

Diversidade Genética de Aceroleiras (*Malpighia Emarginata L.*) com Base em Descritores Morfoagronômicos

Elaine Silva da Cruz¹, Cristina de Fátima Machado², Rogério Ritzinger², Maria Selma Souza Matos¹, Viviane de Oliveira Souza¹, Carlos Alberto da Silva Ledo²

Resumo

A análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas tem sido apontada como uma ferramenta útil na estimativa da divergência genética entre os acessos de uma coleção de germoplasma. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar uma coleção de germoplasma de aceroleira, com base em descritores qualitativos e quantitativos, e utilizar o algoritmo de GOWER na quantificação da divergência genética. Estudaram-se, 30 acessos de aceroleiras pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa CNPMF. Foram avaliados 8 descritores qualitativos relacionados ao fruto e a planta e 10 descritores quantitativos. Os dados foram analisados de forma conjunta pelo algoritmo de GOWER detectando-se variabilidade para os caracteres qualitativos e quantitativos. Os dois grupos formados permitiram a distinção precisa de acessos de aceroleiras.

Introdução

A acerola (*Malpighia emarginata L.*) é uma frutífera tropical, originária das Antilhas, que encontrou no Brasil condições favoráveis ao seu cultivo comercial, sendo de grande importância econômica e social devido ao seu alto conteúdo de ácido ascórbico (vitamina C) (GONZAGA NETO et al., 1995; RITZINGER et al., 2003; SALLA et al., 2002). Apesar da sua importância social e do seu elevado potencial econômico, muito pouco tem sido feito para o conhecimento e uso dessa espécie, seja na área de coleta, conservação, caracterização e avaliação de germoplasma, seja no melhoramento genético visando o desenvolvimento de cultivares ou de práticas adequadas de cultivo e manejo (GONZAGA NETO et al., 1995; PAIVA et al., 2001; RITZINGER et al., 2003; SALLA et al., 2002).

As variedades de aceroleira atualmente plantadas no Brasil apresentam produtividade e qualidade de frutos baixos, especialmente para a indústria de processamento, fato que aliado à prática ainda comum de plantio de mudas obtidas por sementes, traz prejuízos para o agricultor (SALLA et al., 2002). Em razão disso, a preservação da variabilidade genética da aceroleira, mediante a constituição de bancos de germoplasma, tem grande importância tanto do ponto de vista da conservação biológica como da aplicação no melhoramento genético. Assim, o conhecimento da variabilidade genética e da relação entre diferentes acessos de aceroleira é importante para maximizar o uso de recursos genéticos para futuros programas de melhoramento. (OLIVEIRA et al., 2009).

Os estudos a respeito de divergência genética fornecem parâmetros para a identificação de genitores favoráveis à obtenção de populações segregantes, em programas de hibridação, que favorecem a seleção de genótipos superiores e, como consequência, a obtenção de populações geneticamente melhoradas. A divergência genética, avaliada por meio de processos preditivos ou técnicas multivariadas, tem merecido destaque, uma vez que dispensam a obtenção de híbridos, como nas análises dialélicas, que requerem um grande número de cruzamentos (MIRANDA et al., 2003; CRUZ et al., 2004). O presente trabalho teve como objetivo caracterizar uma coleção de germoplasma de aceroleira, com base em descritores qualitativos e quantitativos, e utilizar o algoritmo de GOWER na quantificação da divergência genética.

Material e Métodos

Trinta acessos de aceroleiras pertencentes ao Banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura – CNPMF foram avaliados. Cada acesso foi avaliado com relação à 8 características qualitativas e 10 quantitativas presença de sulco, peso da polpa, acidez, sólidos solúveis totais (SST), SST/AT, pH, peso dos frutos, comprimento, largura, tamanho e formato de frutos, porte da planta, cor do fruto imaturo e maduro, formato de copa e cor da flor e Vitamina C).

A análise combinada dos caracteres qualitativos e quantitativos foi realizada para determinação da distância genética de GOWER 1971.

Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distâncias genéticas foram obtidos pelos métodos de Ward e UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (Sneath e Sokal, 1973). Para a definição do número de grupos utilizou-se o critério do ponto de fusão segundo Mingoti (2005). A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do cálculo do coeficiente de correlação cofenético (Sokal e Rohlf, 1962) e sua significância testada pelo teste de t de *student* a 5% de probabilidade, utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2008). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa SAS – *Statistical Analysis System* (SAS Institute, 2006) e o dendrograma de dissimilaridade pelo programa Statistica 7.1 (Statsoft, 2005).

Resultados e Discussões

O dendrograma de dissimilaridade obtido pelo algoritmo de (GOWER 1971), na avaliação das 8 características qualitativas e 10 quantitativas é apresentado na figura 1. O dendrograma baseado nas informações obtidas pelas análises simultâneas (características qualitativas e quantitativas) separou os acessos em 2 grupos (G) maiores (ponto de corte definido de acordo com os critérios propostos por MINGOTTI 2005, figura 1).

De acordo com os valores de matriz de dissimilaridade, os acessos mais próximos foram CMF 028 e CMF 054 com distância de 0,253. Os acessos mais distantes foram CMF 097 e CMF 096, (distância de 0,465). Em relação à acidez o acesso 96, os valores médios percentuais variaram de 1,06 acesso 96 a 1,18 acesso 97. No que se refere ao SST a amplitude foi de 4,4 (acesso CMF 097) à 7,0 (CMF 096) em relação a amplitude de peso de polpa essa variou de 29 acesso 96 a 74 acesso 97. Em relação a vitamina C a amplitude variou de 2172 para CMF 096 a 1111,11 para CMF 097. No que se refere ao peso de 20 frutos o menor valor foi observado para o acesso 96 cujo valor foi de 51g

As distâncias, tanto a menor quanto a maior refletem bem as características dos materiais. Em relação aos grupos formados o primeiro reuniu uma menor quantidade de acessos, enquanto que o grupo 2, reuniu a maioria dos acessos estudados quanto às características quantitativas e qualitativas avaliadas. A análise conjunta de natureza quantitativa e qualitativa permitiu uma melhor compreensão das características consideradas no estudo.

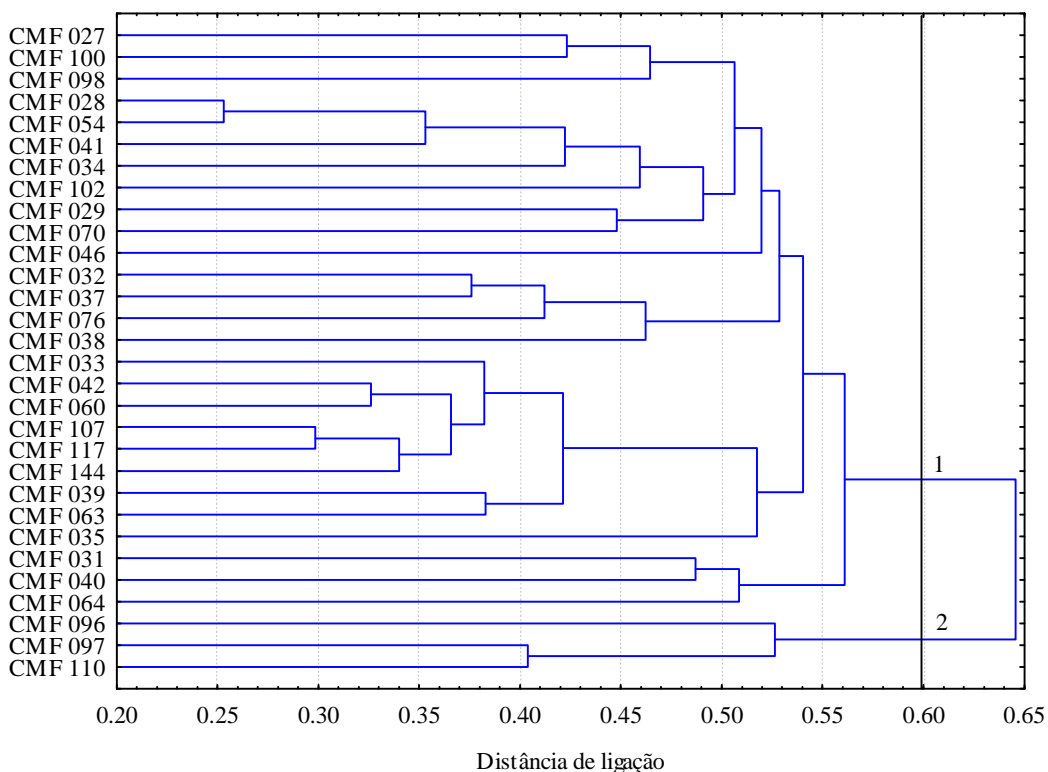


Figura1- Dendrograma construído a partir de 8 características qualitativas e 10 quantitativas, utilizando-se UPGMA de agrupamento pelo programa estatística.

Conclusão

A caracterização de germoplasma de aceroleira foi realizada de forma eficiente com uso de descritores morfoagronômicos utilizados;

A divergência genética que compõe o banco de germoplasma de aceroleira considerável, sobretudo no que diz respeito a vitamina C, podendo ser úteis em programas de melhoramento que visem à obtenção de plantas com alto teor de vitamina C;

O método de GOWER, foi eficiente na discriminação dos grupos, considerando a análise conjunta dos 18 descritores estudados, demonstrando que a análise simultânea de dados qualitativo e quantitativo é viável e pode permitir uma maior eficiência no conhecimento de divergência genética entre os acessos do Banco Ativo de aceroleira.

Agradecimentos

A FAPESB, pela concessão de bolsa de Iniciação científica, Embrapa Mandioca e Fruticultura e Vinícius ...

Referências Bibliográficas

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.223-375.

GONZAGA NETO, L; MATIUZ, B. Caracterização agrônômica de clones de aceroleira (*Malpighia* spp) na região do submédio São Francisco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v.21, n.2, p, 110115, 1999.

LOPES, R.; BRUCKNER, C.H.; FINGER, F.L.; LOPES, M.T.G. Avaliação de características do fruto de acessos de aceroleira. **Revista Ceres**, Viçosa, v.47, n.274, p.627-638, 2000.

MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MELO, A.V. de. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.681-688, 2003.

OLIVEIRA, J. R. P.; SOARES FILHO, W. S.; CUNHA, R. B. **Guia de descritores de acerola**: versão preliminar. Cruz das Almas: Embrapa – CNPMF, 1998. 22 p. (Documento. 84).

OLIVEIRA, M. G. et al. Diversidade genética de aceroleiras (*Malpighia Emarginata* D.C.), utilizando marcadores moleculares RAPD e características morfoagronômicas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal- SP, v. 31, n. 1, p.162-170, mar. 2009.

PAIVA, J.R.; ALVES, RE; ALMEIDA, AS; CORDEIRO, E.R.; PINTO, SAAA Características qualitativas dos frutos de progênies de polinização livre de acerola. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENETICA 45., 1999. Gramado, RS. **Anais...** Gramado: SBG, 1999b, p. 685.

RITZINGER, R. **O desenvolvimento da acerola**. In: ALBUQUERQUE, A C. S.; SILVA, A G. da. (Ed.). *Agricultura tropical: quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas*, Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p. 319-323.

RITZINGER, R; CASTELLEN, M. da S, **Banco ativo de germoplasma de acerola**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2007.

SALLA, M.F.S.; RUAS, C.de F.; RUAS, P.M.; CARPENTIERI-PIPOLO, V, Uso de marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* D.C.), **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 24, n. 1, p. 15-22,2002.

Cruz, C. D. . Programa Genes - Diversidade Genética. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2008. v. 1. 278 p.

Gower, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, Arlington, v. 27, n. 4, p. 857-874. 1971.

Mingoti, S. A. *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada*. Editora UFMG, Belo Horizonte, 295 p. 2005.

SAS Institute. SAS Technical Report. SAS/STAT software: Changes and Enhancement, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2006

Sneath, P. H.; Sokal, R. R. Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

Sokal, R. R.; Rohlf, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, v.11 p.33-40. 1962.

Statsoft, Inc. Statistica for Windows (data analysis software system), version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.