

Variabilidade genética e correlações fenotípicas para caracteres de frutos em acessos de *Citrus*

João Marcos da Silva Rabelo¹, Cristina de Fátima Machado², Carlos Alberto da Silva Ledo², Orlando Sampaio Passos²

¹Estudante de Graduação da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, joaomarcosrabelo@outlook.com; ²Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br, orlando.passos@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Citros da Embrapa Mandioca e Fruticultura contém mais de 700 acessos, sendo que o conhecimento da sua variabilidade é de grande utilidade para o programa de melhoramento genético da cultura. Assim, objetivou-se caracterizar acessos desse BAG com base em descritores quantitativos e qualitativos do fruto, estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados, bem como avaliar as correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados. Adicionalmente, os acessos foram avaliados quanto aos descritores de sementes. No trabalho foram utilizados 43 acessos de citros, dos quais 26 são pomelos (*Citrus paradisi*), 15 limões verdadeiros (*Citrus limon*) e 2 limões rugosos (*Citrus jambhiri*). O estudo biométrico dos frutos foi realizado no Laboratório de Pós-Colheita da Embrapa – CNPMF, sendo mensuradas nove variáveis quantitativas e quatro qualitativas em relação ao fruto. Inicialmente realizou-se a análise individual para as variáveis qualitativas e quantitativas, onde se utilizou a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodger, respectivamente. Em seguida, uma análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos foi realizada para a determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower. Os agrupamentos hierárquicos das análises individuais e simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram obtidos pelo método de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético. No que diz respeito à análise de sementes, levou-se em conta três variáveis quantitativas, que foram analisadas por meio de medidas de tendência central. Utilizou-se também o critério de Singh para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética dos acessos. De acordo com os valores obtidos a partir da matriz de dissimilaridade, a maior divergência ocorreu entre os acessos pomelo Imperial e limão Tahiti 5.1. O agrupamento hierárquico UPGMA apresentou valor para a correlação cofenética ($r = 0,8574^{**}$). A análise da divergência genética permitiu separar os acessos em cinco grupos geneticamente distintos. Verificaram-se correlações positivas e significativas, com destaque para o peso médio do fruto que apresentou maior correlação com a largura média do fruto (0,9776). 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. Quanto aos descritores de sementes, o acesso pomelo Triumph destacou-se com maior comprimento médio de semente (16,9 mm). Por outro lado, a maior largura média foi observada no acesso pomelo Gardner (7,97 mm). Já o acesso pomelo Imperial obteve maior peso médio de 100 sementes (77,47 g). O caráter que mais contribuiu para divergência genética foi o peso total do fruto com 93,83%.

Significado e impacto do trabalho: O conhecimento da variabilidade genética presente na amostra de acessos que compõem o BAG *Citrus* da Embrapa Mandioca e Fruticultura apresenta grande utilidade prática na obtenção de novas variedades que melhor contribuam para a sustentabilidade da cadeia produtiva. Já o conhecimento da existência de relação entre caracteres de interesse agrônomo permite traçar estratégias para maximizar os ganhos com a seleção nas etapas iniciais do programa de melhoramento de *Citrus*, o que significa economia de tempo, recurso e mão de obra.