



ANAIS - II CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

11-SESSÃO PÔSTER 01

25/09/2012 17:30-18:30

CAMAROTE A/B

[Trabalho 156]



**Clique para abrir o Artigo Completo/Click
to open the paper**

VEGETAL

**VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE BABAÇU (ORBIGNYA PHALERATA MART.)
POR MARCADORES MORFOLÓGICOS.**

MICHELLI FERREIRA DOS SANTOS¹; CAMILA CAMPÊLO DE SOUSA²; MARIANA APARECIDA CARVALHAES³;

KAESSEL JACKSON DAMASCENO E SILVA⁴; PAULO SARMANHO DA COSTA LIMA⁵;

1.UFPI/EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL; 2.UFPI, TERESINA, PI, BRASIL; 3,4,5.EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA, PI, BRASIL;

michelly_m_santos@yahoo.com.br

Resumo:

Resumo: Com objetivo de avaliar a diversidade genética entre populações naturais de babaçu a partir de caracteres morfoagronômicos foram mensurados no período de março a dezembro de 2010, os seguintes dados: número de cachos/planta (NCP, und), circunferência do estipe ao nível do solo (CAS, cm), circunferência do estipe ao nível do peito (CAP, cm), altura do estipe (ALT, cm), peso dos frutos/planta (PFP, g), peso das amêndoas/planta (PAP, g), relação peso das amêndoas/peso dos frutos (PAPF, g), números de frutos/planta (NFP, und), peso médio dos frutos (PMF, g), números de amêndoas (NAM, und) e peso médio das amêndoas (PMA, g). Foram realizadas análises multivariadas para a obtenção das estimativas de divergência genética por meio do método da distância Euclidiana Média Padronizada. Com base na matriz de distâncias gerada foi realizado o agrupamento dos indivíduos e das populações pelo Método Aglomerativo de Tocher e UPGMA. Existe variação genética entre os genótipos estudados com base nos caracteres morfoagronômicos, mostrando o potencial dos materiais para uso em trabalhos de melhoramento.



VARIAÇÃO GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATURAIS DE BABAÇU (*Orbignya phalerata* Mart.) POR MARCADORES MORFOLÓGICOS

Resumo: Com objetivo de avaliar a diversidade genética entre populações naturais de babaçu a partir de caracteres morfoagronômicos foram mensurados no período de março a dezembro de 2010, os seguintes dados: número de cachos/planta (NCP, und), circunferência do estipe ao nível do solo (CAS, cm), circunferência do estipe ao nível do peito (CAP, cm), altura do estipe (ALT, cm), peso dos frutos/planta (PFP, g), peso das amêndoas/planta (PAP, g), relação peso das amêndoas/peso dos frutos (PAPF, g), números de frutos/planta (NFP, und), peso médio dos frutos (PMF, g), números de amêndoas (NAM, und) e peso médio das amêndoas (PMA, g). Foram realizadas análises multivariadas para a obtenção das estimativas de divergência genética por meio do método da distância Euclidiana Média Padronizada. Com base na matriz de distâncias gerada foi realizado o agrupamento dos indivíduos e das populações pelo Método Aglomerativo de Tocher e UPGMA. Existe variação genética entre os genótipos estudados com base nos caracteres morfoagronômicos, mostrando o potencial dos materiais para uso em trabalhos de melhoramento.

Palavras-chave: *Attalea speciosa*, fenotípica, dendrograma, dissimilaridade

Introdução

O babaçu, *Orbignya phalerata* Mart., é uma espécie de grande importância ecológica e econômica na região Meio-Norte do Brasil, onde é encontrada em grande abundância. Devido a sua vasta utilização pela população local há necessidade que sejam traçadas estratégias nas populações dessa palmeira. Para isso, é necessário o conhecimento de como a variabilidade genética encontra-se distribuída nestas populações.

As técnicas multivariadas estão entre os métodos estatísticos que permitem quantificar a diversidade genética existente nas espécies, identificar grupos similares ou dissimilares e ainda otimizar o uso dessa diversidade pela identificação dos caracteres mais informativos para a divergência genética (CRUZ et al., 2004). Dentre as análises multivariadas mais comumente usadas para o estudo da divergência genética, destacam-se o método da distância Euclidiana Média Padronizada, o Método Aglomerativo de Tocher e a Ligação média entre Grupos (UPGMA).



Apesar da sua importância econômica, existem poucos estudos no que diz respeito a seus aspectos morfológicos e genéticos, o que torna, portanto, necessário aumentar o conhecimento sobre esta espécie, e dessa forma contribuir para sua conservação. Assim, objetivou-se estudar a diversidade genética entre populações naturais de babaçu a partir de caracteres morfoagronômicos.

Material e Métodos

O estudo foi realizado em três populações naturais de *O. phalerata* em diferentes condições de manejo localizadas nos municípios de Teresina, Esperantina e José de Freitas, no estado do Piauí. Foram amostradas 20 palmeiras em cada população natural de *O. phalerata* em estágio reprodutivo, a amostragem foi do tipo aleatória simples obedecendo a uma distância de 50m de uma palmeira a outra.

Foram mensurados de cada palmeira os seguintes caracteres: número de cachos/planta (NCP, und), circunferência do estipe ao nível do solo (CAS, cm), circunferência do estipe ao nível do peito (CAP, cm), altura do estipe (ALT, m), peso dos frutos/planta (PFP, g), peso das amêndoas/planta (PAP, g), relação peso das amêndoas/peso dos frutos (PAPF, g), números de frutos/planta (NFP, und), peso médio dos frutos (PMF, g), número de amêndoas (NAM, und) e peso médio das amêndoas (PMA, g). Em virtude das diferentes escalas de mensuração dos dados originais, esses foram padronizados e, em seguida, foram realizadas análises multivariadas para a obtenção das estimativas de divergência genética por meio do método da distância Euclidiana Média Padronizada. Com base na matriz de distâncias gerada foi realizado o agrupamento dos indivíduos e das populações pelo Método Aglomerativo de Tocher e UPGMA. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006) e PAST v.1.34 (HAMMER et al., 2001).

Resultados e Discussão

As distâncias entre os pares de genótipos variaram de 0,14 a 3,61, com média de 1,31, cuja maior divergência foi encontrada entre os genótipos JF57 (José de Freitas) e E24 (Esperantina), com 3,61, ao passo que a menor dissimilaridade registrada nesse estudo foi de 0,14 entre os genótipos JF58 e JF59, ambos de José de Freitas.

O agrupamento pelo método de Tocher, aplicado sobre a matriz de dissimilaridade, promoveu a formação de três grupos (Tabela 1).

Tabela 1 - Agrupamento dos 60 genótipos de babaçu, formados pelo agrupamento de Tocher a partir das Distâncias Euclidianas padronizadas.

Grupos	Genótipos
I	JF58, JF59, JF47, T11, JF44, T13, T18, JF45, T10, JF48, T3, JF29, JF46, E25, E22, JF52, JF42,



E27, T1, T8, JF55, JF50, JF43, E36, E39, E21, T14, E38, JF51, T9, T2, T12, T4, T7, JF53, T6, T15, E30, E33, JF56, E35, E26, E28, T16, E27, T20, T19, JF54, E31, JF60, E23, E29, E32, E34, JF57, T17, E40, JF41

II T5
III E24

O grupo I apresentou mais de 96,6% dos genótipos com representantes das três populações, ao passo que os grupos II e III foram formados por apenas um genótipo cada, enquanto o grupo II foi representado pelo genótipo T5, que apresenta o maior peso médio por fruto, ao tempo que o genótipo formado pelo grupo III, E24, além de apresentar maior divergência, apresenta as melhores respostas em relação às variáveis analisadas, tais como, o maior número de cachos/planta (NCP), a maior média de peso do fruto/planta (PFP), maior peso das amêndoas/planta (PAP), maior número de frutos e maior número de amêndoas. Esse genótipo foi o mais promissor com relação aos parâmetros produtivos e pode ser usado como futuro genitor. Conforme relatado por Abreu et al. (2001) e Carpentieri-Pípolo et al. (2000), as melhores combinações híbridas a serem testadas em um programa de melhoramento, devem envolver parentais tanto divergentes como de elevada performance média.

Pela análise de agrupamento hierárquico aglomerativo por meio do método UPGMA que se baseia na Distância Euclidiana Média, observou-se valor cofenético alto e significativo ($r = 0,90$), o que mostra fidelidade na representação do conjunto de dados (Figura 1).

Ao se comparar os agrupamentos obtidos pelos métodos Tocher e UPGMA percebe-se alta concordância entre os grupos formados. No grupo I, assim como no agrupamento de Tocher, contempla a maioria dos genótipos, ao passo que no grupo II além do genótipo T5 que se apresentou isolado no método de Tocher, aparece agrupado com os genótipos E40, JF41 e T17. Interessante destacar que nesse grupo tiveram genótipos de todos os locais, indicando que para as características avaliadas, existiu variabilidade suficiente nas populações. O genótipo E24 apresentou-se novamente isolado no grupo III.

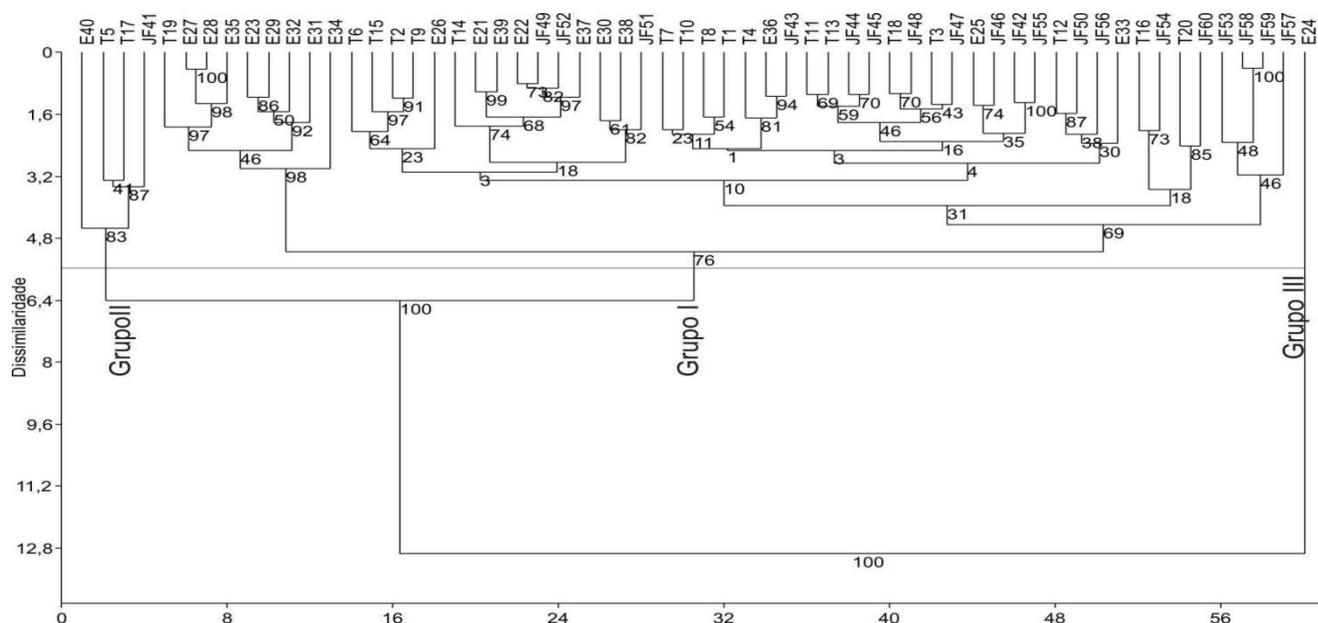


Figura 1 - Dendrograma baseado nas Distâncias Euclidianas Médias entre os 60 indivíduos de *Orbignya phalerata* Mart., obtido pelo método UPGMA, a partir dos 11 caracteres avaliados, Teresina (T), Esperantina (E), José de Freitas (JF).

Conclusão

Existe variação genética entre os genótipos estudados com base nos caracteres morfoagronômicos, mostrando o potencial dos materiais para uso em trabalhos de melhoramento.

Referências Bibliográficas

- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Selection potential for seed yield from intra and inter-racial populations in common bean. **Euphytica**, v. 108, p. 121-127, 2001.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C.; GONZALES, M. G. N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F. A. M. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 1613-1619, 2000
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV. 2006. 175p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa, MG, UFV, v. 1, 2004, 480 p.
- HAMMER, O.; HARPER, D.A.T.; P.D.R. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica**, v.4, n.1, 2001. 9pp.