

## DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS PARA CARACTERES DE FRUTOS EM ACESSOS DE *CITRUS*

CRISTINA DE FÁTIMA MACHADO<sup>1</sup>; JOÃO MARCOS RABELO<sup>2</sup>; ORLANDO SAMPAIO PASSOS<sup>1</sup>; CARLOS ALBERTO DA SILVA LEDO<sup>1</sup>

### INTRODUÇÃO

Os Citros compreendem o gênero *Citrus* L. e afins a este, com destaque para *Poncirus* Raf., *Fortunella* Swingle, *Microcitrus* Swingle, *Eremocitrus* Swingle e *Clymenia* Swingle. Esse complexo grupo de plantas apresenta ampla variabilidade de forma, as quais foram se acumulando ao longo de milênios (PASSOS et al., 2007). 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. 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 os acessos de *Citrus*, com base em descritores quantitativos, estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, e avaliar as correlações fenotípicas para caracteres de fruto em genótipos de *Citrus*.

### MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Banco Ativo de Germoplasma de Citros e no Laboratório de Pós-colheita da Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF, no município de Cruz das Almas (BA), no período de agosto de 2015 a junho de 2016. Foram utilizados 43 acessos de *Citrus*, sendo 26 de Pomelo (*Citrus paradisi*), 15 de Limões Verdadeiros (*Citrus limon*) e 2 de Limões Rugosos (*Citrus jambhiri*), procedentes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Citros da Embrapa Mandioca e Fruticultura (CNPMF). O estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-Colheita da Embrapa –

<sup>1</sup>Pesquisadores, EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, [Cristina.fatima-machado@embrapa.br](mailto:Cristina.fatima-machado@embrapa.br); [orlando.passos@embrapa.br](mailto:orlando.passos@embrapa.br); [carlos.ledo@cnpmf.embrapa.br](mailto:carlos.ledo@cnpmf.embrapa.br)

<sup>2</sup>Estudante de Graduação da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, [joaomarcosrabelo@outlook.com](mailto:joaomarcosrabelo@outlook.com)

31 CNPMF, sendo mensuradas as seguintes características: peso médio do fruto (PMF – gramas),  
32 comprimento médio do fruto (CMF – mm), largura média do fruto (LMF – mm), espessura da casca (EC  
33 – mm); rendimento da polpa (REND – %); acidez titulável (AT = % de ácido cítrico); teor de sólidos  
34 solúveis (SS - °Brix); relação SS/AT, pH, número de sementes por fruto (NSF) e índice tecnológico,  
35 calculado pela expressão, IT = rendimento em suco (%) x sólidos solúveis totais (°Brix) x peso da caixa  
36 padrão industrial de citros (40,8 kg)/ 10.000, expresso em quilograma de sólidos solúveis totais por  
37 caixa. Os caracteres qualitativos foram avaliados mediante escala de notas: forma do fruto (FF): (1)  
38 esferoide, (2) elipsoide e (5) oblóide; cor do fruto: (2) verde, (3) amarela e (5) rosa); cor da polpa (CP):  
39 (1) branca, (3) amarela e (5) rosa; presença de umbigo: (1) Sim e (2) não. As amostras foram coletadas  
40 individualmente, constituídas de 30 repetições. Os dados foram analisados de forma conjunta pelo  
41 algoritmo de GOWER.

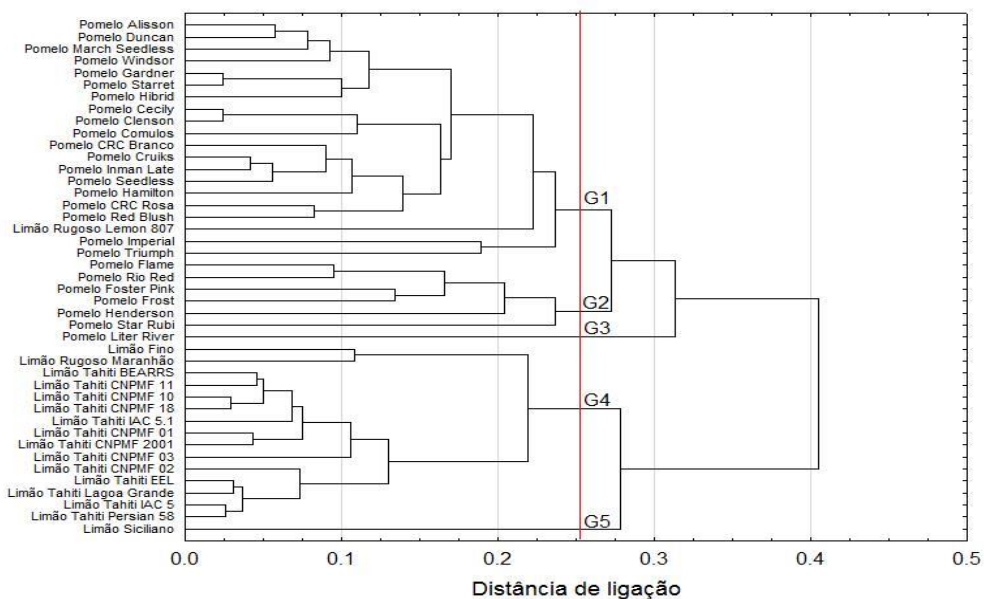
42 Inicialmente, realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas,  
43 utilizando a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers (COLE-RODGERS et al., 1997),  
44 respectivamente. Uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para 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 foi utilizado o programa Genes (CRUZ,  
51 2008). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa R (R  
52 Development Core Team, 2014). O dendrograma foi obtido pelo programa Statistica 7.1 (STATSOFT,  
53 2005). O critério utilizado para a definição do número de grupos ideal foi o pseudo-t<sup>2</sup>, calculado com  
54 auxílio do pacote “NbClust” do programa R. Utilizou-se a correlação de Pearson para verificar a  
55 existência de relações entre as características físico-químicas. Utilizou-se também o critério de Singh  
56 (1981) para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética dos acessos de  
57 *Citrus*. Para esta finalidade, utilizou-se o aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2008).

## 58 **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

59 De acordo com os valores de matriz de dissimilaridade, a maior distância entre os genótipos foi  
60 de 0,6295 entre o acesso Pomelo Imperial e o acesso Limão Tahiti IAC 5.1. Do ponto de vista  
61 agrônomo, ambos materiais genéticos são interessantes, o acesso Pomelo Imperial é um dos maiores  
62 em questão de massa, além de apresentar um rendimento satisfatório e uma notável porcentagem de

63 sólidos solúveis, a quarta maior entre os acessos analisados, porém, a sua relação SS/AT tem  
64 superioridade elevada em relação aos demais acessos; já o acesso Limão Tahiti IAC 5.1, apresenta um  
65 excelente rendimento de polpa de quase 50%.

66 O agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 1) apresentou valor para a correlação cofenética ( $r$   
67 = 0,8574\*\*) significativo. A análise simultânea pelo algoritmo de Gower foi utilizada para representar  
68 graficamente a variabilidade dos acessos de *Citrus* pela sua maior eficiência em quantificar as diferenças  
69 entre eles (Figura 1). Pelo critério do pseudo-t<sup>2</sup>, pode se observar que o ponto de máximo foi atingido  
70 no passo da formação de cinco grupos. Sendo assim, cinco grupos foram determinados como ideais para  
71 a análise do agrupamento UPGMA (Figura 1).



72

73 Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética entre quarenta e três acessos de *Citrus*, obtido pelo método UPGMA, a  
74 partir de 12 caracteres quantitativos e 4 qualitativos. Cruz das Almas, Bahia, 2016.

75

76 Como a maioria das correlações foi positiva com peso médio de frutos, a seleção simultânea  
77 pode promover ganhos no peso de frutos de forma eficiente. Verificaram-se correlações positivas e  
78 significativas entre as características dos acessos de *Citrus*, com destaque para o peso médio do fruto  
79 que apresentou maior correlação com a largura média do fruto (0,98) (Tabela 1). Essa correlação é  
80 importante, pois indica que a seleção de plantas com frutos mais pesados poderá ser feita a partir da  
81 medição do diâmetro médio do fruto. Outra correlação positiva e significativa foi observada entre pH do  
82 fruto e relação SS/AT (0,94); enquanto que a acidez titulável apresentou correlação significativa  
83 negativa com as variáveis pH do fruto e relação SS/AT (Tabela 1). Esses resultados concordam em parte  
84 com os obtidos por Fadel (2015) em citros, em que o diâmetro do fruto apresentou correlação positiva e

85 significativa com as variáveis peso do fruto e ratio; índice tecnológico com as variáveis sólidos solúveis  
 86 e acidez titulável; além de correlação negativa entre sólidos solúveis e rendimento de polpa.

87 **Tabela 1.** Coeficientes de correlação fenotípico entre os componentes físico-químicos de fruto em germoplasma  
 88 de citros. Cruz das Almas, Bahia, 2016.

Caracteres	PMF	CMF	LMF	EC	REND	AT	SS	SS/AT	pH	NSF	IT
PMF	-	0,86**	0,98**	0,81**	-0,45**	-0,076**	0,43**	0,71**	0,80**	0,68**	-0,03 <sup>NS</sup>
CMF		-	0,85**	0,78**	-0,48**	-0,55**	0,23*	0,46**	0,60**	0,66**	-0,15*
LMF			-	0,87**	-0,52**	-0,82**	0,51**	0,75**	0,85**	0,72**	0,02 <sup>NS</sup>
EC				-	-0,77**	-0,79**	0,63**	0,73**	0,86**	0,65**	-0,008 <sup>NS</sup>
REND					-	0,59**	-0,72**	-0,55**	-0,65**	-0,54**	-0,07
AT						-	-0,69**	-0,92**	-0,97**	-0,56**	-0,12 <sup>NS</sup>
SS							-	0,76**	0,75**	0,45**	0,19*
SS/AT								-	0,94**	0,56**	-0,11 <sup>NS</sup>
pH									-	0,62**	0,05 <sup>NS</sup>
NSF										-	-0,19*
IT											-

89 \*\*, \*: significativo a 1 e 5 de probabilidade pelo teste t., respectivamente. <sup>NS</sup>: não significativo

90  
 91 Os caracteres quantitativos foram os que mais contribuíram para a divergência genética pelo  
 92 método Singh (1981), destacando-se o peso total do fruto com 93,83%, bastante expressivo, visto que o  
 93 número de sementes por fruto, a segunda variável que mais contribuiu, alcançou apenas 2,57%.

### 94 CONCLUSÕES

95 A divergência genética verificada na amostra de acessos que compõem o Banco de Germoplasma de  
 96 citros da Embrapa Mandioca e Fruticultura é considerável, sobretudo quanto aos caracteres peso médio  
 97 do fruto, comprimento e largura de fruto, e sólidos solúveis;

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

100 A seleção dos frutos com maior largura média de frutos possibilita a obtenção de citros mais pesados.

### 101 REFERÊNCIAS

102 COLE-RODGERS, P., SMITH, D.W. AND BOSLAND, P.W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using  
 103 Capsicum as an example. **Crop Science**. v.37, p.1000-1002, 1977.

104  
 105 CRUZ, C.D. **Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2008.

106  
 107 FADEL, A.L. **Desempenho horticultural de laranja 'Valência' sobre onze porta-enxertos na região norte do Estado de São**  
 108 **Paulo**. Piracicaba, 2015. 105 p.: il. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

109  
 110 GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington 27:857-874, 1971.

111  
 112 PASSOS, O.S; SOARES FILHO, W. dos S; CUNHA SOBRINHO, A.P da; SOUZA, A. da S; CASTELLEN, M da. **Banco ativo de**  
 113 **germoplasma de citros**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2007.

114  
 115 R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical  
 116 Computing, 2006.

117  
 118 SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding** , v.41,  
 119 p.237-245, 1981.

120  
 121 STATSOFT, INC. **Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1**. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.