

Divergência genética entre acessos de cupuaçuzeiro, procedentes de plantios comerciais de Tomé-Açu - Pará

Vinicius Silva dos Santos – Discente em Estatística, UFPA¹

Rafael Moysés Alves – DAgron., Embrapa Amazônia Oriental^{1, 2}

Mario Rodrigo de Oliveira Gomes – Eng^o. Agrôn. Embrapa Amazônia Oriental¹

Resumo

O cupuaçuzeiro *Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng.) Schum, fruteira nativa da região Norte do Brasil, tem alcançado novos mercados, em função dos produtos derivados da polpa do fruto e das sementes. Entretanto, para tornar o cultivo sustentável há necessidade de diversificar a base genética do material de plantação. Os plantios comerciais de cupuaçuzeiro do município de Tomé Açu – Pará foram formados com sementes sem nenhum critério de seleção. Isto propiciou elevada variabilidade fenotípica. Este trabalho teve o objetivo de estudar a divergência genética existente entre as matrizes procedentes de 13 plantações de cupuaçuzeiro daquele município. As matrizes tiveram a produção controlada por cinco safras, e os frutos caracterizados por variáveis físicas. Os resultados demonstraram que, apesar de haver diferenciação entre as propriedades, esta não foi muito pronunciada, indicando que a variabilidade observada dentro dos plantios, se repete a cada propriedade, o que pode indicar que as sementes tiveram uma fonte original comum. Assim, a seleção dentro de cada propriedade poderá resultar em ganhos genéticos promissores.

Palavras-chave: fruteira nativa, análise de agrupamento, recurso genético.

1 Introdução

O melhoramento genético do cupuaçuzeiro ainda encontra-se em sua fase inicial. Portanto, para tornar o cultivo sustentável há necessidade de diversificar a base genética do material de plantação, seja para melhorar qualitativamente e quantitativamente a produção, como também, a resistência aos seus principais flagelos. A busca de novos genótipos poderá ser direcionada para os bancos ativos de germoplasma, coleta em populações silvestres remanescentes, ou em plantios comerciais (Alves, 2002).

Os plantios pioneiros de cupuaçuzeiro no município de Tomé Açu - Pará, plantados a partir da década de 70, mostraram-se altamente desuniformes, pois foram formados com sementes sem nenhum critério de seleção, apresentando com isso elevada susceptibilidade à *Moniliophthora (Crimipellis perniciosa)*, agente causador da doença denominada vassoura-de-bruxa e baixa produtividade (Alves et al., 1998). Entretanto, devido a essa variabilidade, esses plantios tornaram-se potenciais fornecedores de genótipos para os programas de melhoramento e recurso genético do cupuaçuzeiro. A urgência na identificação e coleta desses materiais se justifica porque, com o lançamento das primeiras cultivares de cupuaçuzeiro desenvolvidas pela Embrapa Amazônia Oriental (Alves & Cruz, 2003), foi iniciado um processo de renovação dos pomares, com tendência de uniformização dos materiais de plantação e, conseqüentemente, redução de toda essa variabilidade.

A variabilidade genética, espontânea ou criada, é a base para qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie. Sua manipulação pelos métodos adequados permite a obtenção de genótipos superiores com relação às características agrônômicas de interesse (Pereira et al., 1988). A divergência genética entre genótipos pode ser empregada tanto para organizar o banco de germoplasma quanto para auxiliar no melhoramento genético da espécie.

Este trabalho teve o objetivo de estudar a divergência genética existente entre as matrizes

1. Agradecimentos ao CNPq e Embrapa Amazônia Oriental pelo apoio financeiro.

2. Contato: rafael@cpatu.embrapa.br

procedentes de 13 plantações de cupuaçuzeiro, com a finalidade de aproveitar essa variabilidade nos programas de melhoramento e recurso genético.

2 Metodologia

O experimento foi realizado no período de 1995 a 2000, no município de Tomé Açu – Pará. Foi conduzido com a participação de 13 produtores da cultura de cupuaçuzeiro, membros da Cooperativa Agrícola Mista de Tomé Açu - CAMTA. Em cada propriedade foram amostrados números variados de matrizes para compor o estudo, sendo visitadas 29.600 matrizes das quais 353 participaram da pesquisa (Tabela 1).

Essas plantas tiveram a produção de frutos controlada durante cinco safras (95/96; 96/97; 97/98; 98/99; 99/00), através do número de frutos (NF), os quais foram caracterizados pelas variáveis físicas: comprimento de fruto em mm (CF); diâmetro de fruto em mm (DF); peso de fruto em g (PF); peso de casca em g (PC); peso de polpa em g (PP); peso de sementes em g (PS) e número de sementes normais (SN). Para essa caracterização foram utilizados cinco frutos por planta.

Para o estudo de divergência genética entre as matrizes foi realizada a análise de agrupamento de Tocher. Para a visualização gráfica foi empregado o método hierárquico aglomerativo de ligação média não ponderada – UPGMA, que possibilitou a construção do dendrograma que apresenta a dissimilaridade genotípica entre as procedências dos genótipos observados. Ambos os métodos foram fundamentados na medida de dissimilaridade da distância euclidiana média padronizada (Cruz, 2006). Essa distância foi escolhida pelo fato de os dados não obedecerem a nenhum delineamento experimental.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o recurso computacional Genes (Cruz, 2006).

3 Resultados e conclusões

A análise dos dados obtidos com o emprego da distância euclidiana média padronizada, possibilitou a identificação da maior distância entre os acessos das propriedades 6 e 8 (2,99%), enquanto que os acessos das propriedades 4 e 11 (0,27%) foram os mais similares.

Como base nos resultados de agrupamento pelo método de Tocher, as 13 propriedades formaram 3 grupos (Tabela 2), o primeiro grupo constituído pelas propriedades 4, 11, 5, 10, 7, 12, 9, 2, 13 e 3. O segundo grupo constituído pelas propriedades 1 e 8 e o terceiro grupo pela propriedade 6. Em estudos de divergência genética, utilizando o mesmo método de agrupamento aqui abordado, Silva (1996) em experimento com cinco clones de cupuaçuzeiro obteve a formação de três grupos. Araújo et al. (2002) trabalhando com 27 clones de cupuaçuzeiro constataram a formação de cinco grupos. Em ambos os trabalhos foi relatada a grande variabilidade genética existente entre os acessos.

Pelo dendrograma mostrado na Figura 1 observa-se que se o ponto de corte fosse efetuado à distância de 1,48, haveria a formação de três grupos, sendo que somente o grupo 1 já concentraria 10 propriedades. O grupo 2 seria formado pelas propriedades 1 e 8 e o terceiro agruparia a propriedade 6. Esse resultado está em concordância com o obtido pelo método de agrupamento de Tocher.

Como o ponto de corte foi feito com base na média geral ($dg_e=1,29$), houve a formação de quatro grupos, sendo que o primeiro grupo englobou nove propriedades e os demais foram constituídos por agrupamentos divergentes isolados.

A característica peso de fruto (PF) foi a que mais contribuiu para a avaliação da diversidade genética (Tabela 3). As variáveis peso de polpa (PP) e peso de casca (PC) apresentaram valores intermediários, enquanto que, peso de semente (PS), comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), número de fruto (NF) e número de sementes normais (SN) pouco contribuíram para as estimativas de divergência.

Portanto, apesar de toda a variabilidade fenotípica observada dentro dos plantios houve pouca divergência genética entre a maioria das propriedades estudadas, denotando que a origem das sementes foi comum. Esse fato foi comprovado por informações dos produtores ao afirmarem que as mudas foram preparadas em um viveiro central de uma associação e, posteriormente, distribuídas aos agricultores.

Assim, para alimentar programas de melhoramento e recursos genéticos seria mais interessante fazer coletas amplas dentro de poucas propriedades do que coletar poucos indivíduos em muitas propriedades.

4 Agradecimentos

À Cooperativa Agrícola Mista de Tomé Açu e seus cooperados participantes da pesquisa.

Referências

- [1] ALVES, R.M.; CORRÊA, J.R.V.; RODRIGO, M. Melhoramento genético do cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*) no Estado do Pará. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE PIMENTA-DO-REINO E CUPUAÇU, 1., 1996, Belém. *Anais*. Belém: EMBRAPA- CPATU; JICA, 1997. p.127-146. (Embrapa-CPATU. Documentos, 89).
- [2] ALVES, R.M.; CORRÊA, J.R.V.; GOMES, M.R.O. Avaliação preliminar de matrizes de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*) em áreas de produtores de Tomé-Açu, Pará. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 13., Feira de Santana, 1998. *Resumos*. Feira de Santana: Sociedade Brasileira de Genética, Seção Nordeste, p.359, 1998.
- [3] ALVES, R.M. *Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro Theobroma grandiflorum (Willd.ex.Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos*. Piracicaba, 2003. 146p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.
- [4] ALVES, R.M.; CRUZ, E.D. Cultivares de cupuaçuzeiro tolerantes à vassoura-de-bruxa. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2003. 4p (*Recomendações Técnicas*).
- [5] ARAÚJO, D. G.de; CARVALHO,S.P.; ALVES,R.M., Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro *Theobroma grandiflorum* (Willd.ex.Spreng.) Schum. *Ciência e Agrotecnologia*, v.26, p.13-21, 2002.
- [6] CRUZ, C.D., *Programa Genes: Análise Multivariada e Simulação*. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.
- [7] PEREIRA, M.G.; CARLLETO, G.A.; CASTRO, G.C.T. A variabilidade das características de frutos e sementes em *Theobroma cacao* L. Clones Sic e Sial. In: CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE INVESTIGACION EM CACAO, 10., 1987. Santo Domingo. *Actas...* Lagos: Cocoa Producers´Alliance, 1988. p. 581-585.
- [8] SILVA, R.M. *Estudo do sistema reprodutivo e divergência genética em cupuaçuzeiro (Theobroma grandiflorum Willd. ex Spreng.) Schum.* 1993. 151p., Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

Tabela 1 - Relação das propriedades, localização, número de plantas visitadas e identificadas e percentagem de aproveitamento por produtor, de matrizes de cupuaçuzeiro, em Tomé-Açu/PA, 2009.

Produtor	Localidade	Plantas visitadas	Plantas identificadas	%
1. Flávio Yoshimura	Canindé	700	3	0,43
2. Y. Hoshina	Canindé	2.500	11	0,44
3. Isao Tanaka	Breu 1	1.000	21	2,10
4. Jorge Itó	Breu 4.6	3.800	48	1,26
5. Kazuo Ishii	Jamic 2.3.1	500	33	6,60
6. Shigemi Kuroki	Ag. br. I	500	4	0,80
7. M. Konagano	Breu 2.3.7	2.500	92	3,68
8. M. E. Takada	Mariquita	700	14	2,00
9. Noriak Arai	Breu 2.3.7	1.300	7	0,54
10. S. Takaki	Breu 4.6	4.000	20	0,50
11. S. Hiramizu	Jamic 1.2	1.100	27	2,45
12. R. Shinomia	Canindé	10.000	61	0,61
13. T. Oneta	Breu 2.3.7	1.000	12	1,20
Total		29.600	353	1,19

Tabela 2 – Contribuição relativa de oito caracteres agrônômicos⁽¹⁾ de cupuaçuzeiro para divergência genética em 13 propriedades no município de Tomé-Açu – PA, 2009. Cálculo feito com médias não padronizadas Singh (1981).

Variável	S.j.	%
PF	2876211,62	70,02
PP	593581,42	14,45
PC	551238,78	13,42
PS	37377,079	0,91
CF	39078,628	0,95
DF	6051,2474	0,15
NF	2593,3317	0,06
SN	1528,7873	0,04

⁽¹⁾PFR= peso do fruto; PP= peso da polpa; PC= peso da casca; PS= peso da semente; CF= comprimento do fruto; DF= diâmetro do fruto; SN= semente normal.

Tabela 3- Grupos formados pelo método de Tocher a partir das distâncias euclidianas médias estimadas para 13 propriedades de cupuaçuzeiro e 8 caracteres selecionados, no município de Tomé-Açu – PA, 2009.

Grupos	Acessos
I	4 (Jorge Itó), 11 (S. Hiramizu), 10 (S. Takaki), 5 (Kazuo Ishii), 13 (T.Oneta), 7 (M. Konagano), 12 (R. Shinomia), 9 (Noriak Arai), 2 (Y. Hoshina), 3 (Isao Tanaka)
II	1 (Flávio Yoshimura), 8 (M. E. Takada.)
III	6 (Shigemi Kuroki)

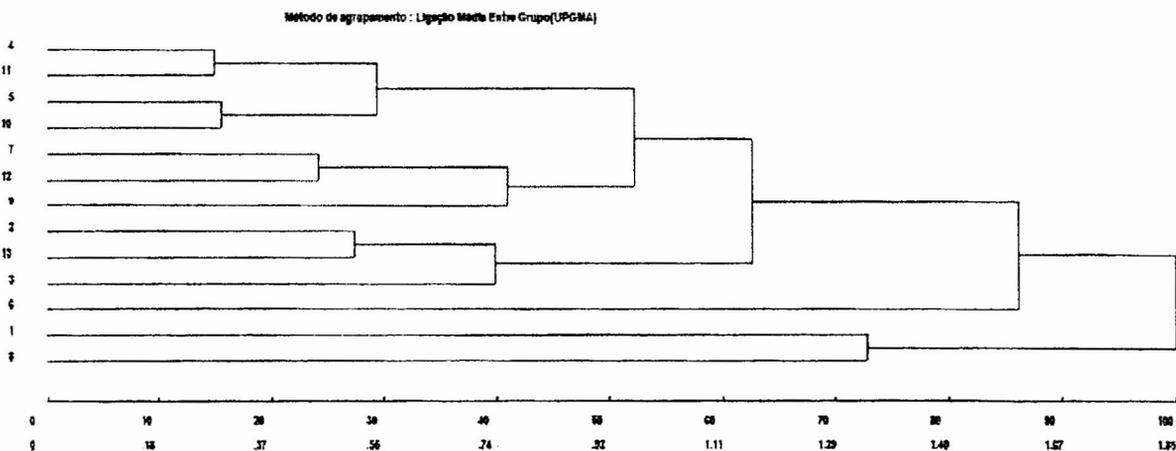


Figura 1: Dendrograma da divergência genética entre 13 propriedades de cupuaçuzeiro, gerado pelo método de agrupamento UPGMA, no município de Tomé-Açu-PA, 2009. 1 (Flávio Yoshimura), 2 (Y. Hoshina), 3 (Isao Tanaka), 4 (Jorge Itó), 5 (Kazuo Ishii), 6 (Shigemi Kuroki), 7 (M. Konagano), 8 (M. E. Takada), 9 (Noriaki Arai), 10 (S. Takaki), 11 (S. Hiramizu), 12 (R. Shinomia), 13 (T. Oneta). Ponto de corte ($dg=1,29$).