

Variabilidade genética para caracteres de frutos em genótipos de maracujazeiro

Francilene da Silva Chabi¹, Talita de Deus Ribeiro¹, Cristina de Fátima Machado², Carlos Alberto da Silva Ledo²

¹Estudantes de Ensino Médio do Colégio Estadual Luciano Passos, Cruz das Almas, BA, francychabi@hotmail.com, talita_ribeiro2001@hotmail.com, ²Pesquisadores da EmbrapaMandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br

A variabilidade genética, espontânea ou criada, é o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie. Sua manipulação pelos métodos adequados leva seguramente à obtenção de genótipos superiores com relação às características agrônômicas de interesse. Este trabalho foi conduzido com os objetivos de: i) caracterizar genótipos de maracujá produzidos em sistema orgânico com base em descritores qualitativos e quantitativos; ii) estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos; iii) e selecionar materiais genéticos superiores, a partir de características de qualidade de frutos. Foram utilizados cinco genótipos de maracujazeiro: *Passiflora setacea* DC. (variedade Pérola do Cerrado); *P. gibertii* N.E.Br. (BGP008); *P. edulis* Sims (BRS Gigante Amarelo e BRS Sol do Cerrado) e *P. alata* Curtis (BGP 004). Os acessos BGP 004 e BGP 008 pertencem à coleção de germoplasma de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Embrapa – CNPMF). O estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-Colheita da Embrapa – CNPMF, no período de agosto de 2016 a julho de 2017, sendo avaliados 12 descritores (10 quantitativos de fruto e dois qualitativos), os quais fazem parte da lista dos descritores mínimos de cultivares de maracujazeiro. Inicialmente realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas, onde se utilizou a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers, respectivamente. Em seguida, uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para a determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower. Os agrupamentos hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram obtidos pelo método de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético. A significância do coeficiente de correlação cofenético foi calculada pelo teste t de Mantel, com 1.000 permutações. Utilizou-se também o critério de Singh para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética dos acessos. De acordo com os valores obtidos a partir da matriz de dissimilaridade, a maior distância entre os genótipos foi observada entre a variedade BRS Gigante Amarelo (*P. edulis*) e BGP 008 (*P. gibertii*). A análise da divergência genética permitiu separar os acessos em quatro grupos geneticamente distintos. Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para a divergência genética pelo método Singh foram: peso médio do fruto (57,16%); peso médio da polpa (15,84%); peso médio da casca + sementes (15,50%); SS/AT (4,65%); comprimento médio do fruto (3,44%); e largura média do fruto (2,72%). Constata-se que a divergência genética verificada entre os genótipos de maracujazeiro é considerável, sobretudo em relação aos componentes físicos (peso do fruto, peso da polpa, comprimento e largura de fruto) e químicos (sólidos solúveis e ácido ascórbico).

Significado e impacto do trabalho: O conhecimento da variabilidade genética presente em genótipos de maracujazeiro apresenta grande utilidade prática na obtenção de novas variedades, o que garante a sustentabilidade da cadeia produtiva. O estudo permitirá também o planejamento de estratégias eficientes, o que significa economia de tempo e de recursos humanos.