

Correlação entre Heterose e Divergência Genética em Genótipos de Maracujá Amarelo

Juliana Leles Costa¹; Eder Jorge de Oliveira²; Cláudia Garcia Neves³; Onildo Nunes de Jesus²

Resumo

Este trabalho avaliou a heterose de híbridos de maracujá amarelo, obtidos por cruzamentos dialélicos entre genótipos divergentes e a sua correlação com a distância genética obtida por meio de marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Os trinta híbridos resultantes do dialelo parcial apresentaram diferenças significativas para as variáveis: número de frutos (NF), peso do fruto (PF), produtividade (PROD), rendimento (REND) e sólidos solúveis totais (SST). Apenas a variável número de frutos apresentou efeitos aditivos no controle genético. Não foi observada correlação significativa pela estatística de Mantel entre distância genética vs heterose, capacidade específica de combinação e a média para as características analisadas, o que não permite prever o comportamento dos híbridos de maracujazeiro.

Introdução

O Brasil é considerado um dos centros de diversidade genética do gênero *Passiflora*, sendo que o maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* Sims) é a principal espécie cultivada. A partir da década de 70 houve grande evolução da área de plantio, mas os produtores ainda enfrentam algumas limitações, em relação à produção e resistência a doenças (Viana et al. 2006).

Nesse sentido, o desenvolvimento de novas cultivares torna-se uma alternativa viável para a cultura, sendo necessário, o direcionamento dos cruzamentos para a obtenção de híbridos com ganhos genéticos. O uso de cruzamentos dialélicos é uma das estratégias de melhoramento que permite identificar potenciais genitores, com base nos seus valores genéticos e na capacidade de combinação dos genótipos.

Diante da hipótese de que a heterose pode estar associada com a distância genética obtida por marcadores moleculares, este trabalho teve como objetivo avaliar a correlação entre vigor híbrido em genótipos oriundos de cruzamentos em dialelo entre parentais de maracujazeiro amarelo, com a distância genética obtida por marcadores moleculares do tipo ISSR.

Materiais e Métodos

Análise dialélica

O experimento foi conduzido em área de produção, no município de Cruz das Almas (BA), em delineamento de blocos casualizados com três repetições, constituído por 41 tratamentos (11 parentais e 30 híbridos), e parcela de quatro plantas. Os híbridos são oriundos de cruzamentos entre parentais selecionados pelo Programa de Melhoramento Genético do Maracujazeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para isso, foram realizados cruzamentos entre 11 parentais com alto potencial agrônomo, sendo o grupo I utilizado como femininos (GP09-01, GP09-02, GP09-03, GP09-04, GP09-05, GP09-06) e o grupo II como parental masculino (GP09-07, GP09-08, GP09-09, GP09-10 e GP09-11).

Foram avaliadas as seguintes características agrônomicas: 1) NF, 2) PF, 3) PROD em t.ha⁻¹, 4) REND e 5) SST. Foi realizada uma análise de variância e, posteriormente, as médias das variáveis foram comparadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade (Scott and Knott 1974). Para a análise dialélica parcial dos genitores e da F₁ foi utilizado o método Kempthorne 1966. Todas as análises foram efetuadas no programa GENES (Cruz 2006).

Análise molecular

O DNA dos genótipos foi extraído utilizando-se o protocolo com CTAB (brometo de cetiltrimetilamônio) descrito por Doyle and Doyle 1987, com algumas modificações. Obteve-se um pool DNA de cada parental (10 plantas).

Vinte e três iniciadores foram utilizados neste estudo, com as seguintes condições de reação: 10 ng de DNA, tampão de PCR 1X, 1,5 mM de MgCl₂, 200 uM de dNTP, 0,3 uM do iniciador, 1U da *Taq* DNA Polimerase. As amplificações foram realizadas no termociclador *Applied Biosystems*, de acordo com o seguinte

¹Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, CEP 13418-900, Piracicaba-SP, e-mail: julianaleles@usp.br

²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, CEP 44380-000, Cruz das Almas-Ba, e-mail: eder@cnpmf.embrapa.br; onildo@cnpmf.embrapa.br

³Mestranda em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: claagrol@yahoo.com.br

programa: 94 °C por 5 min; 35 ciclos a 94 °C por 40s, 45 ou 48°C por 40s, 72 °C por 60s; e extensão final a 72 °C por 5min. Os resultados foram visualizados em gel de agarose 2% corado com brometo de etídeo.

Os dados binários dos marcadores ISSR foram utilizados para obtenção do coeficiente de dissimilaridade *Simple Matching* utilizando o programa GENES (Cruz 2008). Foram também estimadas as correlações simples entre os caracteres agrônômicos, heterose (H) e capacidade específica de combinação (CEC) com a distância genética (DG) obtida por ISSR. A significância da correlação foi obtida utilizando o teste de Mantel com 5000 permutações.

Resultados e Discussão

O resumo da análise de variância dos cruzamentos dialélicos é apresentado na Tabela 1. Os coeficientes de variação para os caracteres NF, PF, PROD, REND e SST foram de 17,79%, 10,75%, 17,96%, 17,79% e 8,09%, respectivamente. Observaram-se diferenças significativas entre os tratamentos pelo teste F ($P < 0,01$) para todas as características avaliadas, evidenciando possibilidade de indicação de híbridos promissores. O desdobramento dos tratamentos para o efeito dos parentais e cruzamentos revelou diferenças significativas para todas as características exceto para REND. Para o efeito de parentais do Grupo I e II, também foi observado diferenças significativas, embora não houve diferença entre os grupos (Tabela 1).

Tabela 1: Resumo da análise de variância, média geral, média dos genitores, média dos cruzamentos e coeficiente de variação experimental (CV%), para os caracteres agrônômicos.

Análise de Variância das Variáveis						
Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio				
		NF	PF	PROD	REND	SST
Blocos(B)	2	1071,64	1133,64	40,46	66,06	5,87
Tratamento(T)	40	1868,78**	2989,45**	81,89**	47,34**	3,74**
Parentais	10	1666,48**	2686,04**	93,88**	35,23 ^{ns}	7,20**
Grupo I	5	1867,27**	2282,48**	105,98**	44,77 ^{ns}	5,28**
Grupo II	4	1641,87**	3385,05**	101,75**	21,74 ^{ns}	11,39**
Grupo I vs Grupo II	1	760,96 ^{ns}	1907,77 ^{ns}	1,93 ^{ns}	41,45 ^{ns}	0,07 ^{ns}
Parentais vs Cruz	1	30,81 ^{ns}	12431,87**	132,28**	24,93 ^{ns}	0,87 ^{ns}
Cruzamento	29	2001,92**	2768,47**	76,01**	52,30**	2,65**
CGC Grupo I	5	3177,35**	4973,91 ^{ns}	48,83 ^{ns}	51,92 ^{ns}	0,97 ^{ns}
CGC Grupo II	4	1515,77**	1762,76 ^{ns}	63,21 ^{ns}	73,96 ^{ns}	5,41 ^{ns}
CEC I x II	20	1805,29**	2418,25**	85,37**	48,06*	2,52**
Resíduo	80	346,03	668,04	18,83	23,68	1,1
Total	122					
CV(%)		17,79	10,75	17,96	17,79	8,09
Média Geral		104,55	240,27	24,16	27,35	13,01
Média Parentais		103,22	224,36	22,42	28,19	13,15
Média Cruzamento		104,85	245,8	24,78	27,07	12,91

*, **, ns : Significativo a 5%; significativo a 1% e não significativo, respectivamente pelo teste F.

Os valores dos quadrados médios, referentes à capacidade geral de combinação (CGC) para os grupos I e II foram significativos ($P < 0,01$), apenas para NF. Por outro lado, observou-se significância para a CEC para todas as características. Os resultados revelam que tanto os efeitos gênicos aditivos quanto os não aditivos estão envolvidos no controle da característica NF, porém há predominância de efeitos gênicos não aditivos para PF, PROD, REND e SST.

Na tabela 2 estão apresentados os valores de heterose, médias e distância genética. Houve variação em magnitude e sinal para os valores de heterose -62,67 a 78,0 para NF; -33,03 a 67,1 para PF; -9,28 a 14,68 para PROD; -8,24 a 11,69 para REND e -1,88 a 3,11 para SST. Considerável variação nos valores de heterose indicam haver grandes diferenças quanto à divergência genética entre os genitores que, possivelmente associa-se ao elevado vigor híbrido (Colombari Filho et al. 2010).

Contudo, a variação observada no presente estudo não está relacionada com a variação entre a distância genética (0,050 a 0,157). Além disso, o maior valor heterótico encontrado foi de 78% para NF no cruzamento 1x3' (GP09-01xGP09-09) que também apresentou a maior média, porém a DG foi relativamente baixa (0,088) entre os genitores deste híbrido. Enquanto que, o cruzamento 3x1' (GP09-03 x GP09-07) com menor valor de heterose (-62,67) apresentou relativamente, maior distância genética (0,095). De forma geral, os maiores desempenhos para a maioria das características avaliadas não foram associados com os valores heteróticos. Resultados discordantes foram encontrados por Guimarães et al. 2007, na análise de híbridos de milho.

Tabela 2: Valores médios obtidos para número de frutos (NF), peso do fruto (PF), produtividade (PROD), rendimento (REND) e sólidos solúveis totais (SST) de 30 híbridos do dialelo parcial, bem como sua heterose (H) e valores de divergência genética (DG) obtida por marcadores ISSR.

Híbridos ¹	NF		PF		PROD		REND		SST		DG ISSR
	Média	H	Média	H	Média	H	Média	H	Média	H	
1x1'	122,33b	21,33	209,93b	14,01	24,99a	-6,12	26,79b	-1,36	13,6a	0,39	0,109
2x1'	77,33c	-26,33	263,33a	38,88	19,79b	-2,72	29,59a	0,48	12,78b	-0,09	0,062
3x1'	60,33c	-62,67	290,05a	67,10	17,13b	-9,28	33,68a	7,12	13,98a	1,34	0,095
4x1'	97,66c	6,17	237,65b	8,39	22,62b	2,32	32,83a	5,79	12,72b	-1,26	0,050
5x1'	125,33b	38,33	254,86a	31,22	31,22a	12,63	35,44a	11,69	12,4b	0,34	0,112
6x1'	58,50c	-41,66	261,60 b	25,15	14,94b	-8,04	23,39b	-5,17	13,00b	-0,41	0,085
1x2'	87,66c	-34,49	238,08a	53,16	20,49b	1,89	23,75b	-7,59	12,72a	-1,58	0,117
2x2'	139,33b	14,50	181,13b	-33,03	27,74a	1,73	27,93a	-4,35	13,96a	0,00	0,091
3x2'	128,66b	-15,49	228,93b	16,26	28,22a	-1,71	30,33a	0,58	14,62a	0,80	0,122
4x2'	120,00b	7,33	262,93a	43,95	30,54a	6,74	32,48a	2,24	15,16a	0,09	0,088
5x2'	86,50c	-21,66	223,65b	10,28	18,45b	-3,66	23,14b	-3,80	12,43b	-0,71	0,139
6x2'	124,33b	3,00	260,06a	33,90	31,22a	4,72	28,06a	-3,69	13,92a	-0,58	0,115
1x3'	170,66a	78,00	189,73b	0,66	31,23a	14,54	24,84b	-3,86	13,54a	-0,10	0,088
2x3'	103,00c	7,67	252,26a	34,68	25,09a	4,76	28,43a	-1,23	13,94a	0,63	0,094
3x3'	97,33c	-17,33	209,53b	-6,56	20,04b	-4,20	29,14a	2,03	12,44b	-0,65	0,100
4x3'	118,00b	34,83	285,80a	63,39	32,79a	14,68	23,84b	-3,76	12,21b	-0,22	0,098
5x3'	80,66c	2,00	280,83a	64,04	21,99b	5,57	20,56b	-3,76	12,29b	-0,20	0,113
6x3'	88,00c	-3,83	242,33b	12,74	20,44b	-0,36	23,07b	-6,04	11,97b	-1,88	0,101
1x4'	129,00b	34,00	215,60b	22,76	26,99a	9,62	28,66a	-0,82	11,42b	-0,31	0,120
2x4'	105,00c	7,33	257,20a	35,83	26,45a	5,44	34,16a	3,72	13,68a	2,27	0,109
3x4'	104,00c	-13,00	283,40a	63,53	28,91a	3,99	19,65b	-8,24	11,46b	0,29	0,119
4x4'	114,66b	29,17	211,86b	-14,31	23,79b	5,00	24,53b	-3,84	11,46b	-1,04	0,117
5x4'	87,66c	6,67	237,30b	16,73	20,09b	2,99	26,74b	1,64	13,70a	3,11	0,146
6x4'	76,66c	-17,49	261,20a	27,83	19,62b	-1,86	22,42b	-7,46	12,09b	0,14	0,138
1x5'	135,66b	30,33	217,53b	-9,88	28,92a	5,82	29,72a	1,63	13,53a	-0,26	0,113
2x5'	126,00b	18,00	235,80b	-20,13	28,78a	2,04	24,47b	-4,56	12,93b	-0,52	0,123
3x5'	125,66b	-1,66	269,80a	15,36	33,14a	2,49	31,04a	4,56	11,80b	-1,43	0,157
4x5'	72,66c	-23,16	286,46a	25,72	20,29b	-4,23	25,07b	-1,90	13,09b	-1,47	0,123
5x5'	103,00c	11,66	241,46b	-13,66	24,29a	1,46	25,98b	2,29	13,16a	0,52	0,120
6x5'	80,00c	-24,50	299,76a	31,83	23,39b	-3,83	22,62b	-5,87	12,85b	-1,14	0,107

¹ Genitor feminino (1 a 6) e genitor masculino (1' a 5').

Não foi observada correlação significativa entre a diversidade genética, obtida através de marcadores ISSR, com heterose, capacidade específica de combinação (\bullet_{ij}) e as médias das variáveis (Tabela 3). Resultados semelhantes foram observados por Lorencetti et al. 2006 e Paterniani et al. 2008, no estudo de correlação entre dados moleculares (marcadores dominantes e co-dominantes) e caracteres morfológicos. Por outro lado, no trabalho de Guimarães et al. 2007 foi encontrado correlação positiva entre heterose e divergência genética por AFLP e SSR em híbridos de milho, porém a CEC não foi significativa, justificando que a relação marcadores moleculares com estimativas das variáveis quantitativas são complexas, e podem apresentar baixa consistência e difícil interpretação. Portanto, no presente estudo não foi possível prever o comportamento dos híbridos de maracujazeiro avaliados com base nos marcadores ISSR.

Tabela 3: Estimativas de coeficientes de correlação entre número de frutos (NF), peso do fruto (PF), produtividade (PROD), rendimento (REND) e sólidos solúveis totais (SST), heterose em relação à média dos genitores (H) e capacidade específica de combinação (\bullet_{ij}) com distância genética obtida por ISSR.

		Dialelo							
		ISSR	ISSR	ISSR	ISSR	ISSR	ISSR	ISSR	ISSR
NF	0,04 ^{ns}	PF	0,05 ^{ns}	PROD	0,11 ^{ns}	REND	-0,25 ^{ns}	SST	-0,24 ^{ns}
H	-0,01 ^{ns}	H	-0,07 ^{ns}	H	0,00 ^{ns}	H	-0,13 ^{ns}	H	0,11 ^{ns}
\bullet_{ij}	0,08 ^{ns}	\bullet_{ij}	0,04 ^{ns}	\bullet_{ij}	0,03 ^{ns}	\bullet_{ij}	-0,03 ^{ns}	\bullet_{ij}	-0,11 ^{ns}

ns: não significante pela estatística de Mantel.

Referências

Colombari Filho JM, Geraldi IO e Barona MCA (2010) Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de grãos em soja. **Ciência e Agrotecnologia** 34(4): 940-945.

Cruz CD (2006) **Programa Genes - Estatística Experimental e Matrizes**. Editora UFV, Viçosa, 285p.

Cruz CD (2008) **Programa Genes - Diversidade Genética**. Editora UFV, Viçosa, 278p.

Doyle JJ and Doyle JL (1987) Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus** 12:13-15.

Guimarães PS, Paterniani MEAGZ, Luders RR, Souza AP, Laborda PR e Oliveira KM (2007) Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 42(6): 811-816.

Kempthorne O (1966) **An introduction to the genetic statistics**. J. Willey: New York, 545 p.

Lorencetti C, Carvalho FIF, Oliveira AC, Valério IP, Benin G, Zimmer PD e Vieira EA (2006) Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos em aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 41(4): 591-598.

Paterniani MEAGZ, Guimarães PS, Luders RR, Gallo PB, Souza AP, Laborda PR e Oliveira KM (2008) Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia** 67(3): 639-648.

Scott AJ and Knott MA (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics** 30(2): 507-512.

Viana AP, Pereira TNS, Pereira MG, Souza MM, Maldonado JFM and Amaral Junior AT (2006) Genetic diversity in yellow passion fruit Populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 6: 87-94.