

Variabilidade genética e correlações fenotípicas para caracteres de frutos em genótipos de maracujazeiro

Caique Silveira Reis¹, Cristina de Fátima Machado², Carlos Alberto da Silva Ledo², Orlando Sampaio Passos²

¹Estudante de Graduação da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, ikireis@hotmail.com, ²Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br, orlando.passos@embrapa.br

Este trabalho foi conduzido com os objetivos de: i) caracterizar genótipos de maracujá produzidos em sistema orgânico, com base em descritores qualitativos e quantitativos; ii) estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos; iii) avaliar as correlações fenotípicas para caracteres de fruto em genótipos de maracujazeiro; e iv) selecionar materiais genéticos superiores. Foram utilizados cinco genótipos de maracujazeiro [*Passiflora setacea* (variedade Pérola do Cerrado); *P. gibertii* (acesso BGP008); *P. edulis* Sims (variedades Gigante Amarelo e Sol do Cerrado) e *P. alata* (acesso BGP 004)]. Os acessos *P. alata* (BGP 004) e *P. gibertii* (BGP 008) são pertencentes à coleção de germoplasma de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Embrapa – CNPMF). O estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-Colheita da Embrapa – CNPMF, período agosto de 2015 a julho de 2016, sendo mensurados 13 descritores quantitativos de fruto e dois qualitativos, os quais fazem parte da lista dos descritores mínimos de cultivares de maracujazeiro. Inicialmente, realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas, onde se utilizou a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers, respectivamente. Em seguida, uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para a determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower. Os agrupamentos hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram obtidos pelo método de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC). A significância dos CCC foi calculada pelo teste t de Mantel, com 1.000 permutações. Utilizou-se a correlação de Pearson para verificar a existência de relações entre as características físico-químicas de frutos dos cinco genótipos de maracujazeiro. Utilizou-se também o critério de Singh para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética. De acordo com os valores obtidos a partir da matriz de dissimilaridade, a maior distância entre os genótipos foi de 0,93 entre a variedade Gigante Amarelo (*P. edulis*) e BGP 008 (*P. gibertii*). O agrupamento hierárquico UPGMA, apresentou valor para a correlação cofenética ($r = 0,73^{**}$). A análise da divergência genética permitiu separar os acessos em quatro grupos geneticamente distintos. Verificaram-se correlações positivas e significativas entre as características do fruto de maracujazeiro, com destaque para o peso médio do fruto, que apresentou maior correlação com a largura média do fruto (0,9956). Essa correlação é importante, pois indica que a seleção de plantas com frutos mais pesados poderá ser feita a partir da medição do diâmetro médio do fruto. Outras correlações significativas foram observadas entre comprimento médio do fruto e peso da casca + sementes (0,9910), e peso médio do fruto e comprimento médio do fruto (0,9799). Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para a divergência genética pelo método Singh foram: peso médio do fruto (57,16%); peso médio da polpa (15,84%); peso médio da casca + sementes (15,50%); SS/AT (4,65%); comprimento médio do fruto (3,44%); e largura média do fruto (2,72%).

Significado e impacto do trabalho: O conhecimento da variabilidade genética presente em genótipos de maracujazeiro apresenta grande utilidade prática na obtenção de novas variedades que melhor contribuam para a sustentabilidade da cadeia produtiva; já o conhecimento das correlações permite traçar estratégias para maximizar os ganhos com a seleção nas etapas iniciais do programa de melhoramento, o que significa economia de tempo, recurso e mão de obra.