

Variabilidade genética para caracteres de frutos em acessos de fruteiras tropicais (*Spondias* spp.)

Talita de Deus Ribeiro¹, Gabriel Dias Conceição¹, Francilene da Silva Chabi¹, Cristina de Fátima Machado², Carlos Alberto da Silva Ledo²

¹Estudantes do Colégio Estadual Luciano Passos, Cruz das Almas, Bahia, talita_ribeiro2001@hotmail.com, gabriel.diasconceição07@gmail.com, francychabi@hotmail.com, ²Pesquisadores da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br,

Nos bancos de germoplasma, a correta caracterização e avaliação dos acessos presentes são de fundamental importância, podendo ser realizada com a utilização de um conjunto de descritores que se referem a atributos morfológicos e agrônômicos, os quais servem como guia e permitem a distinção entre diferentes acessos de uma mesma cultura. Este trabalho foi conduzido com os objetivos de: i) caracterizar acessos procedentes da Coleção de germoplasma de *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com base em descritores qualitativos e quantitativos, em três safras de produção (2011, 2012 e 2013); e ii) estimar a divergência com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, visando selecionar genótipos superiores em relação às características de qualidade de frutos. Foram utilizados 17 acessos, procedentes da Coleção de germoplasma de *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com base em 15 descritores morfológicos, sendo 12 quantitativos e três qualitativos. Inicialmente, realizou-se a análise individual para as variáveis quantitativas e qualitativas, onde se utilizou a distância euclidiana média e a distância de Cole-Rodgers. Em seguida, uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos 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. A significância do coeficiente de correlação cofenético foi calculada pelo teste t de Mantel, com 1.000 permutações. 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 o acesso Seriguela e o acesso 'Santa Bárbara' (Umbu-cajazeira). O agrupamento hierárquico UPGMA apresentou valor $r = 0,86^{**}$ para a correlação cofenética. A análise da divergência genética permitiu separar os acessos em 13 grupos geneticamente distintos, o que evidencia a existência de alta variabilidade genética entre os acessos. Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para a divergência genética pelo método Singh, nas médias 2011/2012/2013 foram: vitamina C (68,10%) e massa média do fruto (16%), peso médio da polpa (5,82%) e rendimento médio da polpa (5,59 %). Portanto, constata-se que a divergência genética verificada entre os acessos que compõem a coleção de germoplasma de *Spondias* é considerável, sobretudo em relação aos componentes físicos (peso do fruto, peso da polpa, comprimento e largura de fruto) e químicos (sólidos solúveis e ácido ascórbico).

Significado e impacto do trabalho: O conhecimento da variabilidade genética entre os acessos conservados na Coleção de germoplasma de *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura tem utilidade prática, pois permitirá a seleção de genótipos superiores quanto às características de qualidade de frutos, em etapas iniciais, bem como possibilitará o planejamento de estratégias eficientes, o que significa economia de tempo e de recursos humanos.