

Similaridade genética de acessos de pinha por meio de marcadores morfológicos*

Gisele Holanda de Sá¹; Maria dos Remédios Ferreira ²; Paulo Sarmanho da Costa Lima³;
Lucio Flavo Lopes Vasconcelos; Sergio Emílio dos Santos Valente⁴; Angela Celis de Almeida Lopes⁴

¹Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - PPGM/UFPI e estagiária na Embrapa Meio-Norte, giselehollanda2@gmail.com ²Acadêmica de Farmácia/UNIFSA, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Meio-Norte. ³Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br ⁴Docente da Universidade Federal do Piauí.

Annona squamosa, conhecida popularmente como pinha, é uma fruta bastante apreciada por seu sabor adocicado e pela riqueza de nutrientes como potássio, proteína e ferro em sua composição. Além disso, a planta é rica em metabólitos secundários, os quais têm tanto propriedades medicinais quanto inseticidas. Este estudo teve por objetivo caracterizar e avaliar a diversidade genética entre 19 acessos de pinha, pertencentes ao banco ativo de germoplasma da Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI, por meio de marcadores morfoagronômicos. Para o estudo, foram utilizados 19 acessos de pinha, sendo 9 clones e 10 progênies, coletados nos municípios de Timon, MA, Canto do Buriti, PI e Bom Jesus, PI. Aos acessos, foram aplicados 15 descritores quantitativos, sendo 9 descritores morfológicos e 6 físicoquímicos. A partir dos valores obtidos, construiu-se uma planilha, utilizada para o processamento e obtenção de dados referentes à similaridade dos acessos por meio do *software* estatístico R. A partir da matriz de distância gerada pelo coeficiente de Jaccard, foi construído um dendrograma em que foi possível visualizar mais claramente as relações de similaridade entre esses acessos. O dendrograma apresentou índice de correlação cofenética ($r= 0,72$), indicando confiabilidade na associação da matriz de distância com o expresso pelo dendrograma. Por meio do dendrograma, observou-se a formação de quatro grupos distintos. O grupo três formado por apenas um único acesso (M4F4) e os outros três grupos, compostos por indivíduos de todas as três populações. O grupo 1 mostrou-se constituído, em sua maioria, por acessos propagados por sementes e o grupo 2 por um par de acessos também propagados por sementes (M1F2 e M4F3). Já o grupo 4 deteve a maior quantidade de acessos, composto por mais de 60% de acessos propagados vegetativamente. Os marcadores morfológicos foram eficientes na estimação da similaridade genética entre os acessos de pinha, pertencentes ao BAG da Embrapa Meio-Norte. A partir dessa análise, observou-se que os acessos, em sua maioria, agruparam-se independentemente de sua forma de propagação, tornando os grupos bastante diversificados. Além disso, foi possível identificar a ocorrência de maior diversidade dentro das populações do que entre as populações.

Palavras-chave: *Annona squamosa*, banco de germoplasma, diversidade genética.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, UFPI, CAPES.

*Apoio financeiro: CAPES.