



DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CORRELAÇÕES ENTRE VARIÁVEIS AGROINDUSTRIAIS DA POPULAÇÃO DE TRABALHO DE CAJUÍ DA EMBRAPA MEIO-NORTE.

Resumo: O trabalho foi realizado na área experimental da Embrapa Meio-Norte, em Parnaíba, PI. A coleção de trabalho é constituída de 11 genótipos coletados em áreas de ocorrência natural da espécie no Estado do Piauí. O experimento foi delineado em blocos completos casualizados, com duas plantas por parcela e quatro repetições. As variáveis avaliadas foram: peso total do fruto, peso do pedúnculo, peso da castanha, diâmetros basal, diâmetro apical, comprimento, firmeza, vitamina C e sólidos solúveis totais. Utilizou-se a análise de agrupamento UPGMA para a separação dos genótipos. A análise da divergência genética permitiu separar os genótipos da coleção de trabalho do cajuí em três grupos geneticamente disjuntos e dentro destes grupos os genótipos: M28 e M21; M23 e M40A e o genótipo M17 podem fazer parte de uma composição de cruzamentos por apresentarem genes complementares para as variáveis consideradas.

Palavras-chave: *Anacardium spp*, análise de agrupamento, fruteira nativa,

Introdução

O Brasil é um dos países com grande diversidade em espécies de frutas tropicais, ainda pouco exploradas, mas com enorme potencial agroindustrial e nutricional. A região Meio-Norte do Brasil caracteriza-se pela diversidade de ecossistemas e pela biodiversidade, com destaque para as espécies frutíferas nativas, muitas das quais de elevado valor econômico tanto para o mercado de frutas *in natura* como para o processamento. Dentre as fruteiras nativas da vegetação litorânea do Piauí, com valor sócio-econômico, algumas merecem destaque especial, como é o caso do cajuzeiro (*Anacardium spp*). Essa espécie já é utilizada pelas populações locais na forma *in natura* ou processada, podendo ser



encontrada em feiras-livres e mercados. Além disso, o cajuzeiro é uma espécie vulnerável do ponto de vista da degradação do ecossistema (RUFINO, 2008; RUFINO et al., 2008).

Em muitas situações, principalmente aquelas voltadas para fins de melhoramento genético, tem sido comum o estudo da diversidade genética com a finalidade de identificar genitores adequados aos cruzamentos, tendo em vista a obtenção de híbridos de maiores efeitos heteróticos, que proporcionem maior segregação em recombinações e possibilitem o aparecimento de transgressivos (CRUZ et al., 2011).

O objetivo desse trabalho foi estudar a divergência genética e as correlações entre as variáveis agroindustriais dos genótipos da coleção de trabalho do cajuí visando à obtenção de população-base para o programa de melhoramento genético do cajuí na Embrapa Meio-Norte.

Material e Métodos

A população de trabalho de cajuí da Embrapa Meio-Norte é constituída de 11 genótipos coletados em áreas de ocorrência natural da espécie, no estado do Piauí. O experimento foi delineado em blocos completos casualizados com duas plantas por parcela e quatro repetições. As variáveis agroindustriais avaliadas foram: peso total do fruto (g); peso do pedúnculo (g); peso da castanha (g); diâmetro basal (mm); diâmetro apical (mm); comprimento (mm); firmeza; vitamina C (mg/100g) e sólidos solúveis totais SST (°Brix).

Utilizou-se a distância média entre clusters para separação dos genótipos experimentais. A congruência das variáveis selecionadas foi determinada através de análise de agrupamento (UPGMA) utilizando o PROC CLUSTER (method average) do SAS 9.1. A distância média entre clusters foi determinada pela distância normalizada da raiz quadrada do quadrado médio (Norm RMS Dist). O estudo da divergência genética e as correlações entre os atributos agroindustriais foram realizados utilizando o software SAS 9.1.

Resultados e Discussão

A seleção simultânea para características de natureza quantitativa pode ser facilitada com o estudo das correlações entre as variáveis. A correlação entre variáveis permite extrapolar resultados de uma variável de fácil medida e menos custosa para variáveis mais influenciadas pelo ambiente, aumentando a eficiência do processo seletivo e possibilitando a seleção indireta para esses atributos. Assim, a variável diâmetro basal pode gerar inferências para as variáveis mais complexas de natureza



genética, como peso total do fruto, peso do pedúnculo e peso da castanha e a medida do teor de sólidos solúveis totais pode extrapolar resultados para peso total, peso do pedúnculo e diâmetro basal, sendo estas características mais factíveis de erros de mensuração (Tabela 1).

Tabela 1 Matriz de correlação de Pearson das variáveis físicas e químicas dos frutos de cajuí.

	Ptotal	Pped	Pcast	Dbasal	Dapical	Cfruto	Firm	VitC	SST
Ptotal	1,0000	0,9986	0,5371	0,8886	0,6061	0,7975	-0,1098	0,1890	-0,7629
Pped		1,0000	0,4915	0,8768	0,5918	0,8048	-0,1243	0,1732	-0,7630
Pcast			1,0000	0,6459	0,5391	0,2955	0,1733	0,3823	-0,3996
Dbasal				1,0000	0,7406	0,5950	0,0005	0,3174	-0,6357
Dapical					1,0000	0,2598	-0,1310	0,2918	-0,5820
Cfruto						1,0000	-0,1964	0,3297	-0,5938
Firm							1,0000	-0,0878	0,2747
VitC								1,0000	0,2507
SST									1,0000

Peso total do fruto: Ptotal; Peso do pedúnculo: Pped; Peso da castanha: Pcast; Diâmetro basal: Dbasal; Diâmetro apical: Dapical; Comprimento do fruto: Cfruto; Firmeza do fruto: Firm; Vitamina C: VitC; Sólidos solúveis totais: SST. Valores em negrito: Significativos ao nível de 1% de probabilidade.

A separação dos genótipos pela dissimilaridade genética pode ser visualizada na Figura 1. Considerando a distância média entre clusters de 1.0, os genótipos foram separados em três grupos heteróticos disjuntos: no primeiro grupo ficaram reunidos os genótipos: M12, M27, M28 e M21. Um segundo grupo ficou constituído pelos genótipos: M14, M2, M40L, M33, M23 e M40A. O terceiro grupo heterótico isolou o genótipo M17. No grupo 1 os genótipos que apresentaram as maiores médias para as variáveis agroindustriais foram, respectivamente: M28 e M21. Os genótipos destaques do grupo 2 foram: M23 e M40A e no grupo 3 o genótipo M17 apareceu como o material genético mais promissor da coleção de trabalho do cajuí. Esses cinco genótipos são candidatos à seleção e podem ser indicados para os cruzamentos controlados visando a obtenção da população segregante do programa de melhoramento do cajuí da Embrapa Meio-Norte, onde se espera obter segregantes transgressivos reunindo os atributos agroindustriais desejados na geração de um clone ou uma variedade elite.

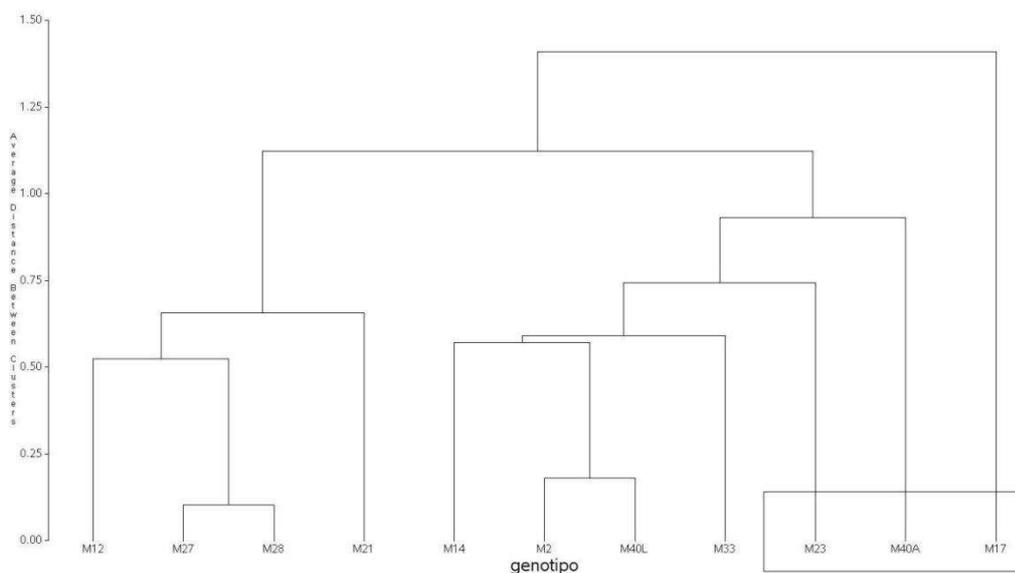


Figura 1 Agrupamento através da distância média entre clusters dos genótipos da coleção de trabalho de cajuí da Embrapa Meio-Norte com os três genótipos destaques para os atributos agroindustriais.

Conclusões

A variável diâmetro basal pode gerar inferências para as variáveis de natureza genética mais complexas como peso total do fruto, peso do pedúnculo e peso da castanha. A análise da divergência genética permitiu separar os genótipos da coleção de trabalho do cajuí em três grupos geneticamente disjuntos e dentro destes grupos os genótipos: M28 e M21; M23 e M40A e o genótipo M17 podem fazer parte de uma composição de cruzamentos por apresentarem genes complementares para as variáveis consideradas.

Referências Bibliográficas

- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F; M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2011. 620p.
- RUFINO, M.S.M.; CORRÊA, M.P.F.; ALVES, R.E.; LEITE, L.A.S. Utilização atual do cajuí nativo da vegetação litorânea do Piauí, Brasil. **Proc. Interamer. Soc. Trop. Hort.** v.52, p.147-159, 2008.
- RUFINO, M.S.M. **Propriedades funcionais de frutas tropicais brasileiras não tradicionais**. 2008. 237p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró.