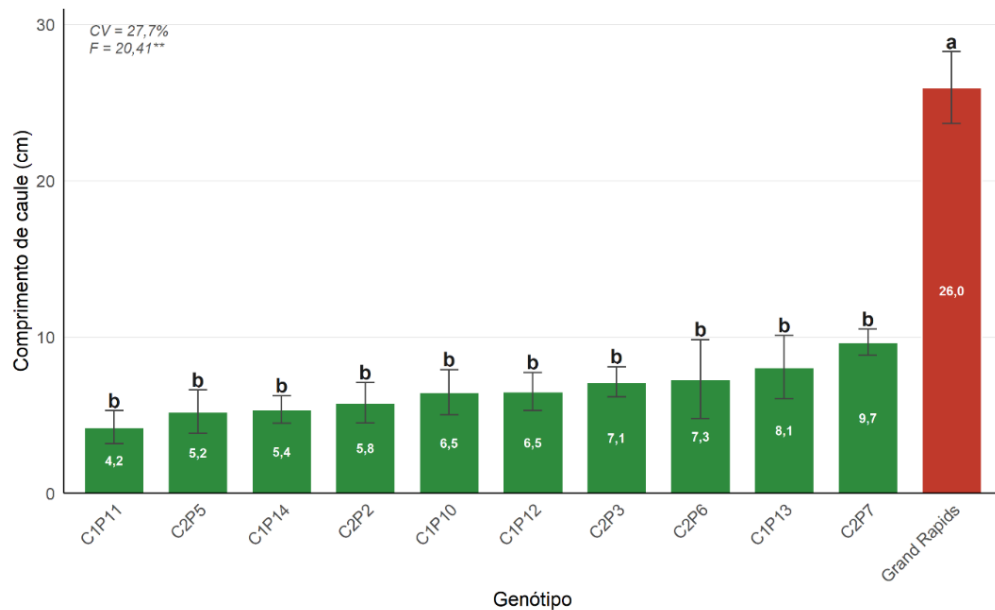
Figura 2 - Médias e desvios-padrão de quatro caracteres morfoagronômicos avaliados em dez populações F₂ de alface e na testemunha comercial Grand Rapids, ordenados de forma crescente pelo comprimento de caule. As barras verticais representam o desvio-padrão.



Fonte: Autor (2026).

Pelo teste de Scott-Knott, o comprimento de caule separou os genótipos em dois grupos distintos (Figura 3). A testemunha comercial Grand Rapids constituiu isoladamente o grupo de maior média (25,97 cm), enquanto todas as dez populações F₂ formaram um segundo grupo, com médias entre 4,22 cm (C1P11) e 9,67 cm (C2P7), com reduções de 62,8% a 83,8% em relação à testemunha. Como a alface é espécie originária de clima temperado, cujo cultivo em regiões tropicais é limitado pelas altas temperaturas indutoras do pendoamento precoce (*bolting*), caracterizado pelo alongamento do caule, redução do número de folhas e comprometimento da qualidade comercial (SOUZA et al., 2008), o caule alongado da Grand Rapids evidencia sua menor adaptação ao ambiente tropical, ao passo que os caules curtos das populações F₂ indicam maior resistência ao pendoamento. Destacaram-se C1P11 (4,22 cm) e C2P5 (5,21 cm), as mais promissoras para o avanço do programa.

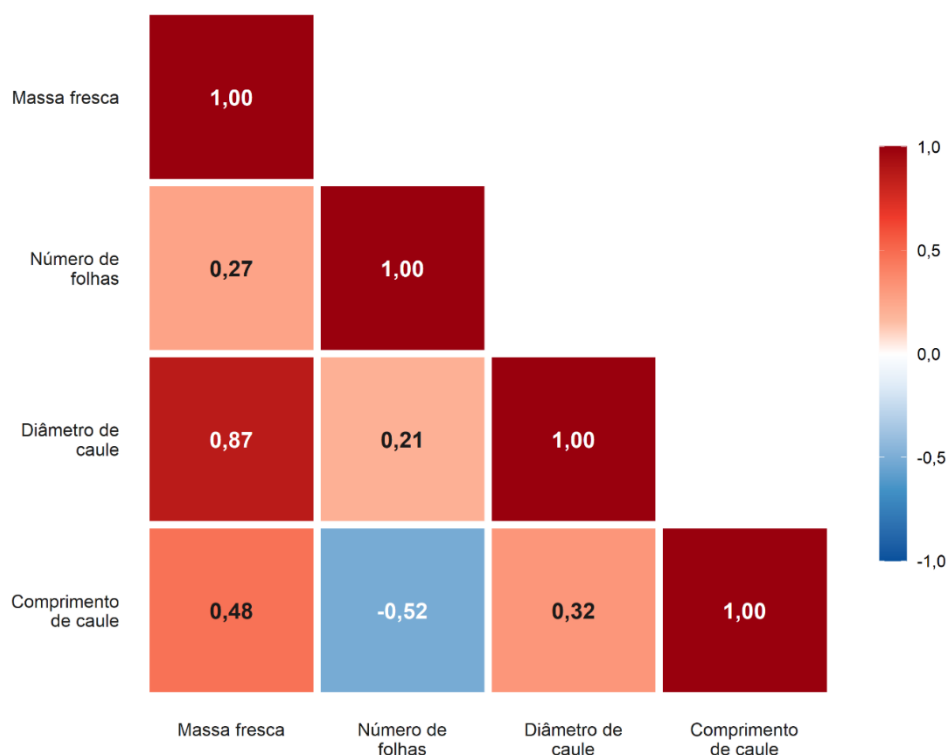
Figura 3 - Comprimento de caule (cm) de populações F₂ de alface e testemunha comercial Grand Rapids, em delineamento de blocos casualizados. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$).



Fonte: Autor (2026).

A ausência de diferença significativa para os demais caracteres indica que a seleção para arquitetura adaptada ao clima tropical não implicou redução nesses atributos, resultado desejável e coerente com Souza et al. (2008), que associaram a menor emissão do pendão floral à manutenção de médias satisfatórias de diâmetro de caule e massa fresca. Esse antagonismo entre crescimento vegetativo e reprodutivo manifestou-se também nas correlações de Pearson (Figura 4): número de folhas e comprimento de caule correlacionaram-se negativamente ($r = -0,516$). Massa fresca e diâmetro de caule, por sua vez, apresentaram a associação positiva mais forte entre os caracteres avaliados ($r = 0,868$), refletindo a coerência funcional entre atributos de vigor vegetativo. Essa associação positiva possui coerência fisiológica: caules de maior diâmetro dispõem de maior área de tecidos condutores, o que favorece o transporte de água e fotoassimilados e, conseqüentemente, o acúmulo de massa fresca na parte aérea (HUANG et al., 2022). Do ponto de vista do melhoramento, a correlação negativa moderada sugere potencial para seleção indireta (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014): a seleção de plantas com maior número de folhas tenderia a favorecer, indiretamente, a redução do comprimento do caule, atributo-alvo da tropicalização. Ressalva-se, contudo, que se trata de correlação fenotípica; a confirmação do ganho por seleção indireta requer a estimativa das correlações genéticas entre os caracteres.

Figura 4 - Coeficientes de correlação de Pearson entre os quatro caracteres morfoagronômicos avaliados em dez populações F₂ de alface e a testemunha comercial Grand Rapids.

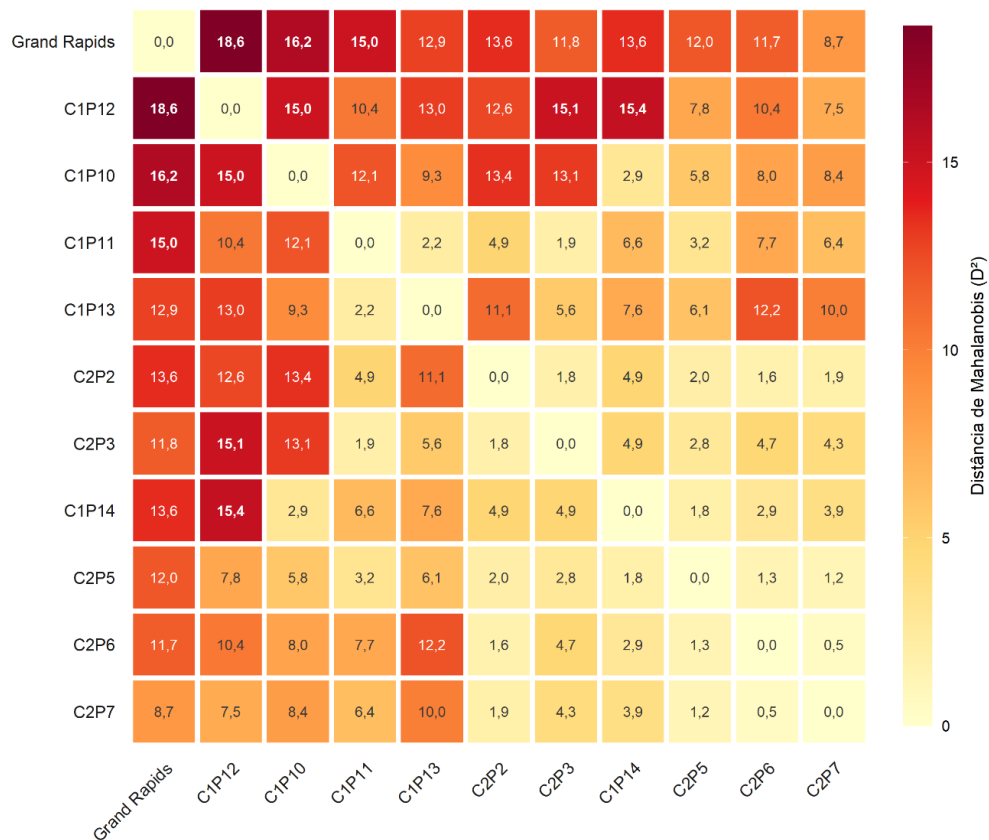


Fonte: Autor (2026).

5.2 Divergência genética e agrupamento dos genótipos

A dissimilaridade entre os genótipos, quantificada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), variou de 0,49 (entre C2P6 e C2P7) a 18,59 (entre C1P12 e Grand Rapids), evidenciando variabilidade genética expressiva (Figura 5). A testemunha apresentou as maiores distâncias em relação à totalidade das populações F₂ (D^2 de 8,68 a 18,59), enquanto os menores valores ocorreram entre populações do grupo de cruzamento C2, indicando maior proximidade genética entre essas populações.

Figura 5 - Matriz de distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) ordenada segundo o agrupamento UPGMA.

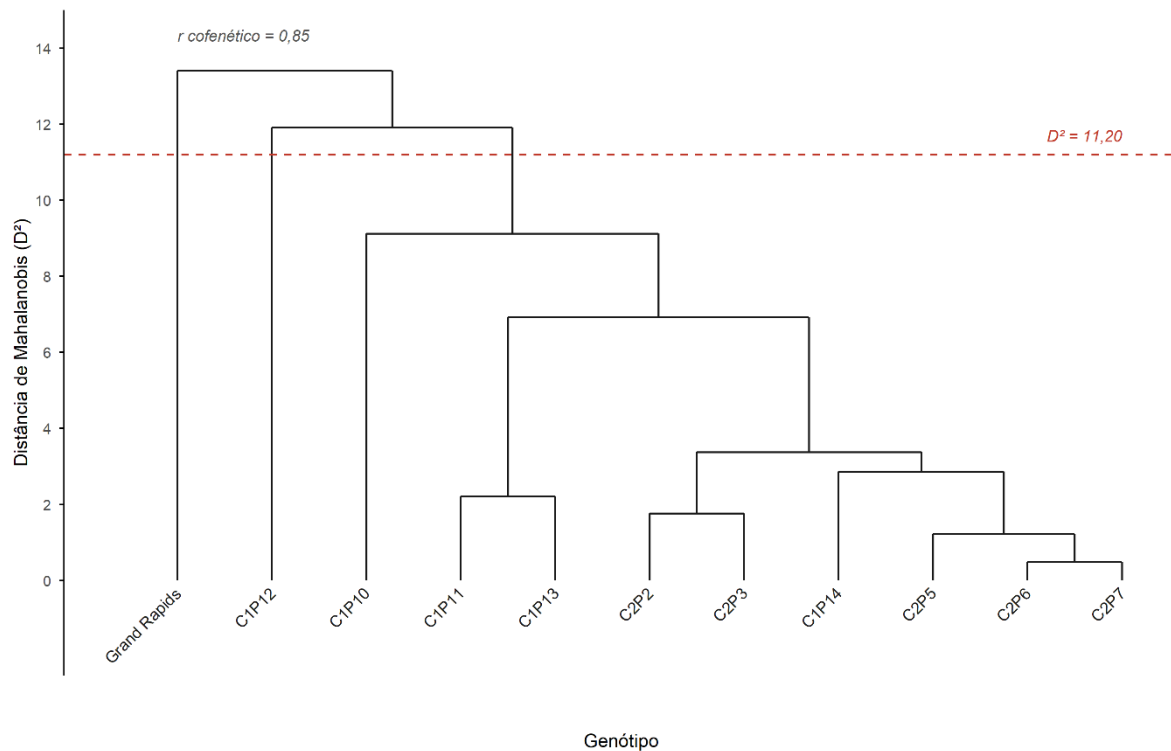


Fonte: Autor (2026).

O agrupamento pelo método UPGMA (Figura 6) apresentou coeficiente de correlação cofenética de 0,85, indicando elevado ajuste entre o dendrograma e a matriz de dissimilaridade original. Valores superiores a 0,80 são considerados adequados (ROHLF, 1970), sendo o método UPGMA reconhecido por proporcionar as menores distorções nessa representação (SOKAL; ROHLF, 1962). O número de grupos foi definido pelo critério de Mojena (1977), adotando-se a constante $k = 1,25$, valor que proporcionou partição biologicamente interpretável dos genótipos, o que estabeleceu o ponto de corte em $D^2 = 11,20$. Formaram-se três grupos: o Grupo I, constituído pela testemunha comercial Grand Rapids; o Grupo II, pela população C1P12; e o Grupo III, pelas nove demais populações F₂. O isolamento da Grand Rapids, atribuível à sua origem temperada, e a singularidade de C1P12 condizem com elevadas distâncias de Mahalanobis. Cruzamentos entre genótipos de grupos divergentes tendem a gerar populações segregantes com maior variabilidade e expressão heterótica (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014), estratégia já aplicada com sucesso na avaliação da dissimilaridade genética de genótipos de alface biofortificados (SOUSA et al., 2020). Recomenda-se, porém, associar a

divergência ao bom desempenho dos genótipos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1981). Nesse sentido, a Grand Rapids, embora seja a mais divergente, é pouco recomendável como genitora, dada sua suscetibilidade ao pendoamento, ao passo que C1P12 combina divergência e caule curto, configurando-se como população estratégica. Dessa forma, a seleção das populações mais promissoras combina dois critérios complementares: o menor comprimento de caule (C1P11 e C2P5), associado à tolerância ao pendoamento, e a maior divergência genética entre as populações F₂ (C1P12), favorável à ampliação da variabilidade em cruzamentos.

Figura 6 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre genótipos de alface, obtido pelo método UPGMA a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

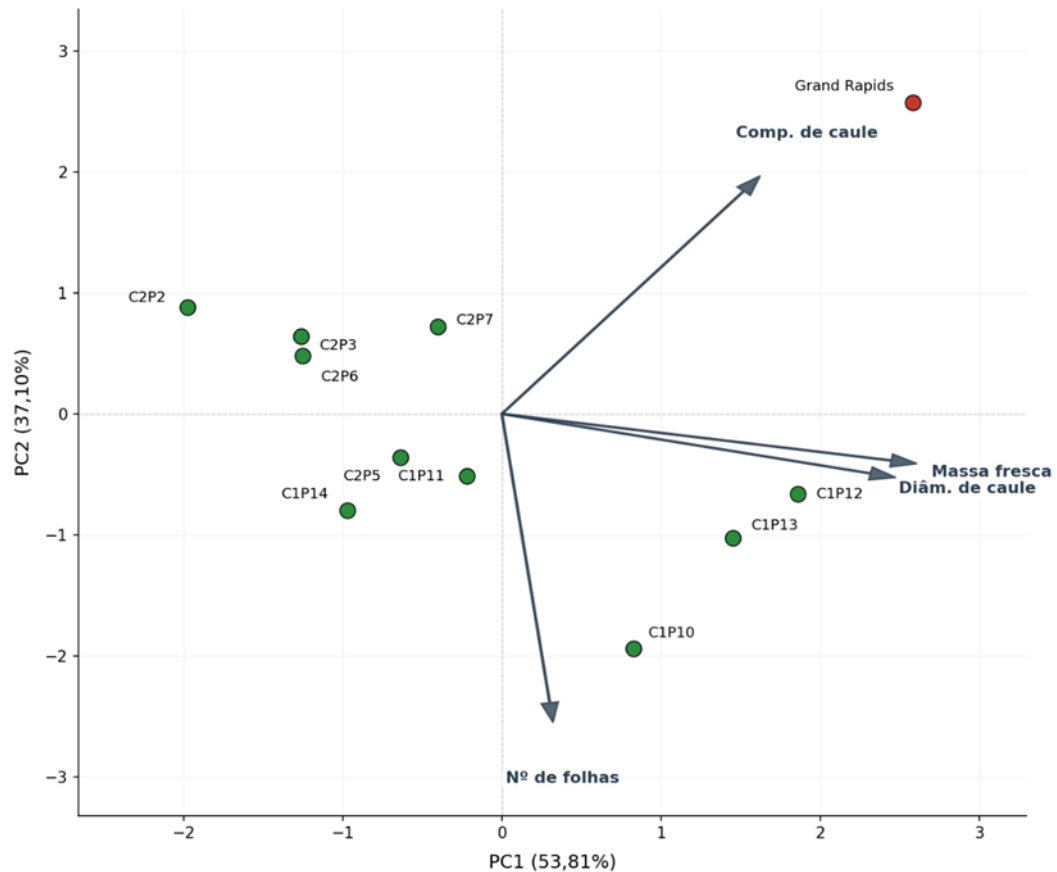


Fonte: Autor (2026).

Esse padrão foi corroborado, por método independente, pela análise de componentes principais (Figura 7), cujos dois primeiros componentes explicaram 90,91% da variância total (CP1 = 53,81%; CP2 = 37,10%), proporção elevada, considerando-se recomendável que a maior parte da variabilidade seja explicada por, no máximo, três componentes (HAIR JÚNIOR et al., 2009). O primeiro componente associou-se ao vigor vegetativo (massa fresca e diâmetro de caule) e o segundo à arquitetura foliar (número de folhas), refletindo as correlações

previamente discutidas. A dispersão gráfica confirmou o isolamento da Grand Rapids em relação às populações F₂, reforçando, por ordenação, o padrão já indicado pelo agrupamento hierárquico. A convergência de resultados entre técnicas multivariadas distintas confere maior confiabilidade às inferências (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Figura 7 - Dispersão gráfica de genótipos de alface nos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2), com os vetores dos quatro caracteres morfoagronômicos avaliados.



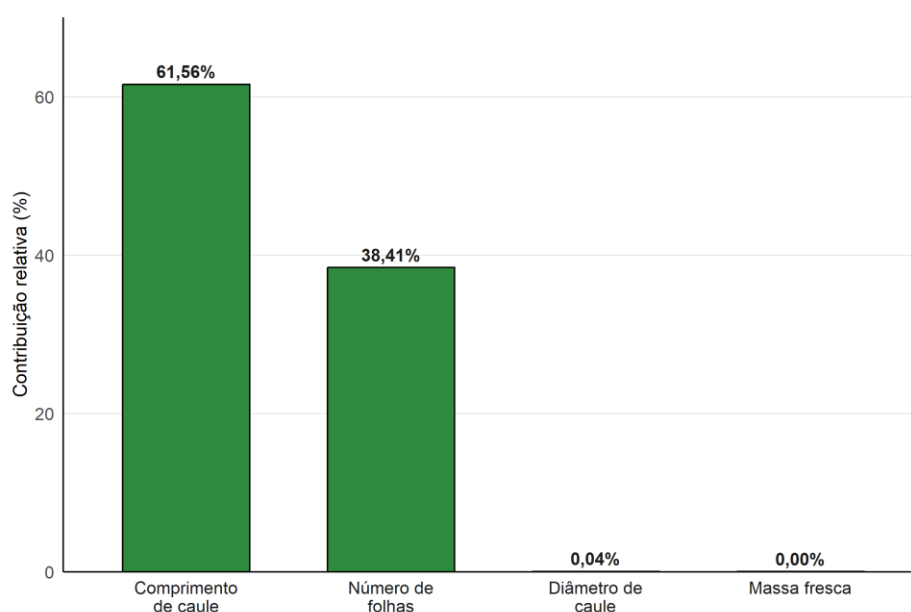
Fonte: Autor (2026).

5.3 Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética

Pelo método de Singh (1981), o comprimento de caule respondeu por 61,56% da divergência total e o número de folhas por 38,41%, correspondendo, em conjunto, a 99,97% da divergência total, enquanto o diâmetro de caule (0,04%) e a massa fresca (0,00%) apresentaram contribuição irrisória (Figura 8). O predomínio do comprimento de caule está de acordo com sua condição de único caráter significativo na análise de variância e principal responsável pela separação da testemunha, reafirmando a centralidade da tolerância ao pendoamento como eixo

de diferenciação genética entre os materiais, aspecto de relevância para a seleção visando à adaptação ao clima tropical. A baixa contribuição do diâmetro de caule e da massa fresca indica caracteres pouco discriminatórios, passíveis de descarte em avaliações futuras, com otimização de recursos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014); ressalva-se, contudo, que o método de Singh é sensível à escala de mensuração, de modo que a reduzida contribuição da massa fresca não implica, necessariamente, ausência de importância agronômica do caráter.

Figura 8 - Contribuição relativa de quatro caracteres morfoagronômicos para a divergência genética entre genótipos de alface, estimada pelo método de Singh (1981).



Fonte: Autor (2026).

6 CONCLUSÃO

Há variabilidade genética entre as populações F_2 de alface avaliadas. O comprimento de caule foi o caráter que mais contribuiu para a divergência e discriminou os genótipos quanto à tolerância ao pendoamento. A distância de Mahalanobis, o agrupamento UPGMA e a análise de componentes principais foram concordantes e separaram a testemunha Grand Rapids das populações F_2 . As populações C1P11, C2P5 e C1P12 são as mais indicadas para as próximas etapas do programa de melhoramento. Recomenda-se o avanço dessas populações e a realização de cruzamentos que combinem divergência genética e caule curto.

REFERÊNCIAS

- ALPINO, T. de M. A. et al. The impacts of climate change on Food and Nutritional Security: a literature review. **Ciência & Saúde Coletiva**, Rio de Janeiro, v. 27, n. 1, p. 273–286, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1413-81232022271.05972020>.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014. v. 2.
- DANTAS, N. M.; SOUZA, C. V. S. de; VALE, D. Contribuição da agricultura familiar para a Segurança Alimentar e Nutricional. **Segurança Alimentar e Nutricional**, Campinas, v. 31, e024035, 2025. DOI: <https://doi.org/10.20396/san.v31i00.8677254>.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2008.
- HAIR JÚNIOR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981.
- HAO, J. et al. Molecular basis of high temperature-induced bolting in lettuce revealed by multi-omics analysis. **BMC Genomics**, London, v. 23, artigo 580, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08814-z>.
- HASSAN, M. N. et al. Recent molecular and breeding strategies in lettuce (*Lactuca* spp.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, [S.l.], v. 68, n. 8, p. 3055–3079, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01246-w>.
- HENZ, G. P.; SUINAGA, F. A. **Tipos de alface cultivados no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2009. 7 p. (Comunicado Técnico, 75).

HUANG, Y. et al. Combined analysis of the transcriptome and metabolome provides insights into the fleshy stem expansion mechanism in stem lettuce. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 13, artigo 1101199, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1101199>.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Censo agropecuário 2017**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/>.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**, Calcutá, v. 2, n. 1, p. 49-55, 1936.

MARTINS, F. B.; GONZAGA, G.; SANTOS, D. F. dos; REBOITA, M. S. Classificação climática de Köppen e de Thornthwaite para Minas Gerais: cenário atual e projeções futuras. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 14, p. 129-156, 2018. DOI: <https://doi.org/10.5380/abclima.v1i0.60896>.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, Oxford, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Versão 4.6.0. Viena: R Foundation for Statistical Computing, 2026.

ROHLF, F. J. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Zoology**, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.

SALA, F. C.; COSTA, C. P. Retrospectiva e tendência da alfacicultura brasileira. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 2, p. 187–194, jun. 2012.

SALGOTRA, R. K.; CHAUHAN, B. S. Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources. **Genes**, Basel, v. 14, n. 1, p. 174, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes14010174>.

SILVA, A. C. de P. **Estimativa de parâmetros genéticos para características de resistência ao *Meloidogyne incognita* em alface**. 2021. 54 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) –

Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, 2021. DOI: <https://doi.org/10.14393/ufu.di.2021.530>.

SILVA, C. B. et al. Teor de clorofila, carotenóides e índice SPAD na alface (*Lactuca sativa*) em função de lâminas de irrigação e níveis salinos. **Ciência Agrícola**, Rio Largo, v. 18, n. 3, p. 19–22, 2020. Disponível em: <https://www.seer.ufal.br/index.php/revistacienciaagricola/article/view/9468/7655>.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, Nova Délhi, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SIQUIEROLI, A. C. S. et al. Tropicalized lettuce: photosynthetic efficiency, water use, and agronomic–nutritional potential. **BMC Plant Biology**, London, v. 25, artigo 1380, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07397-7>.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Utrecht, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962.

SOUSA, L. A. et al. Genetic dissimilarity between biofortified lettuce genotypes for leaf carotenoid levels. **Comunicata Scientiae**, Teresina, v. 11, e3348, 2020. DOI: <https://doi.org/10.14295/CS.v11i0.3348>.

SOUZA, M. C. M. de; RESENDE, L. V.; MENEZES, D.; LOGES, V.; SOUTO, T. A.; SANTOS, V. F. dos. Variabilidade genética para características agronômicas em progênies de alface tolerantes ao calor. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 26, n. 3, p. 354-358, 2008.