

VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ACEROLEIRA BASEADA EM DESCRITORES FÍSICO-QUÍMICO DE FRUTOS EM DIFERENTES ESTÁDIOS DE MATURAÇÃO

Raquel de Souza Silva¹; Sérgio Tonetto de Freitas²; Flávio de França Souza³; João Claudio Vilvert⁴; Willamo Pacheco Coelho Júnior⁵; Washington Carvalho Pacheco Coelho⁶.

¹Universidade Federal do Vale do São Francisco; ^{2,3}Embrapa Semiárido; ⁴Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia; ^{5,6} Universidade Estadual de Feira de Santana.
*rakelslog@gmail.com

A Embrapa possui um Banco Ativo de Germoplasma de aceroleira (BAG), contendo um relevante acervo genético que pode ser útil no desenvolvimento de novas cultivares, tendo em vista as potencialidades que essa fruta possui. O presente trabalho objetivou estudar a diversidade dos últimos acessos introduzidos no BAG de aceroleira da Embrapa, conjuntamente com o germoplasma presente nas principais áreas tradicionais de cultivo. Para tanto, foram avaliados 14 acessos, a saber: CL3, CL8, CL9, CL12, CL13, CL14, CL20, CL26, CL27, CL30, CL31, CL36, CL38 e Tropicana; e 10 clones comerciais: 'BRS Sertaneja', 'BRS 366 Jaburu', 'BRS 238 Frutacor', 'BRS 237 Roxinha', 'BRS 236 Cereja', 'BRS 245 Apodi', 'Junko' e 'Costa Rica'. O acervo encontra-se conservado na Estação Experimental do Bebedouro, em Petrolina-PE, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de três plantas. As avaliações foram realizadas no segundo semestre de 2022. Os frutos foram colhidos em três estádios de maturação: (1) verde, (2) intermediário e (3) maduro. Avaliaram-se a massa média (MM); cor de casca expressa em escala $L^*C^*h^o$; firmeza (FIRM); acidez titulável (AT); sólidos solúveis (SS); relação SS/AT e teor de ácido ascórbico (AA). Os dados foram submetidos a análise de variância, a estimação das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2), análise de componentes principais e importância relativa das variáveis, pelo método de Singh. Os acessos foram agrupados em um dendrograma baseado no método UPGMA, utilizando a matriz D^2 . Os cálculos foram obtidos com o programa GENES. Verificaram-se diferenças altamente significativas entre os tratamentos para todas as características avaliadas, confirmando ampla variabilidade no germoplasma avaliado. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram cor L (11,53%); AA-2 (11,61%); SS/AT-2 (10,62%) e os que menos contribuíram foram Cor H (0,36%); MM-2 (0,47%); AA-3 (0,71%). Os acessos CL02 e CL09 foram os genótipos mais dissimilares, e os mais similares foram o CL14 e CL16. Foi estabelecido a formação de cinco grupos distintos. O primeiro foi formado pelos genótipos: 'Junko', 'BRS Jaburu', 'BRS Cereja' e 'CL13'. O segundo foi o maior: 'BRS 237 Roxinha', CL12, CL31, CL08, 'BRS Sertaneja', 'BRS 235 Apodi', CL36, CL14 e CL27. O terceiro foi constituído por 'Costa Rica', 'BRS 238 Frutacor', CL20 e CL38. Os clones CL26 e CL30; CL09 e CL03 foram os genótipos mais divergentes, formando os grupos 4 e 5, respectivamente.

Palavras-chaves: Acerola; Diversidade genética; Acessos.

Agradecimentos: Embrapa, Univasf e Fapece.

