

II Reconcitec

Reunião anual de ciência, tecnologia, inovação e cultura no Recôncavo da Bahia



CÓDIGO: 2236.1 (apresentação em pôster)

Área

Ciências Agrárias

Título

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MARACUJAZEIRO POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA

Autores

FÁBIO NASCIMENTO DE JESUS¹; CRISTINA DE FATIMA MACHADO²; HÉLIO APARECIDO DE OLIVEIRA LIMA SANTOS JUNIOR³; CARLOS ALBERTO DA SILVA LEDO²

Vinculos Institucionais / Emails

1Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; fabiorock222@yahoo.com.br,

2Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura; cristina.machado@cnpmf.embrapa.br, ledo@cnpmf.embrapa.br,

3Estudante de Ensino Médio do Centro Educacional Cruzalense. helio_hipspar@hotmail.com,

Resumo

A caracterização do germoplasma é fundamental na geração de conhecimentos sobre os materiais conservados em coleções, pois auxilia em um melhor manejo e fornece subsídios ao melhoramento genético. Neste contexto tem-se utilizado a análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas por ser útil na estimativa da divergência genética entre os acessos de uma coleção. O presente trabalho teve como objetivo quantificar a diversidade genética entre acessos de maracujazeiros mantidos no BAG-Maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura, utilizando uma lista de descritores mínimos para a cultura. A caracterização fenotípica foi realizada em 22 acessos, sendo avaliados 36 descritores (23 quantitativos e 13 qualitativos). Os descritores foram analisados conjuntamente usando o procedimento Ward-MLM. Foi utilizado o método de agrupamento de Ward, considerando a matriz conjunta obtida a partir do algoritmo de Gower. Foram avaliados descritores relacionados às folhas, flores e frutos, sendo discriminados 6 descritores relacionados às folhas, 16 às flores e 12 aos frutos, além dos dados de produtividade do período de 2010 a 2012. O valor do coeficiente de correlação cofenética obtido foi de 0.94**, considerado altamente significativo, uma vez que de acordo com Vaz Patto et al. (2004), $r > 0,56$, reflete uma boa concordância entre a matriz de dissimilaridade e a de agrupamento. Com base nos picos de verossimilhança foram formados 4 agrupamentos: G1 constituído por 16 acessos, dentre estes foi possível identificar a presença de 3 espécies, *Passiflora cincinnata* Mast. (06 acessos); *P. edulis* f. *flavicarpa* Deg. (08 acessos) e *P. edulis* f. *sims*. (02 acessos); G2 formado por 3 acessos de diferentes espécies (01 *P. giberti* N. E. Brown; 01 *P. muchronata* Lam e 01 *P. setacea* D. C.); G3 composto por 2 acessos, 01 *P. morifolia* Mast e 01 *P. Suberosa* Linnaeus e G4 formado por 1 acesso da espécie *P. alata* Curtis. De acordo com os valores de matriz de dissimilaridade, os acessos mais próximos foram 43-7 (*P. edulis* f. *sims*) e 51-7. (*P. edulis* f. *flavicarpa*) com distância de 0,28. A maior distancia entre os acessos foi de 084, entre 152 (*P. suberosa*) e o 04-PA

II Reconcitec

Reunião anual de ciência, tecnologia, inovação e cultura no Recôncavo da Bahia



Embrapa
Mandioca e Fruticultura

E3DA

UFBA
Universidade Federal da
Bahia

(P.alata). O método de WARD foi eficiente na discriminação dos grupos, considerando a análise conjunta dos 36 descritores estudados, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativos e quantitativos é viável e pode permitir uma maior eficiência no conhecimento de divergência genética entre os acessos do Banco Ativo de Germoplasma de maracujazeiro. A presença de variabilidade entre os grupos formados para os descritores mínimos utilizados indica que estes acessos podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético.

Palavras-Chave

Passiflora spp.; Germoplasma; Diversidade genética; Descritores

Agências de fomento

Fapeb