

Avaliação da divergência de acessos de citros conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura

Roseli Nogueira¹; Cristina de Fátima Machado²; Carlos Alberto da Silva Ledo²; Orlando Sampaio Passos²

¹Estudante de graduação de Biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; ²Pesquisadores da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: roseli_serva@hotmail.com, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br, orlando.passos@embrapa.br

Introdução – O citros compreendem o gênero *Citrus* e afins a este, com destaque para *Poncirus*, *Fortunella*, *Microcitrus*, *Eremocitrus* e *Claytonia*. Estão entre as plantas de cultivo mais antigas, grande parte das quais, oriundas do Continente Asiático. Neste contexto, a variabilidade genética, espontânea ou criada, é o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie. Sua manipulação pelos métodos adequados leva seguramente à obtenção de genótipos superiores com relação às características agrônomicas de interesse. **Objetivo** – Estudar a divergência genética de acessos de citros conservados no Banco ativo de germoplasma (BAG) da Embrapa Mandioca e Fruticultura por meio de técnicas multivariadas. **Material e Métodos** – O trabalho foi realizado na área experimental e Laboratório de Pós-colheita da Embrapa Mandioca e Fruticultura, durante o período de agosto de 2014 a julho de 2015. Foram avaliados vinte e três acessos do BAG. As variáveis estudadas foram: peso do fruto (g), comprimento do fruto (mm), largura do fruto (mm), forma do fruto (escala de notas), umbigo (presença e/ou ausência), cor da casca (escala de notas), espessura da casca (mm), aderência da casca (escala de notas), rendimento do suco (%), cor da polpa (escala de notas), acidez titulável (%), pH, sólidos solúveis (°Brix), ratio, índice tecnológico e diâmetro do caule (cm). O agrupamento hierárquico a partir da matriz de dissimilaridade foi obtido pelo método UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação do agrupamento foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética. Avaliou-se também a contribuição relativa dos caracteres para divergência, cálculo feito com médias não padronizadas. Utilizou-se o aplicativo genético computacional Genes para gerar a matriz de dissimilaridade, o coeficiente de correlação cofenética e a contribuição de Singh. O programa Statistica foi utilizado para gerar o dendrograma e o programa R para definir o número de grupos. **Resultados** – Foi detectada divergência genética entre os acessos para todos os caracteres avaliados. A análise da divergência genética permitiu separar os acessos conservados no BAG em dois grupos geneticamente distintos. No primeiro grupo ficou reunido o maior número de acessos, já o segundo grupo ficou com apenas quatro acessos (Pomelo Flame, Laranja doce 2103, Tangelo 600603 e Toranja Ponto Certo). Os acessos do segundo grupo se destacaram, sendo que, desses, o acesso Toranja Ponto Certo aparece como o material genético mais promissor do Banco. Esses acessos são candidatos à seleção e podem ser indicados para cruzamentos visando à obtenção de híbridos. O agrupamento hierárquico UPGMA apresentou valor para o coeficiente de correlação cofenética ($ccc = 0,8916^{**}$). O caráter que mais contribuiu para divergência genética foi o peso do fruto (91,98%). **Conclusões** – A análise da divergência permitiu separar os acessos do banco em dois grupos geneticamente disjuntos e dentro desses grupos os acessos mais promissores. A técnica de agrupamento mostrou-se viável e eficaz na identificação de acessos divergentes, podendo ser utilizada em bancos de germoplasma.

Palavras-chave: Frutas cítricas; análise de agrupamento; diversidade; pré-melhoramento.