

Uso de diferentes análises multivariadas na estimativa de dissimilaridade genética em *Passiflora Edulis* Sims

Jacqueline Araújo Castro¹, Eder Jorge de Oliveira², Bruno Portela Brasileiro¹

¹Mestrando (a) do curso de Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura

INTRODUÇÃO

O gênero *Passiflora* reúne cerca de 400 espécies de maracujá, a maioria originária da região Neotropical (América), sendo cerca de 88 nativas do Brasil. Existindo ampla variabilidade genética a ser conhecida e convenientemente utilizada.

A quantificação da dissimilaridade genética pode servir como parâmetro para identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior possibilidade de recuperação de recombinantes superiores nas gerações segregantes. Existem vários métodos de classificação que podem ser utilizados na formação de grupos heteróticos, no entanto, deve-se optar por aqueles que produzem resultados expressos em variação mínima dentro do grupo (homogeneidade) e máxima variação entre grupos (heterogeneidade).

O presente estudo objetivou comparar a eficácia de diferentes análises de divergência genética, em acessos de *P. edulis*, fazendo uso da estratégia Ward-MLM (*Modified Location Model*) e da distância euclidiana média associada ao método de agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average*), além de estimar a contribuição das variáveis para a dissimilaridade genética.

METODOLOGIA

Foram utilizados 53 genótipos da espécie *Passiflora edulis*, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e do Programa de Melhoramento de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Estes acessos foram avaliados quanto à ocorrência da virose do endurecimento dos frutos em folhas, frutos, bem como a distribuição dos sintomas na planta. Também foi feita observação

da ocorrência de verrugose em frutos e ramos. As características físico-químicas analisadas foram: peso (g) e comprimento do fruto (cm), espessura da casca (mm), peso da polpa (g) e sólidos solúveis totais (°Brix).

O uso do programa estatístico SAS foi adotado para aplicação da abordagem Ward-MLM no agrupamento dos acessos. O programa GENES foi utilizado para cálculo da distância euclidiana média e análise de Singh.

RESULTADOS

A partir da função logarítmica de verossimilhança, observou-se a formação de três grupos na análise Ward-MLM. Por outro lado, a utilização da média da matriz de distância euclidiana média como ponto de corte possibilitou a formação de cinco grupos.

As duas primeiras variáveis canônicas obtidas pela metodologia Ward-MLM explicaram 100% da variação observada, sendo possível compreender de maneira satisfatória a variabilidade genética entre os acessos e a relação entre os grupos. As características que mais contribuíram para a divergência genética na análise Ward-MLM foram comprimento e peso do fruto.

Por outro lado, utilizando a metodologia descrita por Singh, as variáveis que mais contribuíram para a divergência foram peso de fruto e peso da polpa. Portanto, houve diferenças nos métodos de análise utilizados com relação ao número de grupos formados e na definição das variáveis que mais contribuíram para a análise de dissimilaridade entre os genótipos. Estas discrepâncias no agrupamento são comuns na classificação de um grande número de genótipos, a exemplo do presente trabalho. Entretanto, levando-se em consideração a variância mínima dentro dos agrupamentos, e maior explicação dos efeitos das primeiras variáveis canônicas, a metodologia Ward-MLM mostrou-se promissora.

CONCLUSÃO

A estratégia Ward-MLM possibilitou a formação de grupos com homogeneidade interna e heterogeneidade entre os grupos, permitindo maior entendimento da relação entre os genótipos. A análise utilizada pode interferir nas escolhas tomadas pelo pesquisador, portanto, deve-se levar em conta a

experiência do melhorista com relação ao material vegetal utilizado no programa de melhoramento e o conhecimento sobre os métodos de análise multivariada.

Palavras-chave: maracujazeiro, homogeneidade interna e heterogeneidade.