

Diversidade Genética Entre Acessos de Maracujazeiros (*Passiflora* spp.) com Base em Descritores Morfoagronômicos

Cristina de Fátima Machado¹, Viviane de Oliveira Souza², Maria Selma Souza Matos², Fábio Gelape Faleiro³, Luan Oliveira França⁴ e Carlos Alberto Ledo¹

Resumo

A análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas tem sido apontada como uma ferramenta útil na estimativa da divergência genética entre os acessos de uma coleção de germoplasma. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar uma coleção de germoplasma de maracujazeiro, com base em descritores qualitativos e quantitativos, e utilizar o algoritmo de GOWER na quantificação da divergência genética. Estudaram-se, 19 acessos de maracujazeiros pertencentes ao Banco de Germoplasma de Maracujazeiro da Embrapa - CNPMF. Foram avaliados 02 descritores qualitativos relacionados ao fruto e 10 descritores quantitativos. Os dados foram analisados de forma conjunta pelo Algoritmo de GOWER detectando-se variabilidade para as variáveis qualitativas e quantitativas. Os 04 grupos formados permitiram a distinção precisa de acessos de maracujazeiros. O coeficiente de correlação cofenético da análise conjunta foi altamente significativo ($CC = 0,92^{**}$) quando comparado com os coeficientes das análises individuais. Isto pode ser observado nos quatro grupos formados, o que indica alta variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A análise simultânea das características qualitativas e quantitativas utilizando o algoritmo de Gower foi eficiente na avaliação da diversidade genética entre os genótipos de maracujazeiros quando comparado com as análises individuais dessas variáveis.

Introdução

Embora as pesquisas com maracujazeiros estejam amplamente dirigidas às espécies cultivadas e, principalmente, a *P. edulis*, existem várias espécies silvestres de maracujazeiros com potencial agrônomo que não têm recebido atenção da pesquisa. Segundo Oliveira e Ruggiero (1998), estudos detalhados de biologia floral e cruzamentos controlados precisam ser realizados para incorporar genes favoráveis de espécies silvestres nas espécies *P. edulis* f. *flavicarpa* e *P. alata*. Adicionalmente, a exploração de todo potencial das espécies silvestres de maracujazeiro envolve trabalhos de pesquisa básica nas áreas de conservação, e caracterização dos recursos genéticos e pesquisa aplicada voltada para o melhoramento genético.

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 (Pereira et al., 1988). Essa variabilidade apresentada pelos indivíduos constitui os recursos genéticos, cuja caracterização e avaliação são imprescindíveis aos trabalhos de melhoramento.

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Maracujazeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com acessos oriundos de coleta no Brasil, têm por prioridade a caracterização e avaliação preliminar dos acessos, utilizando caracteres morfoagronômicos e resistência a doenças, para fornecer opções de atributos desejáveis para o programa de melhoramento, bem como conservar parte da variabilidade existente *ex situ*.

O presente trabalho teve como objetivo caracterizar uma coleção de germoplasma de maracujazeiro, com base em descritores qualitativos e quantitativos, e utilizar o algoritmo de GOWER na quantificação da divergência genética

¹: Doutores e Pesquisadoras da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, CEP: 44380-000. E-mail: cristina.machado@cpmf.embrapa.br; ledo@cpmf.embrapa.br

²: Estudantes de Engenharia Agrônoma da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - vivi_agr@hotmail.com, selma.sm@hotmail.com

³: Doutor e Pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, CEP 73310-970. E-mail: ffaleiro@cpac.embrapa.br

⁴: Estudante de Ensino Médio do Centro Educacional Cruzalmense. E-mail: Luanomato@hotmail.com

Material e Métodos

Dezenove acessos de maracujazeiros pertencentes ao Banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF foram avaliados. Cada acesso foi avaliado com relação a 02 características qualitativas [coloração do fruto (COLF) e coloração da polpa (COLP)] relacionadas ao fruto e 09 quantitativas [diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF) e espessura da casca (EC); massa total do fruto (MTF); massa da casca + semente (MC+S); acidez titulável (AT), SST/AT (*ratio*), teor de vitamina C (ácido ascórbico) e produtividade (PD)].

Foi realizada análise de agrupamento considerando os descritores quantitativos e qualitativos simultaneamente, segundo o algoritmo de Gower (Gower, 1971). Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distâncias genéticas foram obtidos pelos métodos de Ward e UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (Sneath e Sokal, 1973). Para a definição do número de grupos utilizou-se o critério do ponto de fusão segundo Mingoti (2005). A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do cálculo do coeficiente de correlação cofenético (Sokal e Rohlf, 1962) e sua significância testada pelo teste de *t* de *student* a 5% de probabilidade, utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2008). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa SAS – *Statistical Analysis System* (SAS Institute, 2006) e o dendrograma de dissimilaridade pelo programa Statistica 7.1 (Statsoft, 2005).

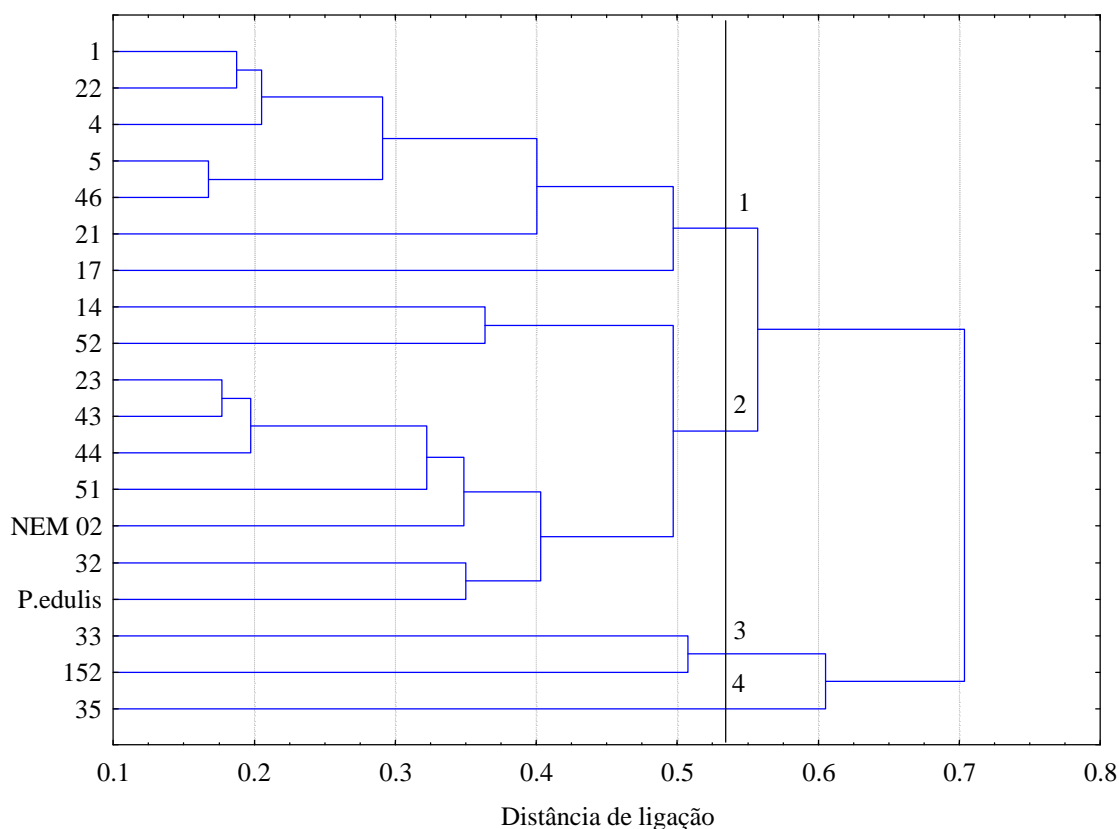
Resultados e discussão

O dendrograma de dissimilaridade obtido pelo algoritmo de (GOWER 1971), na avaliação das 02 características qualitativas e 09 quantitativas é apresentado na Figura 1. O dendrograma baseado nas informações obtidas pelas análises simultâneas (características qualitativas e quantitativas) separou os acessos em 04 grupos (G) maiores (ponto de corte definido de acordo com os critérios propostos por MINGOTTI 2005, Figura 1).

De acordo com os valores de matriz de dissimilaridade, os acessos mais próximos foram 1. *P. cincinnata* 1e 22. *P. cincinnata* 4 com distância de 0,19. O acesso mais distante foi 0 35. *P. gibertii* 2 (distância média de 0,63), seguido dos acessos 152 e 33 (distância 0,51). Em relação à variável SST o acesso 33 *P. morifolia*, apresentou o menor valor (1,61 %), enquanto que o acesso 35 *P. gibertii* 2 o maior (24,6 %). Em relação à vitamina C a amplitude variou de 179,562 (152. *P. suberosa*), 99,26 (33. *P. morifolia*), 86,257 mg/100g (17. *P. gibertii* 1) a 4,75 (35. *P. gibertii* 2). No que se refere à produtividade o acesso 5. *P. cincinnata* 3 apresentou a maior produção por planta (27 frutos = 2774,25 gramas), já o acesso 17. *P. gibertii* 1 a menor produção (1 fruto = 1,46 gramas).

O valor do coeficiente de correlação cofenética foi de 0,92**, considerado altamente significativo, uma vez que de acordo com Vaz Pato et al. (2004), $r > 0,56$, já reflete uma boa concordância entre a matriz de dissimilaridade e a de agrupamento. De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, os acessos mais próximos foram o 5. *P. cincinnata* 3 e 46. *P. cincinnata* 5; 22. *P. cincinnata* 4 e 1. *P. cincinnata* 1, com distância de 0,17 e 0,19, respectivamente. Os acessos mais distantes foram o 23. *P. edulis* 1 e 152. *P. suberosa*; 32. *P. nitida* e 152. *P. suberosa*, com distâncias de 0,83 e 0,82, respectivamente.

As distâncias, tanto a menor quanto a maior refletem bem as características dos materiais. Em relação aos grupos formados, o primeiro reuniu uma fração razoável de acessos, enquanto que o grupo 2 a maioria. Já os grupos 3 e 4 contemplaram a minoria dos acessos estudados quanto às características quantitativas e qualitativas avaliadas. A análise conjunta de natureza quantitativa e qualitativa permitiu uma melhor compreensão das características consideradas no estudo.



Conclusões

A caracterização de germoplasma de maracujazeiro foi realizada de forma eficiente com uso de descritores morfoagronômicos utilizados;

A divergência genética que compõe o banco de germoplasma de maracujazeiro é considerável, sobretudo no que diz respeito a vitamina C e produtividade, podendo ser úteis em programas de melhoramento que visem à obtenção de genótipos com alto teor de vitamina C e produtivos;

O método de GOWER, foi eficiente na discriminação dos grupos, considerando a análise conjunta dos 11 descritores estudados, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativo e quantitativo é viável e pode permitir uma maior eficiência no conhecimento de divergência genética entre os acessos do Banco Ativo de maracujazeiro.

Agradecimentos

À Embrapa pelo financiamento do projeto e da bolsa de iniciação científica.

Referências Bibliográficas

Cruz, C. D. . Programa Genes - Diversidade Genética. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2008. v. 1. 278 p.

Gower, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. Biometrics, Arlington, v. 27, n. 4, p. 857-874. 1971.

Mingoti, S. A. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Editora UFMG, Belo Horizonte, 295 p. 2005.

Oliveira, J.C.; Ruggiero, C. Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. **In:** SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DO MARACUJAZEIRO, 5., 19989, Jaboticabal.

Maracujá: do plantio à colheita: anais.... Jaboticabal: FUNEP, 1998. P. 291-310. Editor: Carlos Ruggiero.

Pereira, M.G.; Carleto, G.A.; Castro, G.C.T. de. A variabilidade das características de frutos e sementes em *Theobroma cacao* L. Clones Sic e Sial. In: ARAÚJO, D. G. de; CARVALHO, S. P.; ALVES, R. M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* WILLD EX SPRENG SCHUM). **Ciência e agrotecnologia.**, Lavras, v.26, n.1, p.13-21, jan./fev., 2002

SAS Institute. SAS Technical Report. SAS/STAT software: Changes and Enhancement, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2006

Sneath, P. H.; Sokal, R. R. Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v.11 p.33-40. 1962.
Statsoft, Inc. Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1. Statsoft,