



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE TRABALHO DE PINHA DA EMBRAPA MEIO-NORTE.

MARIA CLIDEANA CABRAL MAIA<sup>1</sup>; LÚCIO FLAVO LOPES VASCONCELOS<sup>2</sup>; LUÍS CLÁUDIO DE OLIVEIRA<sup>3</sup>; JOÃO PAULO BRITO SOUSA<sup>4</sup>; MARCELO SIMEÃO<sup>5</sup>; JOSÉ EDUARDO VASCONCELOS DE CARVALHO JÚNIOR<sup>6</sup>; 1,2.EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL; 3.EMBRAPA ACRE, RIO BRANCO, AC, BRASIL; 4,5,6.BOLSISTA CNPQ, TERESINA, PI, BRASIL; [zeeduardojr@hotmail.com](mailto:zeeduardojr@hotmail.com)

**Resumo:** Estudou-se a divergência genética da coleção de trabalho de pinha visando à obtenção de população-base para o seu programa de melhoramento genético na Embrapa Meio-Norte. Essa coleção de trabalho é constituída de 52 genótipos introduzidos de populações dos Estados do Piauí e Maranhão e está implantada no campo com cinco genótipos por acesso sem delineamento experimental. As variáveis avaliadas foram: massa, comprimento e diâmetros maior e menor dos frutos; massas da casca, da polpa e das sementes; porcentagem de polpa, número de sementes por fruto, sólidos solúveis totais (SST), pH, acidez total titulável (ATT) e relação SST/ATT. Utilizou-se a análise de agrupamento UPGMA para a separação dos genótipos. Considerando-se a distância média entre clusters de 1.0, os genótipos formaram cinco grupos dissimilares e aqueles que apresentem simultaneamente melhores médias para os atributos agroindustriais podem fazer parte de uma composição de cruzamentos por apresentarem seus genes complementares para as variáveis consideradas.

**Palavras-chave:** análise de agrupamento, *Annona squamosa*, ata, fruteira nativa

### Introdução

A pinha, fruta do conde ou ata (*Annona squamosa* L.) pertence à família das anonáceas. No Brasil, é considerada uma fruta exótica cuja produção vem aumentando nos últimos anos. Atualmente, os maiores produtores de pinha são os Estados de Alagoas e de São Paulo. Essa anonácea apresenta fruto de sabor muito agradável e rico em minerais e vitaminas, sendo, portanto, um bom complemento alimentar na dieta humana. Além disso, têm sido isolados compostos químicos presentes em diferentes partes da planta, como acetogeninas e alcalóides que apresentam atividades inseticidas e medicinais (CORDEIRO et al., 2000).

Existem muitas limitações para exploração comercial de fruteiras potenciais para o Nordeste brasileiro, sendo que essa espécie ainda não foi domesticada e vem sendo explorada de forma



desorganizada. Caracterizar, identificar e preservar genótipos promissores, além de intensificar o melhoramento genético dessa espécie, são estratégias necessárias para incluí-la como alternativa viável para exploração racional (SILVA et al., 2009).

Segundo Araújo et al. (1999), no Brasil, ainda não estão definidas variedades de pinheira e os estudos nessa área são escassos. Acrescentam esses autores que a predominância da propagação da cultura via semínifera tem originado uma grande variabilidade genética.

Para essa espécie a Embrapa Meio-Norte mantém uma população de trabalho que está sendo caracterizada agronomicamente com o objetivo de identificar genótipos mais produtivos, de melhor qualidade, resistentes a pragas e doenças e adaptados às condições agroecológicas do Nordeste Ocidental do Brasil. Está sendo formada população-base para o estabelecimento de programas de melhoramento genético que atendam à crescente demanda por cultivares melhoradas.

O objetivo desse trabalho foi estudar a divergência genética da coleção de trabalho de pinha visando à obtenção de população-base para o programa de melhoramento genético da pinha na Embrapa Meio-Norte.

### **Material e Métodos**

A coleção de trabalho da pinha da Embrapa Meio-Norte é constituída de 52 genótipos introduzidos de populações dos Estados do Piauí e Maranhão. O material genético está implantado no campo com cinco genótipos por acesso sem delineamento experimental.

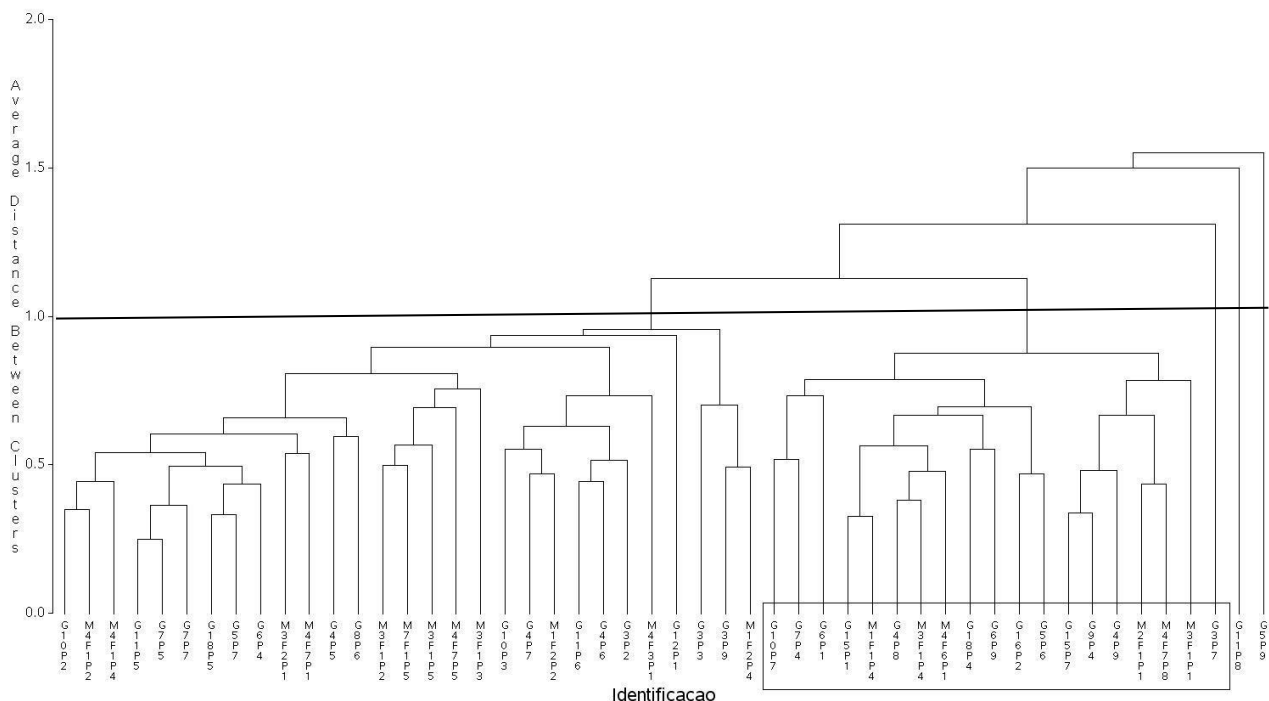
As variáveis agroindustriais avaliadas nos genótipos foram: massa do fruto (g), realizada através da pesagem dos frutos colhidos; comprimento do fruto (mm), diâmetros maior e menor do fruto (mm), medidos com paquímetro digital; massas da casca, da polpa e de sementes (g), porcentagem de polpa (%), número de sementes por fruto, sólidos solúveis totais (SST), pH, acidez total titulável (ATT) e relação SST/ATT. A avaliação de SST foi feita por refratometria, realizada com um refratômetro, expressando-se o resultado em °Brix, sendo realizado em frutos em estágios de completa maturação.

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 - unweighted pair-group method using arithmetic average (método não ponderado de agrupamento usando a média aritmética) 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 foi realizado utilizando o software SAS 9.1.

## Resultados e Discussão

Os agrupamentos pela distância média entre clusters para separação dos genótipos de pinha da coleção de trabalho da Embrapa Meio-Norte podem ser visualizados na Figura 1.



**Figura 1** Agrupamento através da distância média entre clusters dos genótipos da coleção de trabalho de pinha da Embrapa Meio-Norte.

Considerando-se a distância média entre clusters de 1.0 (Figura 1), os genótipos G10P2, M4F1P2, M4F1P4, G11P5, G7P5, G7P7, G18P5, G5P7, G6P4, M3F2P1, M4F7P1, G4P5, G8P6, M3F1P2, M7F1P5, M3F1P5, M4F7P5, M3F1P3, G10P3, G4P7, M1F2P4, G11P6, G4P6, G3P2, M4F3P1, G12P1, G3P3, G3P9, M1F2P2 e G10P7, G7P4, G6P11, G15P1, M1F1P4, G4P8, M3F1P4, M4P6P1, G18P4, G6P9, G16P2, G5P6, G15P7, G9P4, G4P9, M2F1P1, M4F7P8 e M3F1P1 formaram dois grupos maiores, onde se espera que haja similaridade genética entre os materiais genéticos que os



compõem. Os genótipos G3P7, G11P8 e G5P9 apareceram isolados em três grupos disjuntos geneticamente. 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 ao cruzamento, 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).

### Conclusões

Os genótipos da coleção de trabalho da pinha da Embrapa Meio-Norte formam cinco grupos dissimilares e aqueles que apresentem simultaneamente melhores médias para os atributos agroindustriais podem fazer parte de uma composição de cruzamentos por apresentarem seus genes complementares para as variáveis consideradas.

### Referências Bibliográficas

- ARAÚJO, J.F.; ARAÚJO, J.F.; ALVES, A.A.C. **Instruções técnicas para o cultivo da pinha (*Annona squamosa* L.)**. Salvador: EBDA, 1999. 44p. (Circular Técnica, 7).
- CORDEIRO, M.C.R.; PINTO, A.C.Q.; RAMOS, V.H.V. **O cultivo da pinha, fruta do conde ou ata no Brasil**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2000. 52p. (Circular Técnica, 9).
- CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2011. 620p.
- SILVA, S.A.; DANTAS, A.C.V. L.; COSTA, M.A.P. C.; FERREIRA, C.F.; FONSECA, A.A.O. **Caracterização de genótipos de fruteiras potenciais para o Nordeste brasileiro**. Tópicos em ciências agrárias. Cruz das Almas: Universidade Federal do Recôncavo da Bahia- UFRB, 2009. v.1, p.17-24.