

DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS PARA CARACTERES DE FRUTOS EM GENÓTIPOS DE MARACUJEIRO

Cristina de Fátima Machado¹; Caique Silveira Reis²; Carlos Alberto da Silva Ledo¹

INTRODUÇÃO

O gênero *Passiflora* é o mais abundante da família Passifloraceae, distribuída em aproximadamente 530 espécies e 400 híbridos artificiais (ULMER & MAC DOUGAL, 2004). Esse gênero possui ampla variabilidade interespecífica e potencial para usos diversos, tanto alimentar, medicinal, quanto ornamental, ainda subutilizados (MELETTI, 2011) ou com ações de pesquisa e desenvolvimento ainda incipientes (FALEIRO et al., 2011; MACHADO et al., 2015).

Nos bancos de germoplasma, a correta caracterização e avaliação dos acessos presentes é de fundamental importância, podendo ser realizada com a utilização dos descritores de cada espécie. Estes descritores possibilitam diferenciar genótipos de acordo com uma série de características, algumas com maior e outras com menor grau de variabilidade. Uma etapa de extrema importância que precede a seleção de genótipos superiores é o estudo das associações entre as variáveis, pois em função da complexidade ou da dificuldade operacional de fenotipagem de alguns caracteres pode se lançar mão da seleção indireta (CRUZ et al., 2012). Além disso, o conhecimento das correlações permite traçar estratégias de seleção alternativas para maximizar os ganhos.

A técnica que permite a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos foi proposta por Gower (1971). Este método permite a análise simultânea de variáveis contínuas e categóricas, utilizando uma escala de 0 a 1, independentemente do número de variáveis, como uma base de dados para a padronização, o que facilita a construção de um dendrograma. Objetivou-se no presente trabalho caracterizar genótipos de maracujá produzidos em sistema orgânico, com base em descritores qualitativos e quantitativos, estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, e avaliar as correlações fenotípicas para caracteres de fruto em genótipos de maracujazeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

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

¹Pesquisadores, EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, Cristina.fatima-machado@embrapa.br; ledoc@cnpmf.embrapa.br, claudia.ferreira@embrapa.br

²Graduando, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, ikireis@hotmail.com

31 coleção de germoplasma de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura (latitude de 12°39'11"S,
32 longitude 39°07'19"W e altitude de 212m), localizada na cidade de Cruz das Almas, BA. As análises
33 químicas foram realizadas em amostras de 30 frutos de *P. alata*, 60 frutos de *P. gibertii* e das variedades
34 Gigante amarelo e Sol do Cerrado e 120 frutos de *P. setacea*. Para os descritores físicos foram
35 analisados 30 frutos de cada acesso. O estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-
36 Colheita da Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF, período 2015/2016, sendo mensuradas as
37 seguintes características: diâmetro longitudinal do fruto (mm); diâmetro transversal do fruto (mm);
38 massa média de frutos (gramas); massa da casca + semente (gramas); espessura da casca (mm), peso da
39 polpa (gramas); rendimento da polpa (%); espessura da casca (mm); teor de sólidos solúveis (SS -
40 °Brix); acidez titulável (AT = % ácido cítrico); relação SS/AT, pH e vitamina C (mg de ácido
41 ascórbico/100 g polpa). Dois descritores qualitativos foram avaliados, a cor do fruto (utilizando escala
42 de cores, variando de verde a alaranjado) e cor da polpa (utilizando escala de cores, variando de amarelo
43 a alaranjado), os quais fazem parte da lista dos descritores mínimos do maracujá. Os dados foram
44 analisados de forma conjunta pelo algoritmo de GOWER.

45 Inicialmente, realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas,
46 utilizando a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers (COLE-RODGERS et al., 1997),
47 respectivamente. Uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para a
48 determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971). Os agrupamentos
49 hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram
50 obtidos pelo método de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação
51 dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL &
52 ROHLF, 1962). A significância dos CCC foi calculada pelo teste t de Mantel, com 1.000 permutações
53 (MANTEL, 1967). Para a obtenção das matrizes de distância genética das análises individuais e cálculo
54 dos CCC (coeficiente de correlação cofenética), foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2008). A
55 matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa R (R
56 Development Core Team, 2014). O dendrograma foi obtido pelo programa Statistica 7.1 (STAT SOFT,
57 2005). O critério utilizado para a definição do número de grupos ideal foi o pseudo-t², calculado com
58 auxílio do pacote “NbClust” do programa R (CHARRAD et al., 2014). Utilizou-se a correlação de
59 Pearson para verificar a existência de relações entre as características físico-químicas de frutos dos cinco
60 genótipos de maracujazeiro, cultivado nas condições edafoclimáticas de Cruz das Almas, Bahia. Para
61 esta finalidade, utilizou-se o aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2008).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os valores de 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*). Do ponto de vista agrônomo, ambas as espécies são interessantes, a variedade Gigante Amarelo apresenta alta produtividade, boa adaptação edafoclimática, alta qualidade de frutos e elevado rendimento de polpa, já o acesso silvestre *P. gibertii* (BGP008) apresenta teor médio de vitamina C de 108,52 mg de ácido ascórbico/100 g e é considerado resistente à morte precoce e a outras doenças causadas por patógenos do solo.

O agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 1) apresentou valor para a correlação cofenética ($r = 0,73^*$) significativo. A análise simultânea pelo algoritmo de Gower foi utilizada para representar graficamente a variabilidade dos genótipos de maracujazeiro pela sua maior eficiência em quantificar as diferenças entre eles (Figura 1). Pelo critério do pseudo- t^2 , pode se observar que o ponto de máximo foi atingido no passo da formação de quatro grupos, indicando que este ponto está relacionado com a menor probabilidade de significância do teste e, conseqüentemente, indica a interrupção do processo de agrupamento. Sendo assim, quatro grupos foram determinados como ideais para a análise do agrupamento UPGMA (Figura 1).

Como a maioria das correlações foi positiva com peso médio de frutos, a seleção simultânea pode promover ganhos no peso de frutos de forma eficiente. 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).

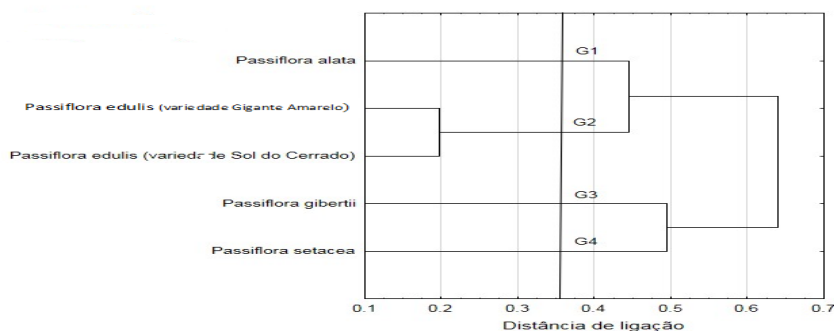


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética entre cinco genótipos de maracujazeiro, obtido pelo método UPGMA, com base no algoritmo de Gower, a partir de 2 caracteres qualitativos e 10 quantitativos. Cruz das Almas, Bahia, 2016.

CONCLUSÕES

Os genótipos de maracujá estudados mostraram elevada divergência genética, indicando que os mesmos podem ser utilizados em programas de melhoramento genético para obtenção de híbridos.

A análise conjunta de dados qualitativos e quantitativos é viável e pode permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre acessos de bancos de germoplasma.

A seleção dos frutos com maior largura média de frutos possibilita a obtenção de maracujás mais pesados.

REFERÊNCIAS

1. COLE-RODGERS, P., SMITH, D.W. AND BOSLAND, P.W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example. **Crop Science**. v.37, p.1000-1002, 1977.
2. CHARRAD, N; GHAZALI N; BOITEAU, V; NIKNAFS, A. **NbClust**: NbClust package for determining the best number of clusters. R package version 2.0.1. Disponível em: <http://CRAN.Rproject.org/package=NbClust>. 2014. Acesso em 14. jan. 2014.
3. CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
4. CRUZ, C.D. **Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2008
5. FALEIRO, F.G; JUNQUEIRA, N.T.V; BRAGA, M.F; PEIXOTO, J.R. Pré-melhoramento do maracujá. In: LOPES, M.A; FAVERO, A.P; FERREIRA, M.A.J.F; FALEIRO, G; FOLLE, S.M. (Ed.). **Pré melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. p. 550-569.
6. GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington 27:857-874, 1971
7. MACHADO, C. de F.; JESUS, F. N. de; LEDO, C. A. da. **Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos**. Revista Brasileira de Fruticultura, v.37, p. 442-449, 2015.
8. MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. 161. **Cancer Research**, Birmingham 27:209-220, 1967.
9. MELETTI, L.M.M. Avanços na cultura do maracujá no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, p.83-091, 2011. Volume Especial.
10. R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2006.
11. SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**. 11:33-40, 1962.
12. STATSOFT, INC. **Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1**. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.
13. ULMER, T.; MACDOUGAL, J.M. **Passiflora: passion flowers of the world**. Portland Oregon:Timber Press, 2004. p. 430.