



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

Autorizada pelo Decreto Federal nº 77.496 de 27/04/76
Recredenciamento pelo Decreto nº 17.228 de 25/11/2016



PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
COORDENAÇÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

XXIV SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UEFS
SEMANA NACIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA - 2021

ANÁLISE DE AGRUPAMENTO ENTRE PROGÊNIES DE TOMATILHO
PARA DESCRITORES MORFOLÓGICOS

**Jefferson Souza Lima¹; Adriana Rodrigues Passos²; Jonathan Said Tejada Orellana³ e
Luiz Cláudio Costa Silva⁴**

1. Bolsista FAPESB, Graduando em Agronomia, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: jeffersonsouzalima2016@gmail.com
2. Orientador, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: adrianarpassos@yahoo.com.br
3. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: jonathanjt7@yahoo.com
4. Professor Coorientador, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: lccsilva@uefs.br

PALAVRAS-CHAVE: melhoramento genético; *Physalis ixocarpa*; variabilidade genética, UPGMA.

INTRODUÇÃO

A *Physalis* é uma planta da família das solanáceas e do gênero *Physalis* L., compreendendo mais de 100 espécies conhecidas. Os centros de origem e diversificação da *Physalis*, se encontram na região dos Andes, principalmente na Colômbia, Peru e Equador, possuindo variedades cultivadas na América, Europa e Ásia (RUFATO et al., 2012). Entre elas podem ser citadas a *P. angulata* L., *P. peruviana*, *P. ixocarpa*, *P. Philadelphia*, *P. pubescens* e *P. primorosa* (THOMÉ, OSAKI, 2010).

Programas de melhoramento genético, tem por finalidade desenvolvimento de genótipos superiores em uma atividade contínua de qualquer espécie cultivada. Trabalhos com espécies alógamas como a *Physalis ixocarpa*, realizam cruzamentos entre genótipos na expectativa de gerar progênies com diferentes constituições genéticas, possibilitando alcançar combinações híbridas de maior efeito heterótico, resultando em maior potencial produtivo e qualidade do produto (FEHR, 1987).

De acordo com DIAS et al. (2011) para que ocorra melhoria de determinadas características de interesse, é fundamental prover de uma coleção com ampla variabilidade genética que permitirá o conhecimento das variações genéticas e ambientais dos acessos em estudo, o entendimento dos mecanismos de herança dos caracteres, bem como da estimativa dos parâmetros genéticos.

Essa variabilidade tem sido importante para avanços no melhoramento da espécie, e tem sido quantificada através de técnicas biométricas, que permitem estimar a diversidade existente em populações de plantas. Entre as técnicas, as análises de agrupamento reúnem genótipos de diferentes grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade, considerando uma homogeneidade dentro do grupo e uma heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, 1997). O número de caracteres em avaliação é de suma importância para a seleção de genitores em programas de melhoramento, pois permite quantificar a contribuição de cada caractere para a diversidade. Segundo Moreira et al. (2005), essa estratégia pode facilitar os futuros trabalhos do melhorista, permitindo identificar caracteres de maior importância e promovendo o descarte de variáveis de menor relevância para a divergência entre genótipos.

Uma das estratégias para explorar essa variabilidade e avançar no programa de melhoramento é a utilização de análise de agrupamento, que envolve a estimação e uma medida de dissimilaridade entre os genitores e a adoção de técnicas de agrupamento para a formação dos grupos. Nesse sentido, esse trabalho teve o objetivo de realizar análises de agrupamento, utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média e a técnica de agrupamento, pelo método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), entre progênies de *P. ixocarpa* com base em caracteres morfológicos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Unidade Experimental Horto Florestal da UEFS, município de Feira de Santana - BA, com as seguintes coordenadas geográficas: 12° 16' 00" de latitude sul, 38° 58' 00" de longitude oeste e com altitude de 257 m, e clima do tipo quente e úmido, segundo KOPPEN (1948).

A semeadura foi realizada em casa de vegetação. O transplante para área experimental foi realizado 15 dias após semeadura, com plantas apresentando de três a cinco folhas. A adubação com N-P-K foi realizada com base na recomendada para a cultura do tomate. Foi realizada a avaliação de 11 genótipos de *P. ixocarpa*, progênies de irmãos germanos, utilizando o delineamento experimental em blocos casualizados, com três repetições e 10 plantas por repetição. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura à primeira bifurcação (APB), caráter quantitativo; hábito de crescimento (HC), 1 - prostrado, 2 - semi-ereto, 3 - ereto; cor de caule (CC), 1 - verde, 2 - roxo; cor de fruto maduro (CFM), 1 - verde, 2 - roxo; rachadura de fruto (RF), 0 - sem rachadura, 1 - com rachadura; e denteção foliar (DF), 1 - sem denteção, 2 - denteção intermediária, 3 - denteção forte. Foi estimada a diversidade genética pela distância euclidiana média, e realizado a análise de agrupamento pela ligação média entre grupos (UPGMA). Os dados

obtidos foram analisados utilizando o software Genes (CRUZ, 2016). O ponto de corte do dendrograma foi realizado pelo programa SAS (SAS Institute, 2010).

RESULTADO E DISCUSSÃO

A tabela 1 exibe os grupos unidos por ordem decrescente de semelhança, onde os Acesso x e Acesso y indica essa posição, podendo ser notado que os acessos 9 e 10 foram os que apresentaram maior semelhança, em função da menor distância, enquanto o 1 e 9 expressaram maior dissimilaridade em relação aos outros. Os cortes realizados demonstraram diferença significativas em todos os três nos acessos 1-9, 1-6, no entanto os acessos 2-3, 4-5 e 6-7 não diferiram entre si. Os demais apresentaram diferença significativa em pelo menos um dos três cortes, abrindo a possibilidade de cruzamento entre esses acessos para obtenção de variabilidade entre caracteres nessas combinações.

Tabela 1. Ligação média entre os grupos (UPGMA) em ordem decrescente de semelhança

Estágio	Aceso x	Aceso y	Distância	Distância(%)	Corte1	Corte2	Corte3
1	9	10	14.7485	.7066			
2	2	3	16.7609	.8031	17.5334 ns	18.6007 ns	17.5334 ns
3	4	5	23.3236	1.1175	23.883 ns	27.2462 ns	23.883 ns
4	1	2	35.3044	1.6915	34.1185 *	41.069 ns	34.1185 *
5	6	7	36.6317	1.7551	38.1112 ns	45.7656 ns	38.1112 ns
6	9	11	51.5959	2.4721	47.3211 *	57.8773 ns	47.3211 *
7	6	8	52.2995	2.5058	52.2309 *	63.7982 ns	52.2309 *
8	1	4	64.13	3.0727	59.3978 *	72.9268 ns	59.3978 *
9	1	6	102.2171	4.8975	78.561 *	99.2302 *	78.561 *
10	1	9	2087.1061	100.0	1056.6288 *	1541.559 *	1056.6288 *

Ponto de Corte = Média + kDP k1 = 1,25 k2 = 2,00 k3 = 1.25

Na figura 1 é apresentado o dendrograma de similaridade. Foi possível identificar a formação de dois agrupamentos com formação de ramificações dentro do grupo. Os genótipos PI01 ao PI05 foram agrupados em conjunto e apresentam similaridade entre si, enquanto os genótipos PI06, PI07 e PI08, mesmo compondo esse mesmo grupo, apresenta-se numa outra ramificação, demonstrando haver pequenas diferenças dentro do mesmo grupo. No entanto, esses diferem mais intensamente dos genótipos PI09, PI10 e PI11 que compuseram o outro grupo, demonstrando maior dissimilaridade e sugerindo que combinações entre esses dois grupos possibilitaram a formação de progênies mais promissoras.

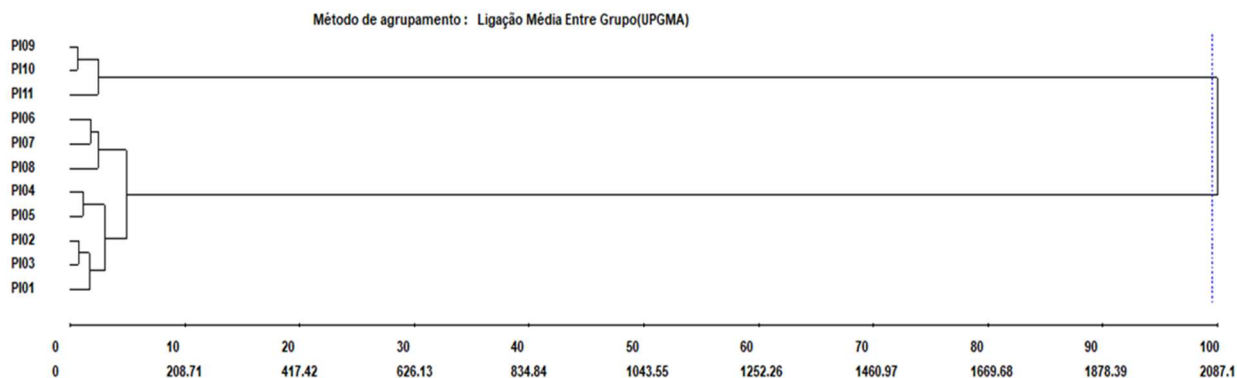


Figura 1. Dendrograma de similaridade genética entre 11 genótipos de *Physalis ixocarpa*, obtido a partir de caracteres avaliados da planta, utilizando o método de agrupamento UPGMA.

O dendrograma formado com base nas similaridades genéticas resultou na formação de quatro grupos (Tabela 2), com destaque para o grupo B por agrupar cinco genótipos. Os grupos, A, C e D englobou dois genótipos cada. Os indivíduos dentro do mesmo grupo possuem similaridade entre si, dentro do mesmo, e expressam dissimilaridade entre os genótipos dos demais grupos, sugerindo que combinações entre genótipos de grupos diferentes podem resultar em progênies mais promissoras em função de serem mais distantes.

Silva (2007) em estudo de divergência genética com 100 progênies de *P. angulata*, utilizando o método de agrupamento de Tocher, analisando nove características quantitativas, observaram a formação de 22 grupos, considerando assim variabilidade genética na população em estudo.

Tabela 2. Identificação dos genótipos de *Physalis ixocarpa*, reunidos em 4 grupos através da média geral dos caracteres avaliados.

GRUPOS	GENÓTIPOS
A	PI01, PI02
B	PI03, PI10, PI09, PI11, PI04
C	PI08, PI05
D	PI07, PI06

O estudo da dissimilaridade se torna importante, pois facilita na identificação de progênies de maior e menor semelhança, indicando os cruzamentos entre progênies mais promissoras, auxiliando ao melhorista uma seleção mais rápida e segura (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os genótipos estudados apresentaram variabilidade genética, indicando potencial para futuros trabalhos de melhoramento genético da espécie.

A formação de grupos distintos apresenta um bom potencial para realização de cruzamentos e progênes mais promissoras.

Os acessos 1 e 9 apresentaram maior dissimilaridade, podendo serem explorados de forma eficiente na obtenção de uma nova população.

REFERÊNCIAS

- CRUZ, C. D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997, 390p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária. 2003, 585p.
- DIAS, et el Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1471-1479, 2012.
- FEHR, W. R. Principles of cultivar development. New York; London: Macmillan: Collier Macmillan, v. 2, p. 102-103,1987.
- GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- MOREIRA, G.R. et al. Divergência genética entre acessos de tomateiro infestados por diferentes populações da traça-do-tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.4, p.893-898, 2005.
- RUFATO, L., MUNIZ, J., KRETZSCHMAR, A. A., RUFATO, A. R., GATIBONI, L. C. Aspectos técnicos da cultura da fisalis. **Informe Agropecuário**, v. 33, p. 69-83, 2012.
- SAS INSTITUTE. Statistical analysis system: user's guide: Cary: SAS, 2010
- SILVA, A. H. B. **Seleção e variabilidade Genética para caracteres qualitativos e quantitativos em progênie de Physalis angulata L. (Solanaceae)**, 2007. Dissertação (Mestrado em Botânica), UEFS, Feira de Santana. 78 p.
- THOMÉ, M., OSAKI, F. Adubação de nitrogênio, fósforo e potássio no rendimento de Physalis spp. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**, v. 8, n. 1, p. 11-18, 2010.