

DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS PARA CARACTERES DE FRUTOS EM ACESSOS DE *Spondias* sp.

(Carlos Alberto da Silva Ledo¹, Cristina de Fátima Machado¹, Rogério Ritzinger¹)

INTRODUÇÃO

O gênero *Spondias* pertence à família Anacardiaceae e possui 18 espécies, seis dessas ocorrem no Nordeste e são árvores frutíferas tropicais em domesticação e exploradas pelo seu valor comercial (MITCHELL & DALY, 1995). Dentre as espécies pertencentes ao gênero *Spondias* destacam-se o umbu-cajá (*Spondias* sp.), a cajarana (*Spondias dulcis* Forst.), o umbu (*Spondias tuberosa* Arr. Cam.), a seriguela (*Spondias purpurea* L.), o cajá (*Spondias mombin* L.), e os híbridos naturais entre cajá e umbu e entre umbu e ciriguela.

Nos bancos de germoplasma, a correta caracterização e avaliação dos acessos presentes é de fundamental importância, podendo ser realizada com a utilização dos descritores de cada espécie. Estes descritores possibilitam diferenciar genótipos de acordo com uma série de características, algumas com maior e outras com menor grau de variabilidade. Uma etapa de extrema importância que precede a seleção de genótipos superiores é o estudo das associações entre as variáveis, pois em função da complexidade ou da dificuldade operacional de fenotipagem de alguns caracteres pode se lançar mão da seleção indireta (CRUZ et al., 2012). Além disso, o conhecimento das correlações permite traçar estratégias de seleção alternativas para maximizar os ganhos.

A técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos foi proposta por Gower (1971). Este método permite a análise simultânea de variáveis contínuas e categóricas, utilizando uma escala de 0 a 1, independentemente do número de variáveis, como uma base de dados para a padronização, o que facilita a construção de um dendrograma. Objetivou-se no presente trabalho caracterizar acessos de *Spondias* procedentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF, com base em descritores qualitativos e quantitativos, estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, e avaliar a existência de relação entre as variáveis de fruto.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 17 acessos de *Spondias* procedentes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Esses acessos foram avaliados em três épocas de

¹Pesquisadores, EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, carlos.ledo@embrapa.br; cristina.fatima-machado@embrapa.br; rogerio.ritzinger@embrapa.br

31 colheita, maio de 2011, 2012 e 2013, sendo coletadas três repetições de 10 frutos para cada acesso. O
32 estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-Colheita da Embrapa – CNPMF, sendo
33 mensuradas as seguintes características quantitativas: massa média do fruto (g), comprimento médio do
34 fruto (mm), largura média do fruto (mm), relação comprimento do fruto/largura do fruto (mm), peso
35 médio da casca (gramas), peso médio do caroço (gramas), peso médio da polpa (gramas), rendimento da
36 polpa (gramas), calculado pela diferença entre os pesos da casca e caroço; teor de sólidos solúveis (SS -
37 °Brix); acidez titulável (AT - % ácido cítrico); relação SS/AT, pH e vitamina C (mg de ácido
38 ascórbico/100 g polpa). Para as características qualitativas foram utilizadas escalas de notas, sendo para
39 a forma do fruto: (1) – piriforme, (2) - ovalado e (3) – redondo; para a cor do fruto: (1) - amarelo, (2) -
40 vermelho alaranjado e (3) – verde amarelado; e para a cor da polpa (1) - amarelo, (2) - amarelo claro e
41 (3) - verde). Os dados foram analisados de forma conjunta pelo algoritmo de GOWER.

42 Inicialmente, realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas,
43 utilizando a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers (COLE-RODGERS et al., 1997),
44 respectivamente. Uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para a
45 determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971). Os agrupamentos
46 hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram
47 obtidos pelo método de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação
48 dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC). A significância dos
49 CCC foi calculada pelo teste t de Mantel, com 1.000 permutações. Para a obtenção das matrizes de
50 distância genética das análises individuais e cálculo dos CCC (coeficiente de correlação cofenética) foi
51 utilizado o programa Genes (CRUZ, 2008). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de
52 Gower foi obtida pelo programa R (R Development Core Team, 2014). O dendrograma foi obtido pelo
53 programa Statistica 7.1 (STATSOFT, 2005). O critério utilizado para a definição do número de grupos
54 ideal foi o pseudo-t2, calculado com auxílio do pacote “NbClust” do programa R.

55 Utilizou-se a correlação de Pearson para verificar a existência de relações entre os caracteres
56 quantitativos. Utilizou-se, também, o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa
57 destes caracteres para a divergência genética. Todas as análises foram realizadas utilizando o aplicativo
58 genético computacional Genes (CRUZ, 2008).

59

60

RESULTADOS E DISCUSSÃO

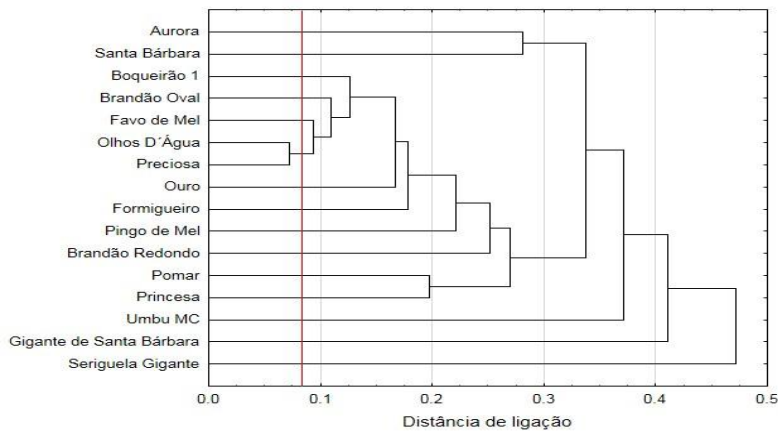
61 De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, a maior distância entre os genótipos foi
62 de 0,68, entre o acesso Seriguela e o acesso Santa Bárbara (Umbu-cajazeira). Do ponto de vista

[Digite texto]

63 agrônomo, ambas as espécies são interessantes, o acesso Seriguela apresenta alto teor médio de
64 vitamina C = 55,52 mg de ácido ascórbico/100 g, sólidos solúveis = 14,7 °Brix e massa média de fruto =
65 18,8g; já o acesso Santa Bárbara apresenta teor médio de vitamina C = 12,91, SS = 9,0 °Brix e massa
66 média de fruto = 18 g.

67 O agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 1) apresentou valor para a correlação cofenética
68 ($r = 0,86^{**}$) significativo. A análise simultânea pelo algoritmo de Gower foi utilizada para representar
69 graficamente a variabilidade dos acessos de *Spondias* pela sua maior eficiência em quantificar as
70 diferenças entre eles (Figura 1). Pelo critério do pseudo-t₂, pode se observar que o ponto de máximo foi
71 atingido no passo da formação de 13 grupos, indicando que este ponto está relacionado com a menor
72 probabilidade de significância do teste e, conseqüentemente, indica a interrupção do processo de
73 agrupamento. Sendo assim, 13 grupos foram determinados como ideais para a análise do agrupamento
74 UPGMA (Figura 1).

75



76

77

78 **Figura 1.** Dendrograma de dissimilaridade genética entre 17 acessos de *Spondias* (médias das épocas 2011/2012/2013),
79 obtido pelo método UPGMA, com base no algoritmo de Gower, a partir de 3 caracteres qualitativos e 13 quantitativos. Cruz
80 das Almas, Bahia, 2016.

81

82 Como a maioria das correlações foi positiva com a massa média de frutos, a seleção simultânea
83 pode promover ganhos no peso médio de forma eficiente. Verificaram-se correlações positivas e
84 significativas entre as características do fruto de *Spondias*, com destaque para a massa média do fruto
85 que apresentou maior correlação com o peso médio da polpa (0,97). Já a massa média do fruto
86 apresentou também correlação positiva de grande magnitude com a largura média do fruto (0,95). Essa
87 correlação é importante, pois indica que a seleção de plantas com frutos mais pesados poderá ser feita a

88 partir da medição do diâmetro médio do fruto. Outras correlações significativas foram observadas entre
89 os caracteres rendimento e pH (0,94) e entre largura média do fruto e peso da polpa (0,92).

90 Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para a divergência genética pelo método Singh
91 (1981) nas médias 2011/2012/2013 foram: vitamina C (68,10 %) e massa média do fruto (16 %), peso
92 médio da polpa (5,82%) e rendimento médio da polpa (5,59 %).

93
94

CONCLUSÕES

95 A divergência genética verificada nos acessos que compõem o Banco de Germoplasma de
96 *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura é considerável, sobretudo em relação aos componentes
97 físicos (peso do fruto, peso da polpa, comprimento e largura de fruto) e químicos (sólidos solúveis e
98 ácido ascórbico).

99 A análise conjunta de dados qualitativos e quantitativos é viável e pode permitir maior eficiência
100 no conhecimento da divergência entre acessos de bancos de germoplasma.

101 A seleção dos frutos com maior largura média de frutos possibilita a obtenção de acessos de
102 *Spondias* mais pesados.

103

REFERÊNCIAS

104

- 105 1. COLE-RODGERS, P., SMITH, D.W. AND BOSLAND, P.W. A novel statistical approach to analyze genetic resource
106 evaluations using *Capsicum* as an example. **Crop Science**. v.37, p.1000-1002, 1977.
- 107 2. CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**.
108 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- 109 3. Cruz, C.D. **Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV,
110 2008
- 111 4. GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington 27:857-874, 1971
- 112 5. MITCHELL, J.D. & DALY, D.C. **Revisão das espécies neotropicais de *Spondias* (Anacardiaceae)**. In:
113 CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA, 46, São Paulo, 1995. Anais. São Paulo: USP. p.207. 1995.
- 114 6. R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation
115 for Statistical Computing, 2006.
- 116 7. SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e**
117 **Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.
- 118 8. STATSOFT, INC. **Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1**. Statsoft, Tulsa, Oklahoma
119 (USA), 2005.
- 120
- 121
- 122
- 123
- 124