

CARACTERIZAÇÃO MORFO-BOTÂNICA DE CLONES DE GUARANAZEIRO

Nelcimar Reis Sousa¹, Firmino José do Nascimento Filho², André Luiz Atroch³ e Samira Rainy de Lima Barbosa⁴

Resumo

A Embrapa Amazônia Ocidental tem mantido a variabilidade genética do guaranazeiro em um Banco de germoplasma clonal, visando suprir a demanda atual do programa de melhoramento e das gerações futuras. O objetivo do trabalho foi caracterizar 64 clones do programa de melhoramento de guaranazeiro com base em caracteres morfo-botânicos. A caracterização foi realizada com base em nove descritores de frutos e sementes. Os clones CMU 706 e CMU932 foram os mais divergentes e os menos divergentes foram CMA223 e CMU862, com base na distância Euclideana média padronizada. Os clones avaliados foram separados em cinco grupos gerados pelo método de agrupamento de Tocher, sendo que o primeiro grupo concentrou 54 indivíduos e o último grupo foi distinto por ser unitário. A composição dos grupos confirma a inexistência de associações entre variabilidade fenotípica e origem geográfica dos clones.

Introdução

O guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke) é uma espécie amazônica de elevado valor industrial devido ao conteúdo de cafeína em suas sementes. No histórico de domesticação e origem geográfica não há registros de associações entre locais de coleta e diversidade genética no germoplasma de guaranazeiro conservado, assim como, também não há registros da existência de populações naturais de guaranazeiro, o que exige um esforço maior da pesquisa para a conservação da variabilidade genética da espécie. Em estudos de cariótipo, associados ao projeto genoma funcional, o guaranazeiro foi revelado como uma espécie poliplóide, com 210 cromossomos (FREITAS et al., 2007). Essa informação recente implicará em mudanças significativas nas estratégias de análise da diversidade genética e sua utilização para a seleção de genótipos superiores.

A Embrapa Amazônia Ocidental tem mantido a variabilidade genética do guaranazeiro em um Banco de germoplasma clonal, visando suprir a demanda atual do programa de melhoramento e das gerações futuras. A diversidade do germoplasma de guaranazeiro tem sido acessada pelos resultados da avaliação fenotípica de caracteres essencialmente agrônômicos (NASCIMENTO FILHO et al. 2001a; NASCIMENTO FILHO ;ATROCH, 2002).

Na caracterização do germoplasma têm sido priorizados descritores da fase vegetativa (comprimento do ramo principal; número de folhas avaliadas ao plantio, número de ramos, área foliar, comprimento do pecíolo, largura e comprimento do folíolo-3 e índice alométrico). Na fase produtiva, a caracterização é realizada pela produção estimada pelo peso total do cacho por planta e incidência da doença antracnose causada pelo fungo *Colletotrichum guaranicola* (NASCIMENTO FILHO et al. 2001b). A análise de caracteres morfo-botânicos poderá orientar a identificação de grupos de clones divergentes, assim como poderá orientar a definição de descritores morfo-botânicos para a proteção dos clones do programa de conservação e melhoramento de guaranazeiro. O objetivo do trabalho foi caracterizar 64 clones do programa de melhoramento de guaranazeiro com base em caracteres morfo-botânicos.

¹ Pesquisadora A Embrapa Amazônia Ocidental, Caixa Postal 319, CEP 69.010-970, Manaus, AM. . nelcimar.sousa@cpaa.embrapa.br

² Pesquisadora A Embrapa Amazônia Ocidental, Caixa Postal 319, CEP 69.010-970, Manaus, AM. . firmino.filho@cpaa.embrapa.br

³ Pesquisadora A Embrapa Amazônia Ocidental, Caixa Postal 319, CEP 69.010-970, Manaus, AM. andre.atroch@cpaa.embrapa.br

⁴Bolsista PAIC/FAPEAM-Embrapa Amazônia Ocidental

Material e métodos

A coleta de dados foi realizada nos experimentos de avaliação de clones de guaranazeiro no Campo Experimental da Embrapa Amazônia Ocidental. No total foram avaliados 64 clones, que são identificados por letras correspondentes ao município de origem: Iraduba (CIR), Manaus (CMA) e Maués (CMU). A caracterização dos clones foi com base em nove caracteres de frutos e sementes: peso do cacho (PC); peso total de frutos (PTF), número total de frutos (NTF), número total de sementes (NTS), peso total de sementes (PTS), número semente redondas (NST), peso de semente arredondadas (PSR), número semente semi-esféricas (NSSE), peso de sementes semi-esféricas (PSSE). Os clones foram agrupados utilizando o método de otimização de Tocher, com base nas estimativas de distância Euclidiana média, utilizando os procedimentos de análise multivariada do programa GENES (CRUZ, 2006).

Resultados e discussão

O resumo das estimativas de dissimilaridade destacaram os clones mais (CMU 706 e CMU932) e menos divergentes (CMA223 e CMU862) (Tabela 1). O resultado suporta indicativos de que a variação dos caracteres avaliados pode não estar relacionada com a origem dos clones.

Os 64 clones avaliados foram distribuídos em cinco grupos gerados pelo método de agrupamento de Tocher. O grupo I reuniu 54 clones, enquanto dez clones foram distribuídos em três grupos distintos II [CMA514 ; CMU(388, 617, 697, 882)] III [CMA(274, 347); CMU(385,394,620)] e IV(CMU706) (Tabela 1).

A composição dos grupos confirma a inexistência de associações entre variabilidade fenotípica e origem geográfica dos clones. Por outro lado, a variabilidade genética dos caracteres de fruto e sementes não foi suficiente para distinguir os clones do grupo I. O isolamento do clone CMU706 no grupo IV acentua sua divergência em relação aos demais clones.

Conclusão

Os métodos utilizados foram capazes de discriminar parcialmente a variabilidade dos clones de guaranazeiro, com base em caracteres de frutos e sementes.

Referências

CRUZ, C. D. . *Programa Genes - Análise multivariada e simulação*. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v. 1. 175 p.

FREITAS, D.V.; CARVALHO, C.R.; NASCIMENTO-FILHO, F.J.; ASTOLFI-FILHO, S. Karyotype with 210 chromosomes in guaraná (*Paullinia cupana* 'Sorbilis'. *Journal of Plant Research*, v. 120, p. 399-404, 2007.

NASCIMENTO FILHO, F. J. do, ATROCH, A. L.; SOUSA, N. R. de, GARCIA, T. B.; CRAVO, M. da S.; COUTINHO, E. F. Divergência genética entre clones de guaranazeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 36, n. 3, p. 501-506, 2001a.

NASCIMENTO FILHO, F. J. do; GARCIA, T. B.; SOUSA, N.R.; ATROCH, A. L.. Recursos genéticos de guaraná. In: Sousa, N. R.; Souza, A. das G. C de (Eds) *Recursos Fitogenéticos na Amazônia Ocidental – Conservação, pesquisa e utilização*. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2001b, p.127-141

NASCIMENTO FILHO, F. J. do, ATROCH, A. L. Guaranazeiro. In: BRUCKNER, C. H. (Ed.). *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa: UFV, 2002. p.291-397.

Tabela 1. Estimativas das distâncias genéticas (mínima, máxima e media), com base na distância euclidiana média padronizada, entre 64 clones de guaranazeiro, para nove caracteres de frutos e sementes

Distância genética	Estimativa	Clone
Mínima	0,160047	CMA223 e CMU862
Máxima	3,948894	CMU 706 e CMU932
Media	1.265877	

Tabela 2. Grupos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade estimada pela distância euclidiana média padronizada.

Grupos	Nº de indivíduos	Clones
I	54	CIR (202, 217, 819, 903) CMA (189, 222, 223, 224, 225, 227, 228 247, 276, 366, 433, 436, 838, 850) CMU (300, 375, 381, 388, 389, 390, 500, 502, 601, 605, 607, 608, 609, 610, 611, 612, 613, 614, 616, 619, 623 624,626, 631, 648, 697, 861, 862, 868, 871, 886, 899, 932, 948)
II	4	CMA 514 CMU (388, 617, , 882)
III	5	CMA (274, 347) CMU (385,394,620)
IV	1	CMU 706