

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

**SELEÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) DEFINIDOS POR MARCADORES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES**

**GEAN CARLO SOARES CAPINAN**

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA**  
**MARÇO - 2007**

**SELEÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) DEFINIDOS POR MARCADORES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES**

**GEAN CARLO SOARES CAPINAN**

Engenheiro Agrônomo

Escola de Agronomia da Universidade Federal da Bahia, 2004.

Dissertação submetida à Câmara de Ensino de Pós-Graduação e Pesquisa da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Ciências Agrárias, Área de Concentração: Fitotecnia.

**Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Simone Alves Silva**

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA - 2007

## FICHA CATALOGRÁFICA

C243 Capinan, Gean Carlo Soares

Seleção de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) definidos por marcadores morfológicos e moleculares / Gean Carlo Soares Capinan - Cruz das Almas - BA, 2007.

88f.: il., tab., graf.

Orientadora: Simone Alves Silva.

Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

1. *Hancornia speciosa* Gomes - Dissimilaridade 2. RAPD 3. Mangaba - caracterização física e química. I. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas II. Título.

CDD 20.ed. 634.4

## COMISSÃO EXAMINADORA

---

Dr.<sup>a</sup> Simone Alves Silva  
Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas - UFRB  
(Orientadora)

---

Dr.<sup>a</sup> Cláudia Fortes Ferreira  
Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical

---

Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira  
Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas - UFRB

Dissertação homologada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em  
Ciências Agrárias.....

Conferindo o Grau de Mestre em Ciências Agrárias em.....

A Deus,

À minha família,

Principalmente à minha mãe Nilda Soares Capinan e meu pai Alfredo Ferreira Capinan (*in-memorian*), que sempre buscou me apoiar em todas as minhas decisões, contribuindo, na sua totalidade, para a concretização desse sonho.

Dedico

Aos meus Irmãos José Waldson, José Walter, Antonio Vander, Ricardo e Simone.

Ofereço

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus por estar sempre auxiliando e guiando meus passos.

Aos meus sobrinhos (Sávio, Sirlley, Luana, Waldson Jr., Wanderson, Alfredo Neto) aos meus afilhados (Brendo José, Sirlan Manoel e Izzadora Cecília) as minhas cunhadas (Maria Ivete e Maria Jussimeire), pelo carinho e confiança no meu potencial.

A Ana Paula Santiago de Oliveira pelo companheirismo e a seus pais Antonio Oliveira e Petronilia (Tia Ninha), que sempre me deram apoio e força, para que eu realizasse este trabalho.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB (antiga escola de Agronomia da UFBA) pela oportunidade de ter realizado o Curso de Mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (Fapesb) pela concessão da bolsa e apoio financeiro ao Projeto de Pesquisa.

À Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical pelo apoio e infra-estrutura concedida.

À Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup>. Simone Alves Silva pela doutrina, atenção e convívio amigável prestado durante a orientação.

Ao Professor MSc. Antonio Augusto de Oliveira Fonseca pela co-orientação, e colaboração nas análises químicas.

A pesquisadora da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Dr<sup>a</sup>. Claudia Fortes Ferreira pelo profissionalismo e ensinamentos proporcionados durante a realização desta pesquisa como co-orientadora.

A Rodrigo Brito Saldanha, que sempre mostrou disponibilidade na coleta de material para estudo e na análise física dos frutos.

Aos estagiários do grupo NBIO, Adilson Nunes da Silva e Fábio Garcia Ribeiro pelo apoio no desenvolvimento do trabalho.

Em especial a Elaine Conceição Cunha e Janaina Nunes de Almeida que não mediram esforços para auxiliar nas análises químicas.

Aos Laboratoristas e estagiários do Laboratório de Virologia e Biologia Molecular da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical (Epaminondas do Patrocínio, Raimundo Pereira da Silva, Vânia Jesus dos Santos e Kátia Nogueira Pestana).

A Bibliotecária Isaelse dos Santos Silva, pela ajuda na revisão bibliográfica.

A todos os colegas de curso, principalmente a Candice Brito Arnaldo Libório, Augusto César, Edvânia Vieira, Lauro Saraiva, Márcio Gil Andrade, Tâmara Barreto, Caroline Costa, Luzia Angélica e Jamile Sousa pelos momentos de descontração.

Aos meus amigos Cleide Alves Chagas e Raimundo, Genilda Lima, Rafael Marques Nogueira, Tatiane da Silva Amorim, Andréa Nunes da Cunha, Zuzinaide Vidal Bomfim, Cláudia Souza e Suellen Fernandes Francisco pelo convívio amigável durante esta caminhada e por estarem sempre torcendo pelo meu sucesso.

Aos Senhores Francisco de Assis Santana (Ouriçangas-BA), César de Oliveira Costa (Conde-BA) e Neto (Nova Soure-BA), que nos deu auxílio nas regiões de coleta.

Aos moradores, produtores que cederam os frutos para o desenvolvimento deste trabalho.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para o desenvolvimento desta dissertação.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO .....	01
<b>Capítulo 1</b>	
DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA.....	11
<b>Capítulo 2</b>	
DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA.....	32
<b>Capítulo 3</b>	
MARCADORES MOLECULARES E MORFOLÓGICOS NA DISTINÇÃO DE MATRIZES SUPERIORES DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA.....	56
CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	86



# SELEÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) DEFINIDOS POR MARCADORES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES

Autor: Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Simone Alves Silva

**RESUMO:** Os objetivos do presente trabalho foram avaliar 70 genótipos de mangabeiras (*Hancornia speciosa* Gomes) de três regiões do Estado da Bahia, identificar matrizes com superioridade para caracteres de interesse agrônomo, estudar sua dissimilaridade genética por meio da técnica de marcadores moleculares e morfológicos e estabelecer um jardim clonal para trabalhos de conservação e melhoramento da espécie. Foram coletados frutos e folhas nos municípios de Conde, Nova Soure e Ouriçangas. De cada genótipo foram coletados 40 frutos, sendo avaliado o diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), a massa do fruto (MF), da semente (MS), e da polpa (MP), o rendimento de polpa (RP%) e o número de sementes (NS). Nas análises químicas as variáveis estudadas foram: teor de ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e relação sólidos solúveis total/acidez total titulável (SST/ATT). Na avaliação molecular foi possível selecionar 32 *primers* produzindo um total de 407 bandas evidentes, sendo 257 polimórficas e 150 monomórficas. A média de bandas polimórficas por *primer* foi de 8,03, onde os *primers* OPAE-11 e OPD-07 foram os mais polimórficos apresentando 13 bandas cada e o OPA-16 menos polimórfico, apresentando 4 bandas. Os genótipos CO<sub>02</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub> e o OU<sub>20</sub>, foram os que apresentaram maior conjunto de descritores agrônômicos superiores, onde juntamente com a técnica de marcadores moleculares, evidenciou a variabilidade existente na espécie, permitindo selecionar materiais dissimilares geneticamente para serem utilizados no programa de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilaridade.

## **SELECTION OF MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* Gomes) GERMOPLASM USING FOR MOLECULAR AND MORPHOLOGICAL MARKERS**

Autor: Gean Carlo Soares Capinan

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Simone Alves Silva

**ABSTRACT:** The objective of the present work was to evaluate 70 mangabeira genotypes from three regions of Bahia and identify mother plants with important agronomic traits and study the genetic variability using morphological and molecular markers aiming the establishment of a clonal garden for conservation and improvement of the species. Fruits and leaves were collected in the counties of Conde, Nova Soure and Ouriçangas. Forty fruits were collected from each genotype whereas the longitudinal diameter (LDF), transversal diameter of fruit (TDF), fruit mass (FM), seed mass (SM), pulp mass (PM), pulp yield (PY%) and number of seeds (NS) were evaluated. For the chemical analysis the following variables were studied: ascorbic acid content (vit C), total tritable acidity (TTA), total soluble solids (TSS), hydrogen potential (pH), total sugars (TS), reducing sugars (RS), non reducing sugars (NRS) and total soluble solids/total tritable acidity ratio (TSS/TTA). For the molecular characterization, 32 primers that produced a total of 407 visible bands, whereas 257 were polymorphic and 150 were monomorphic, were selected. The average of polymorphic bands per primer was 8.03 whereas the OPAE-11 and OPD-07 were the most polymorphic, presenting 13 bands each and the least polymorphic, OPA-16, presenting four bands. The, CO<sub>02</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub> and OU<sub>20</sub> genotypes presented the largest group with superior agronomic descriptors whereas along with the molecular marker technique, demonstrated the variability within the species, enabling the selection the genetically dissimilar materials to be used in the mangaba breeding program.

**Key-words:** *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilarity.

## INTRODUÇÃO

A fruticultura é um dos segmentos da economia brasileira mais destacada e em contínua evolução. Atende um mercado interno em constante crescimento, e, a cada dia, vem ganhando espaço no mercado internacional, com frutas tropicais, subtropicais e de clima temperado, aumentando o volume das exportações, o número de empresas exportadoras, as variedades de frutas exportadas e os países de destino das exportações.

O Brasil cultiva frutíferas de clima temperado (Sul e Sudeste) e de clima tropical e subtropical (Centro-Oeste, Sudeste, Norte e Nordeste), colocando-se em posição privilegiada em relação às demais nações do mundo, existindo ainda grande potencial para algumas frutas nativas das diversas regiões do país. Deve-se salientar que estas frutas nativas são excelentes fontes nutricionais para as populações de baixa renda, além de contribuir para um reforço no orçamento destas famílias que através do extrativismo comercializam estas frutas junto à população local.

A vantagem de se utilizar frutas nativas é muito grande, pois além destas plantas já estarem adaptadas ao clima e solo da região, possuem um mercado regional garantido, com possibilidade de expansão.

Dentre as fruteiras nativas da região Nordeste de maior interesse pelas agroindústrias, a mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), frutífera da família das Apocynaceae, vem se destacando dentre as demais. É uma planta que vegeta em áreas de grande insolação, temperatura média de 25°C e pluviosidade de 750 a 1.500 mm anuais. É tolerante a períodos de déficit hídrico, e nas épocas de temperaturas mais elevadas e de menor umidade relativa do ar apresenta melhor desenvolvimento vegetativo, podendo ser encontrada em altitudes que variam do nível do mar a até mais de 1.500 metros (Lederman et al., 2000), sendo

típica das restingas do litoral nordestino e dos cerrados do Centro-Oeste (Vieira Neto, 1993). É uma árvore de porte médio (4 a 7 m de altura), podendo chegar até 15 m, de crescimento lento e copa ampla. O caule é rugoso e pode apresentar de 2 a 3 bifurcações, com 0,2 a 0,3 m de diâmetro.

É uma planta alógama (Dias e Maranhão, 1994) e apresenta até duas florações e frutificações durante o ano. Vieira Neto (1993) relata que a frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade entre novembro e junho. As folhas apresentam limbo foliar de forma lanceolada de tipo oblongo-lanceolada (Sousa et al., 2006).

O fruto do tipo baga é elipsoidal ou arredondado de 2,5 a 6,0 cm, exocarpo amarelo com manchas ou estrias avermelhadas, contendo geralmente 2 a 15 ou até 30 sementes, apresentando alto rendimento de polpa. Parente et al. (1985), avaliando sete frutos de mangaba no estágio maduro, obtiveram médias de 38,70 g por fruto, 2,71 cm (diâmetro transversal), 3,64 cm (diâmetro longitudinal) e rendimento de polpa de 56,67%, sendo este último o caráter mais importante devido ao maior interesse comercial.

Por apresentar um sabor e aroma característico a polpa é consumida *in natura* ou utilizada como matéria prima para o preparo de geléias, doces, xaropes, compotas, vinhos, vinagres e principalmente suco e sorvete, indicando assim um enorme potencial para o incremento da agroindústria brasileira (Mattietto et al., 2003).

É uma cultura pouco exigente podendo, desta maneira, explorar de forma satisfatória solos arenosos, ácidos, pobres em nutrientes e matéria orgânica, com baixa retenção de água (Vieira Neto, 2002).

A crescente demanda pelos produtos derivados da mangabeira confirma o potencial agro-sócio-econômico de exploração da espécie, o que poderá gerar empregos fixos em cultivo tecnificados dos pomares e nas agroindústrias de processamento. No entanto, há necessidade de pesquisas para solucionar os problemas tecnológicos que impossibilitam a exploração comercial dessa fruteira, como por exemplo: os métodos de propagação, porte da árvore, forma de colheita, manejo, sistemas de plantio, são algumas das barreiras que causam algum tipo de problema para implantação de pomares comerciais, e para tanto, existe a necessidade de estudos para sua caracterização e conseqüente seleção de genótipos de interesse econômico.

## **Centro de Diversidade**

A mangabeira é uma planta originária do Brasil e ocorrendo nos seguintes centros de diversidade, propostos por Giacometti (1993): Centro 2 - costa Atlântica e Baixo Amazonas (Pará e Amapá); Centro 6 - Nordeste / Caatinga (tabuleiros); Centro 8 - Brasil Central / Cerrado; Centro 9 - Mata Atlântica sobretudo os setores 9A (ecossistemas da costa do Rio Grande do Norte a Alagoas) e 9B (litoral de Sergipe ao Espírito Santo); Centro 10 - Brasil (Mato Grosso e Mato Grosso do Sul) / Paraguai, que inclui o complexo do Pantanal.

Fora do Brasil essa fruteira é praticamente desconhecida, embora se saiba que ocorra também na Venezuela, Peru, Bolívia, Paraguai e provavelmente no chaco argentino (Monachino, 1945). Por outro lado, é nas áreas de cerrado, Centro-Oeste, nos tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas do Nordeste que a mangabeira apresenta maior diversidade, e onde se processa o seu mais intenso extrativismo.

## **BOTÂNICA E ECOLOGIA**

### **Denominação e Taxonomia**

A palavra mangaba é de origem indígena (mã'gawa), e segundo Ferreira (1973) significa "coisa boa de comer". Braga (1960) a menciona como "corruptela de mongaba", que significa grude ou visgo, em alusão ao látex da planta. De acordo com Monachino (1945), os índios tupis a chamavam de tembiú-catu e os guaranis do Paraguai, de mangai-icé. Ainda conforme esse autor, algumas variantes do nome mangaba são usadas no Brasil, como mangaíba, mangareíba, mangava, mangaúva e manguba.

A mangaba ou mangabeira pertence à classe Dicotyledoneae, ordem Gentinales, família Apocynaceae e a espécie *Hancornia speciosa* Gomes.

## **MARCADORES MORFOLÓGICOS**

Os marcadores morfológicos ou características fenotípicas são utilizados desde os tempos de Mendel em seus estudos de genética e evolução. Sax (1923, apud Carneiro, 2002) estudando o peso médio de grãos em feijão, fez a primeira tentativa de caracterização de loci envolvidos na expressão de um caráter quantitativo. Apesar de diferentes caracteres poderem ser utilizados como marcadores morfológicos, o efeito do ambiente, a ação gênica, a pleiotropia e epistasia são fatores que podem complicar a sua avaliação. Entretanto, diversos pesquisadores têm utilizado caracteres morfológicos para caracterização de germoplasma.

Os marcadores morfológicos, por serem simples e práticos, permanecem até hoje como sendo a ferramenta mais utilizada na identificação das plantas, mesmo que na sua maioria estejam ligados a características de plantas adultas como flores, frutos e sementes (Hoyt, 1992). A avaliação de variabilidade genética em espécies selvagens e cultivadas por muito tempo foi estimada por meio da variabilidade morfológica (Rick, 1978).

A separação é realizada por meio da morfologia externa da planta e os grupos resultantes devem ser reconhecidos visualmente sendo, no entanto as características do fruto que apresentam diferenças em uma grande variedade de caracteres notáveis como forma, cor, tamanho, peso de sementes o que apresenta maior variabilidade morfológica (Rick, 1978; Rick et al., 1990).

Hoje os marcadores morfológicos e os moleculares são utilizados como ferramentas que se complementam na avaliação da variabilidade genética de determinada população. A combinação de dados morfológicos com moleculares torna a avaliação mais completa e precisa (Rick e Yoder, 1988).

## **MARCADORES MOLECULARES**

Os primeiros marcadores utilizados pelos naturalistas para identificação, descrição e classificação dos seres vivos foram os morfológicos (Muhlens et al., 2000). Esses marcadores são controlados por genes associados a caracteres morfológicos, em geral de fácil identificação visual. Conforme relata Castellen

(2000) os marcadores morfológicos apresentam a desvantagem de serem controlados por um baixo número de loci e, também, poucas espécies apresentarem características de fácil identificação com herança mendeliana simples. Outras desvantagens são presença de um pequeno número de marcadores morfológicos ligados a genes de importância econômica e o fato desses marcadores somente serem identificados, em sua maioria, na planta adulta (Ferreira e Gratapaglia, 1998). Entretanto, deve-se destacar que os marcadores morfológicos contribuíram significativamente para o estabelecimento dos princípios teóricos do mapeamento genético e da análise de ligação gênica (Guimarães e Moreira, 2001). Com o desenvolvimento dos marcadores isoenzimáticos, seguido pelo uso de técnicas de biologia molecular, ocorreu o surgimento de métodos para detecção de polimorfismo genético diretamente no DNA; assim, o número de marcadores genéticos disponíveis aumentou significativamente (Ferreira e Gratapaglia, 1998).

A facilidade, rapidez, versatilidade e sensibilidade da PCR (Polymerase Chain Reaction) a tornaram uma ferramenta poderosa para estudos genético-moleculares envolvendo grande número de indivíduos de qualquer organismo vivo.

Um das variações da técnica de PCR descrita por Saiki et al. (1985) é a tecnologia do RAPD (Polimorfismo do DNA Amplificado ao Acaso) (Williams et al., 1990). A técnica do RAPD consiste na extração do DNA de indivíduos, amplificação de fragmentos destes DNAs pela técnica de PCR, separação de fragmentos amplificados de comprimentos diferentes por eletroforese em gel de agarose e visualização de bandas por meio de coloração dos fragmentos de DNA com brometo de etídio, diretamente no gel (Sakiyama, 1993).

A técnica de RAPD é considerada simples e aplicável a qualquer tipo de organismo, sendo largamente utilizada para avaliação da diversidade genética e para estudos e estratégias de conservação genética de espécies (Ferreira e Gratapaglia, 1998).

Os marcadores moleculares RAPD têm sido utilizados em grande número de espécies como, por exemplo, na detecção de variação somaclonal em calos e regenerantes de alho (Matiello, 1996), na seleção de genitores de feijão (Machado, 1999), no estudo da diversidade de repolho (Cansian et al., 2000), entre outros.

Os dados oriundos dos marcadores moleculares, entre outras aplicações, podem fornecer uma estimativa de distâncias ou similaridades genéticas que quantificam o grau de diferenciação entre dois táxons. Portanto, permitem a transformação de toda a informação genética disponível sobre as relações entre dois táxons em um único número que pode ser utilizado para proporcionar uma classificação objetiva e estável, tanto quanto possível, dos itens sob estudo (Telles et al., 2001).

## **DIVERGÊNCIA GENÉTICA**

O melhoramento de plantas só ocorre com base na variabilidade genética. Os indivíduos de uma população de plantas geralmente diferem entre si em diversos caracteres, sendo que esta variabilidade pode ser determinada pelos efeitos genéticos e do ambiente. Na escolha de genitores, o melhorista seleciona plantas de seu interesse e realiza a hibridação esperando que ocorra segregação na progênie. Geralmente, a escolha está fundamentada na diferença entre os pais principalmente para as características de interesse pois, quanto maior for à distância genética, maior será a segregação, e, portanto, maiores as possibilidades da ocorrência de genótipos superiores com constituições ajustadas ao ambiente.

A variabilidade genética existente dentro e entre as espécies de plantas está intimamente relacionada com a sua evolução. Antes do surgimento da agricultura, já ocorria a domesticação das plantas selvagens; processo pelo qual as plantas adquiriram características como a perda da disseminação natural, o aumento das inflorescências, redução da toxicidade, entre outras. Tal processo foi chamado de síndrome de domesticação, evidenciando que o melhoramento genético já acontecia desde os primórdios da humanidade.

Além disso, genes localizados em genomas distintos podem neutralizar a expressão e manifestação de outros genes, dificultando o ganho genético por meio da seleção.

Na implantação de um programa de melhoramento, uma das principais necessidades do melhorista é o conhecimento do germoplasma disponível e a posterior capacidade de identificar plantas de uma progênie segregante que possua genes de interesse. Parte do processo de escolha das combinações entre



os genótipos depende da capacidade inata do melhorista. Entretanto, o progressivo conhecimento das bases genéticas de caracteres de interesse agrônomo tem sido de extrema importância. O reconhecimento de um genótipo ou o cálculo da similaridade genética entre os indivíduos pode ser realizado de diferentes maneiras, podendo ser baseado em análises de genealogia, de caracteres morfológicos, e, mais recentemente, em marcadores moleculares em nível de DNA.

## **ANÁLISE MULTIVARIADA**

A determinação da diversidade das populações deve receber a maior atenção, pois é por meio desta que se determina a potencialidade na evolução da espécie identificando genitores mais importantes dentro do grupo em estudo. Ao se estimar a divergência dentro de um determinado grupo, torna-se possível identificar aqueles que melhor se combinam para que haja heterose e com isso ganho nos processos de cruzamentos futuros. Por esse motivo, torna-se imprescindível, antes de qualquer cruzamento, fazer um estudo prévio da divergência genética, a fim de que o melhorista possa identificar as combinações mais promissoras e que permitam a recuperação de linhagens avançadas, bem como superiores. A avaliação da diversidade genética tem sido feita por inúmeras técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, ou por processos preditivos como nas diferenças morfofisiológicas dos genitores (Cruz e Regazzi, 1997).

A divergência genética pode também ser avaliada por meio de técnicas multivariadas. Entre essas técnicas as mais utilizadas quando os dados são obtidos sem repetição, está a distância Euclidiana e quando ocorre repetições no experimento destaca-se a distância de Mahalanobis (Cruz e Regazzi, 1997).

A técnica de componente principal tem como objetivo a combinação de um pequeno número de combinações lineares de um conjunto de variáveis, que retenham o máximo possível da informação contida nas variáveis originais. Além disso, são independentes entre si e estimados com o propósito de reter em ordem de estimação, o máximo de informação em termos de variação total contido nos dados originais (Cruz, 1990).

A viabilidade de utilização dos componentes principais em estudo da divergência genética depende da possibilidade de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes, o que significa ter uma boa aproximação do comportamento dos indivíduos, oriundo de um espaço n-dimensional (n= número de caracteres estudados) em um espaço bi ou tri dimensional.

A análise de agrupamento, como o próprio nome ressalta, agrupa os indivíduos por algum critério de classificação, fazendo com que haja homogeneidade dentro de um grupo (menor dissimilaridade) e heterogeneidade entre os grupos (maior dissimilaridade).

Desta forma, o conhecimento sobre as características moleculares, bem como as morfológicas, torna-se necessário por disponibilizar informações que permitam a condução do cruzamento, seleção e obtenção de genótipos promissores. Baseado neste preceito, este trabalho, teve por finalidades avaliar três populações de mangabeiras de diferentes regiões do Estado da Bahia, levando em consideração as características morfológicas e moleculares; buscar indivíduos superiores; selecionar matrizes mais produtivas e homogêneas e formação de uma coleção biológica a qual dará suporte ao programa de melhoramento da espécie no Estado da Bahia.

## REFERÊNCIAS

BRAGA, R. **Plantas do Nordeste especialmente do Ceará**. 2.ed. Fortaleza: Imprensa Oficial, 1960. 425p.

CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Genetic maps in plants. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, p. 89 - 100, 2002.

CANSIAN, R. L. et al. Estudo de diversidade na cultivar de repolho "Brunswish" por RAPD. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, p. 182 - 184, 2000. (Suplemento).

CASTELLEN, M. S. **Uso de marcadores RAPD e isoenzimáticos na quantificação da diversidade genética em população naturais de *Esenbckia leilocarpa* Engl.** 2000. 73f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188f. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

DIAS, M. G. L.; MARANHÃO, T. O. Análise citogenética e palinológica quanto à viabilidade e morfologia em mangabeira (*Hancornia speciosa*). **Biociências**, Taubaté, v.1, p. 61 - 69, 1994.

FERREIRA, M. B. Frutos comestíveis do Distrito Federal. III: pequi, mangaba, marolo e mamãozinho. **Cerrado**, Brasília, v. 5, n. 20, p. 22 - 5, 1973.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220p.

GIACOMETTI, D. C. Recursos genéticos de fruteiras nativas do Brasil,. In SIMPÓSIO NACIONAL DE RECURSOS GENÉTICOS DE FRUTEIRAS NATIVAS, 1992, Cruz das Almas, BA. **Anais...** Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, 1993. p.13 – 27.

GUIMARÃES, C. M.; MOREIRA, J. A. Compactação do solo na cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n. 4, p. 703 - 707, 2001.

HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Trad. Coradin, L. , USA: International Board for Plant Genetic Resources, 1992. 53p.

LEDERMAN, I. E. et al. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000. 53p. (Série frutas nativas, 2).

MACHADO, C. F. **Procedimentos para escolha de genitores do feijão**. 1999. 118f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

MATIELLO, N. H. **Detecção de variação somaclonal em calos e regenerantes de alho (*Allium sativum* L.) pela técnica de RAPD**. 1996. 48f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa..

MATTIETTO, R. A.; SOARES, M. S.; RIBEIRO, C. C. Caracterização física e físico-químicos de frutos de mangaba provenientes de Belém-PA. In.: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, 2003, Aracaju. **Anais...**Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. 1CD ROM.

MONACHINO, J. A revision of *Hancornia* (Apocynaceae). **Lilloa**, Tucumán, v.11, p. 19 - 48. 1945.

MUHLENS, G. S.; MARTINS, P. S.; ANDO, A. Variabilidade genética em etnovarietades de mandioca avaliada por marcadores de DNA. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 57, n. 2, p. 319 - 328, 2000.

PARENTE, T. V.; BORGIO, L. A.; MACHADO, J. W. B. Características físico-químicas de frutos de mangaba do cerrado da região geoeconômica do Distrito Federal. Planaltina: **Ciência e Cultura**, Campinas, v. 37, n. 1, p. 95 - 98, 1985.

RICK, C. M.; HOLLE, M. Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme*: genetic variation and its evolutionary significance. **Economic Botany**, New York, v. 44, p. 69 - 78, 1990.

RICK, C. M.; YODER, J. I. Classical and molecular genetics of the tomato highlights and perspectives. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 22, p. 281 - 300, 1988.

RICK, C.M. The tomato. **Scientific American**, New York, v. 239, n. 2, p. 67 - 76, 1978.

SAIKI, R. K. et al. Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, Washington, v. 230, p. 1350 - 1354, 1985.

SAKIYAMA, N. S. Marcadores moleculares e as hortaliças. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 11, n. 2, p. 204 - 206, 1993.

SAX, K. The association of size differences with seed coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. **Genetics**, Baltimore, v. 8, p. 552 - 560, 1923.

SOUSA, C. da S. et al. Caracterização botânica e correlações entre caracteres relacionados a folhas e frutos de mangabeiras nativas. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 3, p. 25 - 30, 2006.

TELLES, M. P. C. et al. Marcadores RAPD na análise da divergência genética entre raças de bovinos e número de *locos* necessários para a estabilidade da divergência estimada. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 2, n. 2, p. 87 - 95, 2001.

VIEIRA NETO, R. D. Mangaba. In: VIEIRA NETO, R. D. **Fruteiras potenciais para os Tabuleiros Costeiros e Baixada Litorânea**. Aracaju: Embrapa-CPATC/Emdagro, 2002. p. 115 - 140.

VIEIRA NETO, R. D. Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). In: SIMPÓSIO NACIONAL DE RECURSOS GENÉTICOS DE FRUTEIRAS NATIVAS, 1993, Cruz das Almas. **Anais...** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1993. p. 109 - 116.

WILLIAMS, J.G.K. et al. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v.18, p. 6531 - 6535, 1990.

# **CAPÍTULO 1**

## **DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA<sup>1</sup>**

---

<sup>1</sup>Artigo a ser ajustado para submissão ao Comitê Editorial do periódico científico Bragantia.

## DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA<sup>1</sup>

**RESUMO:** Este trabalho teve como objetivo caracterizar frutos de genótipos de mangabeiras (*Hancornia speciosa* Gomes) visando identificar materiais com superioridade para os caracteres de interesse agrônomo e divergentes, com intuito de estabelecer um jardim clonal para trabalhos de propagação, conservação e melhoramento da espécie. Foram identificados 70 genótipos em três regiões do Estado da Bahia, sendo coletado dados das plantas e frutos. Para avaliação das plantas foram utilizados descritores agrônômicos de maior interesse como: estatura de planta (EP), diâmetro longitudinal (DLC) e transversal da copa (DTC), e circunferência do caule (CC). De cada genótipo foram coletados 30 frutos, sendo avaliados o diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa da semente (MS), massa de polpa (MP), rendimento de polpa (RP%) e número de sementes (NS). Os dados obtidos foram analisados por meio de estatística descritiva, análise de agrupamento e de componentes principais. Como medida de dissimilaridade foi utilizada a distância Euclidiana média. Os genótipos testados constituíram 07, 04 e 05 grupos para as regiões do Conde, Nova Soure e Ouriçangas, respectivamente, indicando que grupos divergentes devem ser priorizados em trabalhos de melhoramento. Os caracteres: massa, diâmetro transversal do fruto e rendimento de polpa, apresentaram maior contribuição relativa para a dissimilaridade genética total. As regiões observadas não estão necessariamente distribuídas em grupos diferentes e a variabilidade observada ficou mais evidente dentro de cada população, independente da distância geográfica. Os genótipos CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>20</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> e OU<sub>14</sub> são os mais promissores e dissimilares, o que evidencia a variabilidade existente na espécie, permitindo selecionar materiais para serem utilizados em programas de melhoramento.

**Palavras Chave:** *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilaridade.

## DISSIMILARITY AND PHYSICAL CHARACTERIZATION OF NATIVE MANGABEIRA FRUITS FROM THE STATE OF BAHIA

**ABSTRACT:** The objective of the present work was to characterize mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) fruits aiming to identify genotypes with important agronomic traits in order to establish a clonal garden for propagation, conservation and improvement of the species. Seventy genotypes from three regions of the State of Bahia were identified and plant and fruit data collected. The agronomical descriptors of greater interest, such as plant height (PH), longitudinal (LD) and transversal diameter from the canopy (TD) and trunk circumference, were used for plant evaluation. The following variables were collected from 30 fruits of each genotype: longitudinal diameter (LD), transversal diameter (TD), fruit mass (FM), seed mass (SM), pulp mass (PM), pulp yield (PY %) and number of seeds. The data was analyzed using descriptive statistics, clustering analysis and principal components analysis. The dissimilarity was based in the average Euclidian distance. The genotypes studied formed 07, 04 and 05 clusters for the regions of Conde, Nova Soure and Ouriçangas, respectively, indicating that dissimilar groups should be prioritized in breeding programs. The variables: mass, transversal diameter of fruit and pulp yield presented greatest relative contribution for the total genetic dissimilarity. The observed regions are not necessarily distributed in different groups and the observed variability was more evident within each population, regardless of the geographic distance. The CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>20</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> and OU<sub>14</sub> genotypes are the most promising and dissimilar, which demonstrates the variability within the species enabling the selection of genotypes to be used in the mangaba genetic breeding program.

**Key-words:** *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilarity.

## INTRODUÇÃO

Dentre as fruteiras nativas com aptidão para a exploração comercial, destaca-se a mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), também conhecida como manguaba, tembiú ou ainda tembiucatu. Quando da descoberta do Brasil, já era bastante conhecida dos índios, cujo nome em tupi-guarani significa "coisa boa de comer" (Ferreira, 1973). Planta de clima tropical, vegeta em áreas de grande insolação, temperatura média de 25°C e pluviosidade de 750 a 1.500 mm anuais. É tolerante a períodos de déficit hídrico, e nas épocas de temperaturas mais elevadas e de menor umidade relativa do ar apresenta melhor desenvolvimento vegetativo, sendo encontrada em altitudes que variam do nível do mar a até mais de 1.500 metros (Lederman, et al., 2000).

Pertencente à família das Apocynaceae é uma árvore de porte médio (4 a 7 m de altura), podendo alcançar até 15 m, de crescimento lento e copa ampla. O caule apresenta-se rugoso com 2 a 3 bifurcações, com 0,2 a 0,3 m de diâmetro (Monachino, 1945). É uma planta alógama (Dias e Maranhão, 1994) e apresenta até duas florações e frutificações durante o ano. Vieira Neto (2002) relata que a frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade de novembro a junho. As folhas apresentam limbo foliar de forma lanceolada do tipo oblongo-lanceolada (Sousa et al., 2006). O fruto do tipo baga é elipsoidal ou arredondado de 2,5 a 6,0 cm, exocarpo amarelo com manchas ou estrias avermelhadas, contendo geralmente 2 a 15 ou até 30 sementes, apresentando alto rendimento de polpa. Parente et al. (1985) avaliando sete frutos de mangaba no estágio maduro, obtiveram médias de 38,70 g por fruto, 2,71 cm (diâmetro transversal), 3,64 cm (diâmetro longitudinal) e rendimento de polpa de 56,67%, ao passo que Vieira Neto (1997) encontrou 93,7% de rendimento de polpa.

Esta fruteira encontra-se vegetando espontaneamente nas regiões Nordeste, Norte, Centro-oeste e Sudeste do Brasil, sendo abundante em todos os tabuleiros e nas baixadas litorâneas da região Nordeste, onde se obtém de forma extrativista, a quase totalidade dos frutos colhidos no país. Os Estados de Sergipe, Paraíba e Bahia destacam-se como os maiores produtores (IBGE, 2004). O fruto é doce e levemente ácido, apresentando ótimo aroma e sabor; podendo ser consumido diretamente *in natura* ou como matéria prima para o preparo de



geléias, doce, xaropes, compotas, vinhos, vinagres e principalmente suco e sorvete.

Devido ao excelente sabor, aroma e característica química, a mangaba é uma das mais populares frutas do Nordeste do Brasil. A polpa do fruto tem larga aceitação nas regiões de origem e vem ganhando espaço no mercado de polpa congelada de frutas tropicais; indicando um enorme potencial para o incremento da agroindústria brasileira, haja vista que o mercado de fruteiras no Brasil tem ocupado uma destacada posição em relação à fruticultura mundial.

Entretanto, esta fruteira só agora vem ganhando atenção e a existência de pomares organizados é desprezível, sendo na maioria das vezes exploradas localmente. Lederman et al. (1992) cita como exemplo o Nordeste do Brasil, onde existe uma diversidade muito grande de frutas tropicais, as quais, por não serem cultivadas comercialmente e/ou por suas características próprias de cultivo, são conhecidas apenas em nível regional, como é o caso da mangabeira, muito embora apresentem amplas possibilidades de exploração. Dentre as espécies nativas e exóticas, a mangabeira é certamente uma das frutíferas mais promissoras pela qualidade de seus frutos para produtos industrializados.

Porém, o processo de ocupação de áreas nativas tem provocado a perda da variabilidade genética de algumas espécies de ocorrência na região. As maiores causas de desaparecimento da vegetação nativa do trópico semi-árido está baseado na formação de pastagens; implantação de projetos de irrigação; produção de energia para atividades diversas, como padarias, olarias, calcinadoras e queimadas. Alia-se a essas causas, a pecuária extensiva praticada na região, tem dificultado a substituição natural das plantas velhas. Essas causas, em conjunto ou isoladamente, têm contribuído não apenas para a diminuição da coleta de frutos, como também para o desaparecimento da variabilidade genética da espécie.

Para reverter o processo de degradação, erosão genética, manutenção da produtividade e integridade ambiental, torna-se imprescindível o estudo sobre sua composição.

Desta forma, descritores morfológicos podem ser utilizados para caracterizar e avaliar genótipos distintos por meio da observação fenotípica dos caracteres de frutos e planta. Em virtude da alta variabilidade genética que comumente está disponível no seu habitat natural e da insuficiência de

informações para definição de critérios de seleção, alguns descritores já são utilizados para atender a caracterização da maioria das fruteiras nativas para aferições do fruto, seu formato, diâmetro longitudinal e transversal, espessura da casca, massa do fruto, da polpa e da casca, rendimento de polpa, coloração da casca, número e massa das sementes. Os descritores morfológicos têm sido utilizados com êxito para caracterizar um grande número de cultivares (Staub et al., 1996). Estes descritores são empregados nas diferenciações de cultivares de alho (Nome, 1999), milho (Salgado et al., 2001), citros (Radmann e Oliveira, 2003) e café (Guerreiro Filho et al., 2003).

Ao iniciar um programa de melhoramento de espécies pouco conhecidas o primeiro passo é realizar a coleta, caracterização e avaliação do material para posterior seleção de genótipos promissores, etapa esta conhecida como *pré-breeding* ou pré-melhoramento. De momento, o progresso genético é amplo devido a grande variabilidade genética para caracteres de importância agrônômica, aumentando a freqüência de genes desejáveis na população.

A diversidade genética entre um grupo de genótipos tem grande importância por fornecer informações sobre genitores potenciais para serem utilizados em programas de melhoramento. O conhecimento da variabilidade da espécie provém informações sobre os recursos genéticos disponíveis e auxilia na localização, caracterização e intercâmbio dos mesmos. O uso dos recursos genéticos no melhoramento de plantas apóia-se em três ações complementares: prospecção e coleta de germoplasma; conservação da diversidade; caracterização e avaliação dos germoplasmas.

A caracterização de germoplasma pode ser realizada de forma mais econômica e sem trabalho adicional, utilizando-se a análise multivariada de dados agrônômicos, uma vez que as informações são obtidas dos próprios descritores tomados dos genótipos (Fonseca, 1993). Dentre as técnicas multivariadas disponíveis para análise da divergência genética, temos a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Oliveira et al., 2003).

Por meio da análise de componentes principais é possível obter a distribuição gráfica da divergência genética entre genótipos e identificação dos caracteres responsivos para explicar a variação total, sendo este método bastante utilizado em melhoramento de plantas.

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento tem por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade (Cruz, 1990).

Este trabalho teve como objetivo avaliar mangabeiras nativas de três regiões do estado da Bahia, visando identificar genótipos com superioridade para caracteres de interesse agrônomo e dissimilares entre si, com intuito de estabelecer um jardim clonal para trabalhos de propagação, conservação e melhoramento da espécie.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

As localidades selecionadas para este estudo apresentam-se geograficamente separadas sendo: o município do Conde (Litoral Norte), apresenta altitude de 20 m e está localizado a uma latitude de 11°42'48,8" e longitude de 7°38'45,8". O município de Nova Soure (Semi-árido), possui altitude de 382 m e 11°23'02,5" e 38°40'56,9", de latitude e longitude, respectivamente. O município de Ouriçangas (Agreste) possui altitude de 258 m e está localizado a uma latitude de 11°59'08,7" e longitude 38°36'56,1". Os climas para cada região segundo a classificação de Köppen (Embrapa, 1978), são: úmido (Conde), subúmido a seco (Ouriçangas) e semi-árido (Nova Soure). Esta escolha possibilitou a coleta de materiais supostamente diferentes, levando em consideração que o fenótipo do indivíduo é o resultado da ação do genótipo sob influência do ambiente.

A avaliação foi feita para cada região e a escolha da planta para tomada de dados levou em consideração o número suficiente de frutos no mesmo estágio de maturação, sendo em seguida georeferenciada, com auxílio de GPS (Sistema de Posicionamento Global), enumeradas com placas de alumínio e por tinta. Esta marcação possibilitará acessar o material em campo após análises e identificação

dos superiores e dissimilares. Para o Conde foram contabilizados 25 genótipos, Nova Soure contribuiu com 20 e Ouriçangas com 25, perfazendo um total de 70 genótipos a serem avaliados. Vieira Neto (1993) relata que a frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade entre novembro e junho. Entretanto, essa produção não ocorre de forma uniforme o que muitas vezes impossibilita a coleta de um maior número de genótipos, como ficou evidenciado na região de Nova Soure, na qual conseguimos um número menor de genótipos. Foram coletados em média 40 frutos por genótipo, sendo em seguida acomodados em caixotes plásticos e recobertos por espumas para não sofrerem danos físicos e transportados para o Laboratório de Tecnologia de Alimentos do Departamento de Química Agrícola e Solos do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) em Cruz das Almas-BA.

### **Avaliações morfológicas dos frutos**

Após a seleção de 30 frutos por planta, foram descartados aqueles com danos e uniformizados quanto ao estágio de maturação, indicado pela presença da coloração amarelada ou avermelhada (Vieira Neto, 2002). Procedeu-se à tomada das variáveis relacionadas ao diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), usando paquímetro digital; massa do fruto (MF), massa da semente (MS), massa de polpa (MP) obtida por gravimetria utilizando balança analítica digital; rendimento de polpa (RP%) calculada pela fórmula:  $MF \times 100 / MP$  e número de sementes (NS) por contagem manual.

### **Análise dos dados morfológicos**

Os dados foram analisados por estatística descritiva, utilizando-se medidas de tendência central (média) e de variabilidade dos dados (desvio padrão e coeficiente de variação), sendo as médias originais comparadas com o valor da média  $\pm$  DP (desvio padrão). Os valores maiores (média + DP) foram classificados como superiores e os menores (média – DP) como inferiores.

Foram realizadas análises multivariadas com os dados físicos dos frutos para determinação da distância genética dentro das populações, por meio de

análise de agrupamento pelo método de Ward e análise de componentes principais. Como medida de dissimilaridade, foi utilizada a distância Euclidiana média. Com base nos cálculos, foram estabelecidos gráficos de dispersão, os quais permitiram agrupar os genótipos e classificar os mais distantes. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o programa GENES (Cruz, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os frutos da região do Conde (Tabela 1) apresentaram valores médios para massa do fruto de 22,61 g; massa da polpa de 18,66 g; rendimento de polpa de 82,58%, número de sementes de 14,95; diâmetros longitudinal de 37,36 mm e transversal de 34,49 mm. Levando em consideração a importância, bem como a reunião em um indivíduo de mais de uma dessas variáveis, foi possível identificar os genótipos, CO<sub>02</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>14</sub>, CO<sub>16</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub> e CO<sub>25</sub>, como os que obtiveram maior destaque com valores acima da média.

Na avaliação feita com os frutos da região de Nova Soure (Tabela 1), foram encontrados valores médios para massa de 10,39 g; massa de polpa de 8,64 g; rendimento de polpa de 83,6%; número de sementes de 6,23; diâmetros longitudinal de 32,56 mm e transversal de 26,87 mm. Os genótipos que mais se destacaram dentro do grupo com valores acima da média foram: NS<sub>01</sub>, NS<sub>09</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub> e NS<sub>20</sub>.

Os genótipos do município de Ouriçangas (Tabela 1) apresentaram valor médio para massa de fruto de 13,05 g; massa de polpa de 11,22 g; rendimento de polpa de 85,64%; número de sementes de 9,98; diâmetros longitudinal de 36,51 mm e transversal de 30,74 mm. Os genótipos, OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub>, OU<sub>13</sub>, OU<sub>14</sub>, OU<sub>20</sub>, OU<sub>22</sub> e OU<sub>23</sub>, apresentaram valores acima da média. Os coeficientes de variação, como podem ser observados, em sua maioria, apresentaram valores baixos indicando confiabilidade na avaliação dos dados.

**Tabela 1.** Diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS). Cruz das Almas-BA, 2006.

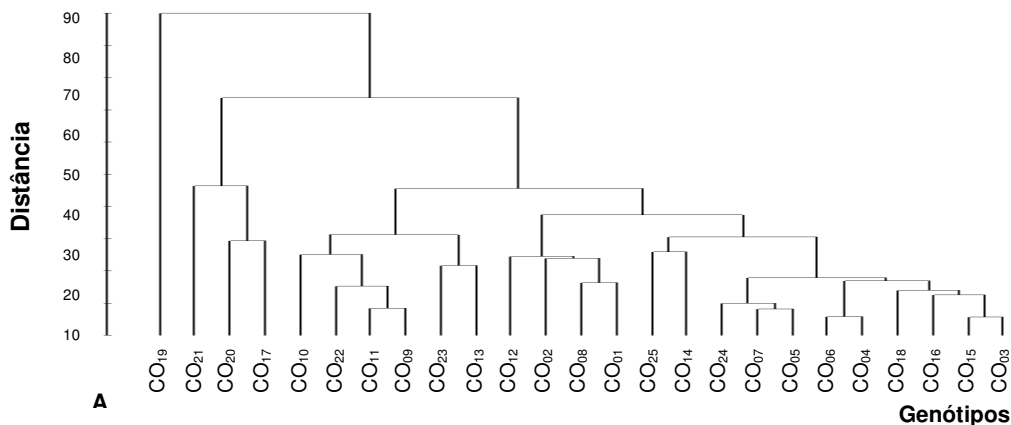
Conde-BA							Nova Soure-BA						Ouriçangas-BA							
Genótipo	Caracteres						Genótipo	Caracteres						Genótipo	Caracteres					
	DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	NS		DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	NS		DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	NS
CO <sub>01</sub>	36.99	37.15	24.01	20.29	84.48	14.46	NS <sub>01</sub>	33.44	33.92	20.09	15.46	76.95	15.61	OU <sub>01</sub>	34.12	29.07	11.38	9.21	80.96	7.08
CO <sub>02</sub>	38.89	36.9	27.41	23.12	84.34	12.93	NS <sub>02</sub>	29.61	24.81	11.3	9.73	86.13	5	OU <sub>02</sub>	29.36	24.67	7.73	5.37	69.49	5.69
CO <sub>03</sub>	35.37	35.24	21.5	18.03	83.89	12.59	NS <sub>03</sub>	33.02	30.15	10.88	9.4	86.42	5.57	OU <sub>03</sub>	41.18	34.88	13.73	11.76	85.66	10.67
CO <sub>04</sub>	37.79	35.2	22.87	18.86	82.47	13.88	NS <sub>04</sub>	32.25	29.05	12.02	10.05	83.58	8.11	OU <sub>04</sub>	30.83	28.7	7.57	6.47	85.51	6.1
CO <sub>05</sub>	44.04	34.29	20.11	16.82	83.63	14.53	NS <sub>05</sub>	35.18	30.25	13.31	10.82	81.34	8.95	OU <sub>05</sub>	33.17	24.81	6.36	5.52	86.89	5.45
CO <sub>06</sub>	35.56	34.43	22.15	18.34	82.81	13.73	NS <sub>06</sub>	32.38	26.18	7.94	6.3	79.36	6.9	OU <sub>06</sub>	40.24	37.89	17.42	14.82	85.06	14.64
CO <sub>07</sub>	34.76	34.95	20.27	17.06	84.18	15.93	NS <sub>07</sub>	26.56	22.05	6.73	5.54	82.25	4.59	OU <sub>07</sub>	40.22	33.54	16.11	14.03	87.12	9.88
CO <sub>08</sub>	38.16	37.37	25.49	21.32	83.62	17.07	NS <sub>08</sub>	33.9	31.86	14.3	10.94	76.5	11.97	OU <sub>08</sub>	39.32	32.81	22.35	21.46	96.01	9.93
CO <sub>09</sub>	35.32	34.07	18.16	14.76	81.27	15.63	NS <sub>09</sub>	34.47	31.07	13.21	11.1	84	7.57	OU <sub>09</sub>	37.44	32.49	13.35	10.59	79.27	17.85
CO <sub>10</sub>	35.42	36.9	21.57	16.99	78.77	15.11	NS <sub>10</sub>	38.65	30.18	14.66	12.52	85.39	8.62	OU <sub>10</sub>	39.19	31.33	14.11	12.6	89.26	7.14
CO <sub>11</sub>	35.21	33.79	19.2	15.49	80.66	14.83	NS <sub>11</sub>	36.63	30.94	13.44	11.14	82.88	6.79	OU <sub>11</sub>	36.1	33.19	11.46	9.27	80.91	14.62
CO <sub>12</sub>	38.89	37.84	27.32	22.17	81.15	15.46	NS <sub>12</sub>	32.55	24.18	6.41	5.65	88.03	2.62	OU <sub>12</sub>	38.04	31.48	12.57	10.64	84.68	11.25
CO <sub>13</sub>	33.13	31.83	16.29	13.35	81.94	11.19	NS <sub>13</sub>	35.8	28.94	14.39	12.26	85.17	5.71	OU <sub>13</sub>	41.4	33.78	16.9	12.16	71.94	18.67
CO <sub>14</sub>	35.59	32.7	23.17	20.07	86.6	9.83	NS <sub>14</sub>	30.37	23.25	5.78	4.84	83.6	4.08	OU <sub>14</sub>	36.85	33.69	17.15	14.33	83.55	10.52
CO <sub>15</sub>	39.74	35.81	21.96	18.46	84.07	11.75	NS <sub>15</sub>	34.38	26.66	9.52	7.79	81.77	5.5	OU <sub>15</sub>	35.2	31.23	12.4	10.78	86.94	9.85
CO <sub>16</sub>	35.33	34.36	20.64	17.61	85.34	11.37	NS <sub>16</sub>	29.11	21.68	5.1	4.39	86.14	2.28	OU <sub>16</sub>	34.29	28.99	9.83	8.8	89.55	5.8
CO <sub>17</sub>	40.46	38.18	28.77	23.26	80.83	21.16	NS <sub>17</sub>	29.46	23.37	6.46	5.4	83.59	3.5	OU <sub>17</sub>	34.46	29.73	10.32	9.22	89.34	6.57
CO <sub>18</sub>	38.02	35.47	22.28	19.02	85.36	13.69	NS <sub>18</sub>	33.86	25.47	8.36	7.37	88.15	3.71	OU <sub>18</sub>	41.23	31.95	14.87	13.01	87.47	13.6
CO <sub>19</sub>	37.58	15.89	24.93	19.37	77.69	22.64	NS <sub>19</sub>	29	20.19	4.18	3.43	81.87	3.07	OU <sub>19</sub>	37.82	34.06	14.45	12.43	85.99	14.91
CO <sub>20</sub>	43.63	38.66	32.72	26.98	82.44	21.33	NS <sub>20</sub>	30.61	23.18	9.76	8.67	88.87	4.4	OU <sub>20</sub>	36.28	35.66	17.08	14.84	86.85	11.5
CO <sub>21</sub>	39.15	37.67	26.51	20.39	76.9	23.46	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>21</sub>	36.27	29.89	10.71	9.67	90.34	6.27
CO <sub>22</sub>	36.29	33.23	19.89	16.08	80.86	12.6	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>22</sub>	40.48	31.94	15.3	13.92	90.98	8.1
CO <sub>23</sub>	36.12	31.66	16.95	13.32	78.59	11.41	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>23</sub>	32.78	30.5	11.74	10.64	90.57	9.1
CO <sub>24</sub>	36.17	35.29	21.23	17.97	84.63	15.15	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>24</sub>	28.84	25.55	6.93	6.04	87.18	5.43
CO <sub>25</sub>	36.28	33.47	19.74	17.37	88.02	12	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>25</sub>	37.55	16.8	14.43	12.9	89.43	9
Média	37.36	34.49	22.61	18.66	82.58	14.95	Média	32.56	26.87	10.39	8.64	83.6	6.23	Média	36.51	30.74	13.05	11.22	85.64	9.98
DP <sup>[1]</sup>	2.63	4.34	3.85	3.16	2.75	3.66	DP	2.99	3.97	4.08	3.22	3.41	3.29	DP	3.63	4.34	3.81	3.56	5.74	3.88
CV <sup>[2]</sup>	7.02	12.57	17.04	16.91	3.32	24.48	CV	9.18	14.75	39.29	37.29	4.08	32.24	CV	9.95	14.11	29.19	31.71	6.7	38.9
Méd.+DP	39.98	38.83	26.46	21.82	85.33	18.61	Méd.+DP	35.55	30.83	14.48	11.86	87.01	9.52	Méd.+DP	40.14	35.08	16.86	14.78	91.38	13.87
Méd.-DP	34.73	30.16	18.75	15.5	79.83	11.29	Méd.-DP	29.57	22.9	6.31	5.42	80.19	2.94	Méd.-DP	32.87	26.41	9.24	7.66	79.9	6.1
Máximo	44.04	38.66	32.72	26.98	88.02	23.46	Máximo	38.65	33.92	20.09	15.46	88.87	15.61	Máximo	41.4	37.89	22.35	21.46	96.01	18.67
Mínimo	33.13	15.89	16.29	13.32	76.9	9.83	Mínimo	26.56	20.19	4.18	3.43	76.5	2.28	Mínimo	28.84	16.8	6.36	5.37	69.49	5.43

<sup>[1]</sup>DP - Desvio Padrão

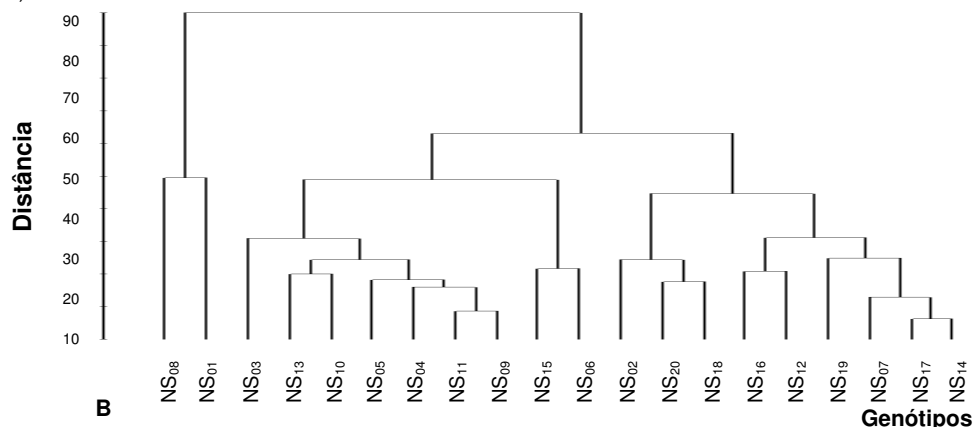
<sup>[2]</sup>CV – Coeficiente de Variação

O tamanho dos frutos selecionados em cada região, está acima dos valores encontrados por Parente et al. (1985) com frutos do cerrado da região do Distrito Federal, 3,64 cm e 2,71 cm, respectivamente. O rendimento de polpa superior a 85,33% foi equivalente ao relatado por Cruz (2005) que encontrou média de 88,44% analisando os frutos da região de Iramaia-BA. Na Figura 1 é apresentado o dendograma de similaridade entre os genótipos de mangabeira da região do Conde, Nova Soure e Ouriçangas, respectivamente com 25, 20 e 25 plantas, em que se observa a formação de grupos de genótipos que apresentaram algum grau de similaridade baseada no conjunto de variáveis morfológicas avaliadas (diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa (RP%) e número de sementes (NS). Observa-se a formação de sete subgrupos, na região do Conde, quatro na região de Nova Soure e de cinco grupos na região de Ouriçangas gerados pelo método aglomerativo de Ward e utilizando o programa GENES (Cruz, 2001). A formação dos grupos permite inferir sobre a variabilidade entre os genótipos avaliados.

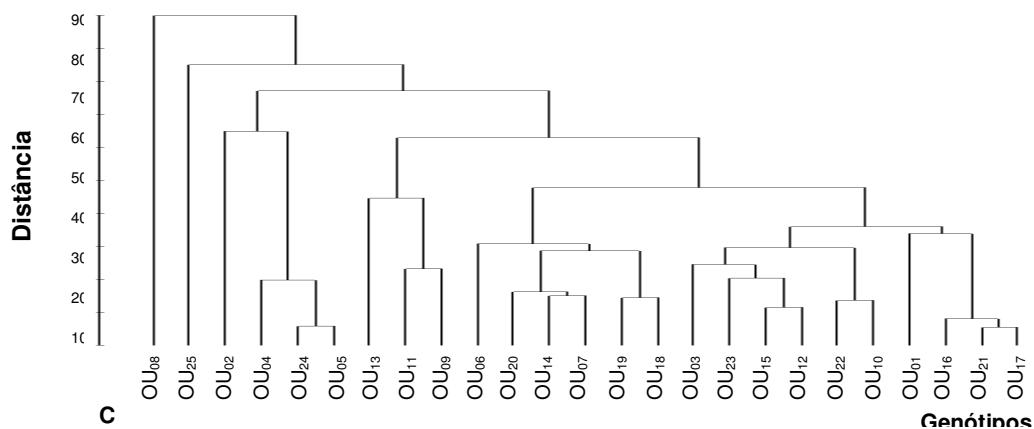
Com base nas variáveis referentes ao fruto, relacionando-os com os escores obtidos nos dois primeiros componentes principais ( $Y_1$  e  $Y_2$ ) pode-se verificar que a variância acumulada superou 82,72% para a região do Conde (Tabela 2), 96,86% para a região de Nova Soure (Tabela 3), 84,92% para Ouriçangas (Tabela 4), e 89,12 % em conjunto (Tabela 5) sendo valores satisfatórios para o estudo da divergência genética, pois são superiores ao limite de 80% sugerido por Cruz e Regazzi (1997), ficando explícito nas tabelas os caracteres que mais contribuíram para a divergência da espécie por ordem de importância. A análise evidencia a importância da técnica dos componentes principais na identificação de caracteres que devam ser avaliados com base em estudos prévios de sua contribuição para a variabilidade (Pereira, 1989).



Constituição dos grupos: 1 - (CO<sub>04</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>05</sub>, CO<sub>24</sub>, CO<sub>07</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>16</sub>, CO<sub>01</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>02</sub>, CO<sub>14</sub> e CO<sub>12</sub>), 2 - (CO<sub>09</sub>, CO<sub>11</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>13</sub> e CO<sub>23</sub>), 3 - (CO<sub>17</sub> e CO<sub>20</sub>), 4 (CO<sub>10</sub>), 5 - (CO<sub>21</sub>), 6 (CO<sub>25</sub>) e 7 (CO<sub>19</sub>).



Constituição dos grupos: 1 - (NS<sub>14</sub>, NS<sub>17</sub>, NS<sub>07</sub>, NS<sub>16</sub>, NS<sub>19</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>02</sub> e NS<sub>15</sub>), 2 - (NS<sub>09</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>05</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, e NS<sub>03</sub>), 3 - (NS<sub>01</sub> e NS<sub>08</sub>) e 4 - (NS<sub>06</sub>).



Constituição dos grupos: 1 - (OU<sub>17</sub>, OU<sub>21</sub>, OU<sub>16</sub>, OU<sub>23</sub>, OU<sub>15</sub>, OU<sub>10</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>22</sub>, OU<sub>03</sub>, OU<sub>07</sub>, OU<sub>01</sub>, OU<sub>14</sub>, OU<sub>19</sub>, OU<sub>20</sub> e OU<sub>04</sub>), 2 - (OU<sub>05</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>02</sub>), 3 - (OU<sub>13</sub>, OU<sub>09</sub>, OU<sub>11</sub>, OU<sub>18</sub> e OU<sub>06</sub>), 4 - (OU<sub>25</sub>) e 5 - (OU<sub>08</sub>).

**Figura 1.** A - Dendrograma de 25 genótipos de mangabeiras da região do Conde-BA, B - 20, da região de Nova Soure-BA e C - 25, da região de Ouriçangas-BA, a partir dos dados físicos (Diâmetro longitudinal e transversal do fruto, massa do fruto, massa de polpa, rendimento de polpa e número de sementes). Cruz das Almas-BA, 2006.



A observação da influência nos últimos componentes é importante por indicar os caracteres com menor importância para a divergência genética. Por outro lado, os maiores pesos nos primeiros componentes indicam as variáveis que mais contribuíram para a divergência (Cruz e Regazzi, 1997).

Desta forma, pode-se observar (Tabelas 02, 03 e 04) que as variáveis que menos contribuíram para divergência genética para as três regiões em estudo foram, número de sementes (NS) e massa do fruto (MF), pois apresentaram os maiores coeficientes de ponderação nos últimos componentes principais, 0,7644, 0,7935 e 0,7398 no componente principal 4 e -0,7059, -0,7347 e -0,6933 no componente principal 5 respectivamente, para Conde, Nova Soure e Ouriçangas.

**Tabela 2.** Componentes principais obtidos na análise das variáveis: diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região do Conde - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

Componente principal	Variância (autovalor)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de ponderação associados a:				
			DTF	MF	MP	RP%	NS
CP <sub>1</sub>	2.5421	50.85	0.1782	0.6104	0.5796	-0.1443	0.4888
CP <sub>2</sub>	1.5936	82.72	0.5502	0.1047	0.24	0.6748	-0.4164
CP <sub>3</sub>	0.6682	96.08	0.8058	-0.1589	-0.2532	-0.5082	0.0553
CP <sub>4</sub>	0.1954	99.99	0.1277	-0.3047	-0.2385	0.4997	0.7644
CP <sub>5</sub>	0.0002	100.00	-0.0011	-0.7059	0.6968	-0.1263	0.0185

**Tabela 3.** - Componentes principais obtidos na análise das variáveis: diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região de Nova Soure - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

Componente principal	Variância (autovalor)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de ponderação associados a:				
			DTF	MF	MP	RP%	NS
CP <sub>1</sub>	3.9399	78.79	0.4762	0.4871	0.4702	-0.2877	0.4817
CP <sub>2</sub>	0.9028	96.86	0.1591	0.2384	0.3554	0.8588	-0.2323
CP <sub>3</sub>	0.1122	99.10	0.8622	-0.3015	-0.2904	-0.0325	-0.2834
CP <sub>4</sub>	0.0443	99.98	0.0663	-0.2743	-0.3395	0.4193	0.7935
CP <sub>5</sub>	0.0006	100	-0.0112	-0.7347	0.673	-0.0551	0.0641

**Tabela 4.** Componentes principais obtidos na análise das variáveis: diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região de Ouriçangas - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

Componente principal	Variância (autovalor)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de ponderação associados a:				
			DTF	MF	MP	RP%	NS
CP <sub>1</sub>	2.8328	56.65	0.4487	0.5651	0.5412	0.0977	0.4206
CP <sub>2</sub>	1.4130	84.92	-0.2057	0.1198	0.2907	0.7823	-0.4973
CP <sub>3</sub>	0.5034	94.98	0.8447	-0.3314	-0.2761	0.2714	-0.1638
CP <sub>4</sub>	0.2482	99.95	-0.2069	-0.2755	-0.2128	0.5373	0.7398
CP <sub>5</sub>	0.0023	100	0.0087	-0.6933	0.7079	-0.1285	0.0411

**Tabela 5.** Componentes principais obtidos na análise das variáveis: diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos dos 70 genótipos de mangabeira das regiões em estudo. Cruz das Almas - BA, 2006.

Componente principal	Variância (autovalor)	Variância acumulada (%)	Coeficientes de ponderação associados a:				
			DTF	MF	MP	RP%	NS
CP <sub>1</sub>	3.4045	68.09	0.4451	0.5245	0.5126	-0.1464	0.4925
CP <sub>2</sub>	1.0518	89.12	0.1723	0.1055	0.2217	0.9285	-0.2208
CP <sub>3</sub>	0.3816	96.76	0.8791	-0.2936	-0.2983	-0.1046	-0.2026
CP <sub>4</sub>	0.1609	99.98	-0.0041	-0.3382	-0.3449	0.3157	0.8167
CP <sub>5</sub>	0.0009	100	-0.0074	-0.7164	0.6929	-0.0767	0.0256

As variáveis com maiores pesos para o primeiro componente foram massa de polpa (MP), diâmetro transversal do fruto (DTF). No segundo componente a variável com maior contribuição foi o rendimento de polpa (RP%). Tais características mostram-se importantes para a diversidade observada.

A contribuição relativa de cada variável para a divergência genética, segundo o método proposto por Singh (1981), mostrou que as variáveis que mais contribuíram para a divergência genética para os genótipos do Conde - BA foram, diâmetro transversal dos frutos (DTF), massa do fruto (MF) e número de sementes (NS), com 29,13%, 22,98% e 20,74%, respectivamente (Tabela 6). As variáveis que menos contribuíram foram massa de polpa (MP) e rendimento de polpa (RP%), com 15,43% e 11,69% respectivamente. Já, para a região de Nova Soure - BA, a maior contribuição foi das variáveis, massa do fruto (MF), diâmetro

transversal do fruto (DTF), com 25,55% e 24,08%, respectivamente, e a menor contribuição foi do rendimento de polpa (RP%), número de sementes (NS) e massa de polpa (MP) com, 17,83%, 16,61 e 15,90%, respectivamente (Tabela 7). Nos genótipos da região de Ouriçangas - BA, a maior contribuição foi das variáveis, rendimento de popa (RP%) e diâmetro transversal do fruto (DTF) com, 35,03% e 20,01%, respectivamente, e a menor contribuição foi verificada para as variáveis, número de sementes (NS), massa do fruto (MF) e massa de polpa (MP), com, 16,04%, 15,43% e 13,46% (Tabela 8). Na avaliação das três regiões em conjunto a maior contribuição foi das variáveis, rendimento de polpa (RP%) e diâmetro transversal do fruto (DTF) com, 36,23% e 21,02%, respectivamente, e a menor contribuição foi verificada para as variáveis, número de sementes (NS), massa do fruto (MF) e massa de polpa (MP), com, 17,03%, 16,43% e 14,46% (Tabela 9).

Observando os resultados obtidos pelos métodos utilizados para avaliar os caracteres de maior importância para divergência genética nas populações em estudo foi possível verificar que para ambos o diâmetro transversal do fruto (DTF) e massa do fruto (MF), contribuiu com maior significância para os resultados alcançados, indicando assim, variáveis que devem ser consideradas em programas de melhoramento genético da espécie.

**Tabela 6.** Contribuição relativa para diversidade genética das variáveis, diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região do Conde - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

<b>Variável</b>	<b>Valor (%)</b>
Diâmetro transversal do fruto	29.13
Massa do fruto	22.98
Massa de polpa	15.43
Rendimento de polpa (%)	11.69
Número de sementes	20.74

**Tabela 7.** Contribuição relativa para diversidade genética das variáveis, diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região de Nova Soure - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

<b>Variável</b>	<b>Valor (%)</b>
Diâmetro transversal do fruto	24.08
Massa do fruto	25.55
Massa de polpa	15.90
Rendimento de polpa (%)	17.83
Número de sementes	16.61

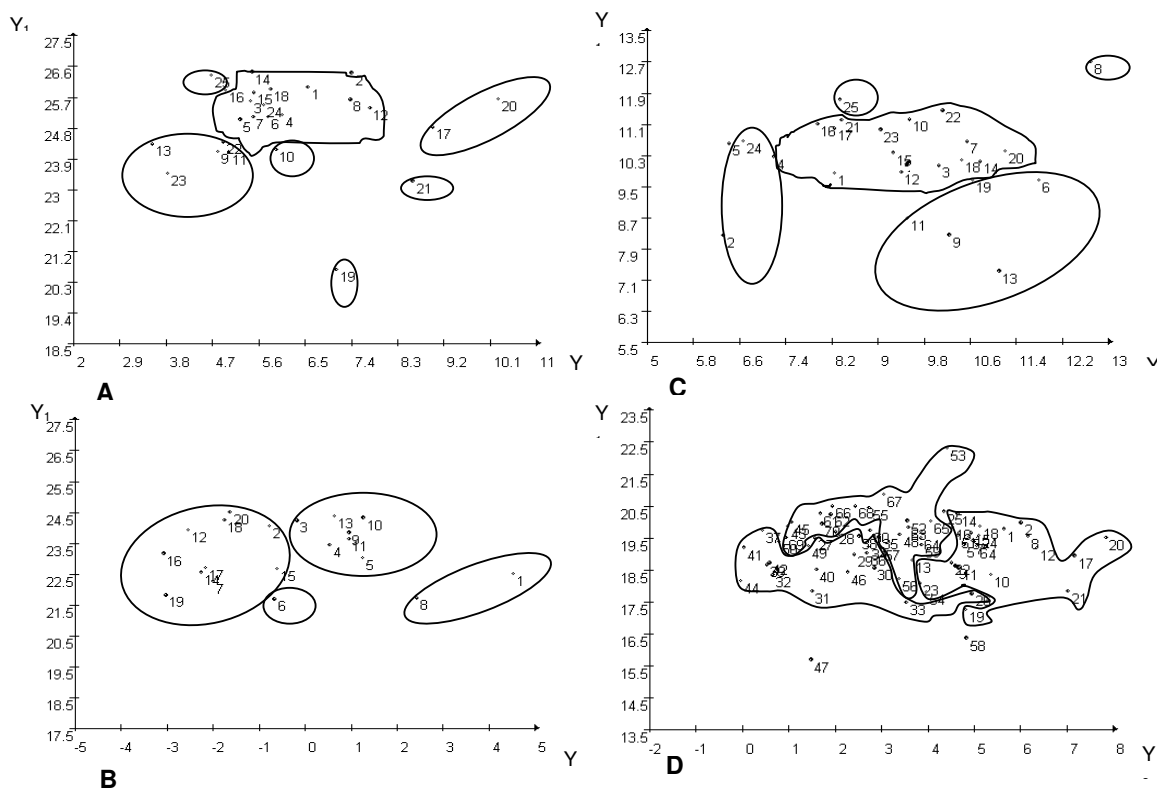
**Tabela 8.** Contribuição relativa para diversidade genética das variáveis, diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 25 genótipos de mangabeira da região de Ouriçangas - BA. Cruz das Almas - BA, 2006.

<b>Variável</b>	<b>Valor (%)</b>
Diâmetro transversal do fruto	20.01
Massa do fruto	15.43
Massa de polpa	13.46
Rendimento de polpa (%)	35.03
Número de sementes	16.04

**Tabela 9.** Contribuição relativa para diversidade genética das variáveis, diâmetro transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa em percentagem (RP%) e número de sementes (NS) de frutos de 70 genótipos de mangabeira das regiões em estudo. Cruz das Almas - BA, 2006.

<b>Variável</b>	<b>Valor (%)</b>
Diâmetro transversal do fruto	21.02
Massa do fruto	16.43
Massa de polpa	14.46
Rendimento de polpa (%)	36.23
Número de sementes	17.03

Na Figura 2 é apresentada a dispersão dos 25 genótipos da região do Conde - BA, dos 20 genótipos da região de Nova Soure - BA, dos 25 genótipos da região de Ouriçangas - BA e o conjunto das três regiões, em relação aos dois primeiros componentes principais. Verifica-se considerável divergência genética entre os genótipos estudados.



**Figura 2.** Dispersão de caracteres físicos de frutos de mangabeiras (diâmetro longitudinal e transversal do fruto, massa do fruto, massa de polpa, rendimento de polpa e número de sementes). Conde (A), Nova Soure (B), Ouriçangas (C) e em conjunto (D). Cruz das Almas - BA, 2006.

Para a análise de agrupamento foi utilizada a técnica de Tocher, com base na matriz de dissimilaridade, fundamentada na distância euclidiana média padronizada, que revelou o aparecimento de sete grupos distintos para a região do Conde, comprovando a dissimilaridade apresentada pelo dendograma (Figura 1 A), no qual os genótipos: CO<sub>04</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>05</sub>, CO<sub>24</sub>, CO<sub>07</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>16</sub>, CO<sub>01</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>02</sub>, CO<sub>14</sub> e CO<sub>12</sub> compõem o grupo um, os genótipos: CO<sub>09</sub>,

CO<sub>11</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>13</sub> e CO<sub>23</sub> formando o grupo dois, os genótipos: CO<sub>17</sub> e CO<sub>20</sub> formam o grupo três e os grupos: quatro (CO<sub>10</sub>), cinco(CO<sub>21</sub>), seis (CO<sub>25</sub>) e sete (CO<sub>19</sub>).

Na população de Nova Soure quatro grupos foram formados sendo o grupo um formado pelos genótipos: NS<sub>14</sub>, NS<sub>17</sub>, NS<sub>07</sub>, NS<sub>16</sub>, NS<sub>19</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>02</sub> e NS<sub>15</sub>, o grupo dois formado pelos genótipos: NS<sub>09</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>05</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, e NS<sub>03</sub>, o grupo três pelos genótipos: NS<sub>01</sub> e NS<sub>08</sub> e o grupo quatro formado pelo genótipo NS<sub>06</sub>.

Já para Ouriçangas houve formação de cinco grupos sendo o um formado pelos genótipos: OU<sub>17</sub>, OU<sub>21</sub>, OU<sub>16</sub>, OU<sub>23</sub>, OU<sub>15</sub>, OU<sub>10</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>22</sub>, OU<sub>03</sub>, OU<sub>07</sub>, OU<sub>01</sub>, OU<sub>14</sub>, OU<sub>19</sub>, OU<sub>20</sub> e OU<sub>04</sub>, o grupo dois pelos genótipos: OU<sub>05</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>02</sub>, o grupo três: OU<sub>13</sub>, OU<sub>09</sub>, OU<sub>11</sub>, OU<sub>18</sub> e OU<sub>06</sub>, o grupo quatro pelo OU<sub>25</sub> o cinco pelo OU<sub>08</sub>.

Quando da avaliação envolvendo as três regiões, foi possível verificar a formação de cinco grupos, sendo o grupo um formado pelos genótipos: NS<sub>14</sub>, NS<sub>17</sub>, NS<sub>07</sub>, NS<sub>19</sub>, NS<sub>16</sub>, OU<sub>05</sub>, OU<sub>24</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>03</sub>, OU<sub>16</sub>, OU<sub>17</sub>, NS<sub>04</sub>, OU<sub>01</sub>, NS<sub>06</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>09</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>23</sub>, OU<sub>11</sub>, CO<sub>05</sub>, OU<sub>06</sub> e CO<sub>24</sub>, o grupo dois pelos genótipos: CO<sub>04</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>01</sub>, CO<sub>07</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>11</sub>, CO<sub>09</sub>, OU<sub>14</sub>, CO<sub>25</sub>, OU<sub>20</sub>, CO<sub>14</sub>, CO<sub>13</sub>, OU<sub>07</sub>, OU<sub>19</sub>, OU<sub>18</sub>, CO<sub>10</sub>, CO<sub>23</sub>, CO<sub>08</sub>, NS<sub>01</sub>, OU<sub>15</sub>, OU<sub>10</sub> e CO<sub>17</sub>, o grupo tres: NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>05</sub>, OU<sub>03</sub>, OU<sub>22</sub>, OU<sub>21</sub>, NS<sub>08</sub>, CO<sub>02</sub> e OU<sub>08</sub>, o grupo quatro: CO<sub>12</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub>, OU<sub>13</sub> e CO<sub>19</sub> e o grupo cinco constituído pelos genótipos: OU<sub>02</sub>, OU<sub>09</sub> e OU<sub>25</sub>, podendo ser verificado que dentro de um mesmo grupo, aparecem representantes das distintas regiões, porém, com predominância de uma delas; fato que demonstra a maior divergência intrapopulacional do que interpopulacional, possivelmente devido a uma mesma origem genética ou simplesmente por apresentarem pouca segregação (Lederman, 2000).

A comparação dos dados do gráfico de dispersão com os valores apresentados nas tabelas de caracterização física (Tabela 1) possibilitaram identificar os genótipos dispersos em diferentes grupos que possuem comportamento superior para os caracteres avaliados. Os genótipos CO<sub>02</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>14</sub>, CO<sub>16</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub> e CO<sub>25</sub> foram avaliados como superiores, porém ao serem relacionados quanto a sua dispersão e, portanto dissimilaridade, nota-se que alguns genótipos pertencem a um mesmo grupo, ou seja, com baixa

dissimilaridade, sendo necessário recorrer aos dados químicos, no qual aquele que apresentou melhor resultado para a variável, massa de fruto (MF), foi selecionado ficando apenas os genótipos, CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub> e CO<sub>25</sub> categoricamente identificados como divergentes e superiores. Avaliando o comportamento desse material na Tabela 1, é possível verificar que os genótipos possuem superioridade para a maioria dos caracteres físicos avaliados. Isto permite indicá-los como genitor promissor, visto que segundo Cruz et al. (1990) o genótipo além de ser divergente deve possuir características superiores para ser utilizado em cruzamentos genéticos. Na região de Nova Soure, por meio da mesma avaliação, foi possível verificar que apenas os genótipos NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub> e NS<sub>20</sub>, correspondem aos requisitos para serem selecionados. Para Ouriçangas os seguintes foram selecionados : OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> e OU<sub>14</sub>.

Assim, foi possível identificar a formação de uma população composta por dez genótipos, sendo: CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>20</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> e OU<sub>14</sub>.

## CONCLUSÕES

É evidente a variabilidade entre as plantas de mangabeiras das regiões em estudo, para os caracteres morfológicos dos frutos.

Na região do Conde houve formação de sete grupos dissimilares.

Na região de Nova Soure quatro grupos dissimilares foram constituídos.

Na região de Ouriçangas foram identificados cinco grupos distintos.

Os caracteres mais importantes para estudo da dissimilaridade genética da espécie foram o diâmetro transversal do fruto (DTF) e massa do fruto (MF).

As matrizes mais promissoras para trabalhos de melhoramento da espécie são: CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>25</sub> (Região do Conde – BA), NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>20</sub> (Região de Nova Soure – BA) e OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> e OU<sub>14</sub> (Região de Ouriçangas – BA).

## REFERÊNCIAS

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CRUZ, E. M. de O. **Caracterização e seleção de genótipos de mangabeira utilizando marcadores morfológicos e moleculares**. 2005. 65f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas.

DIAS, M. G. L.; MARANHÃO, T. O. Análise citogenética e palinológica quanto à viabilidade e morfologia em mangabeira (*Hancornia speciosa*). **Biociências**, Taubaté, v.1, p. 61 - 69, 1994.

EMBRAPA. **Manual de métodos de análise de solos**. Rio de Janeiro: Serviço Nacional de Levantamento e Conservação de Solos, 1978.

FERREIRA, M. B. Frutos comestíveis do Distrito Federal. III: pequi, mangaba, marolo e mamãozinho. **Cerrado**, Brasília, v. 5, n. 20, p. 22 - 5, 1973.

FONSECA, J. R. **Emprego de análise multivariada na caracterização de germoplasma de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1993. 123f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, Universidade Federal de Lavras, Lavras.

GUERREIRA FILHO, O.; FAZUOLI, L. C.; AGUIAR, A. T. E. Cultivares de *Coffea arabica* selecionadas pelo IAC: características botânicas, ecológicas, agrônomicas e descritores mínimos. **O Agrônomo**, Campinas, v. 55, n. 2, p. 34 - 37, 2003.

**IBGE. Extração vegetal e silvicultura: produto alimentício – mangaba (fruto), quantidade produzida**. 2004. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/estadosat/temas.php?sigla=se&tema=extracaovegetal2004&titulo=Extra%E7%E3o%20vegetal%20e%20silvicultura%202004>. Acesso em: 22 dez. 2006.

LEDERMAN, I. E. et al. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000, 53p. (Série frutas nativas, 2).

LEDERMAN, I. E. et al. Oferta e procedência de frutas tropicais nativas e exóticas na CEASA-Pernambuco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 15, n. 3, p. 203 - 9, 1992.

MONACHINO, J. A revision of *Hancornia* (Apocynaceae). **Lilloa**, Tucumán, v.11, p. 19 - 48, 1945.

NOME, S. F. Aspectos técnicos de la producción de materiales de sanidad controlada. In: PAGLIANO, D. (Coord.). **Calidad genética y sanitaris: um**



**instrumento para la competitividad de la cadena Agroindustrial.** Montevideo: IICA-PROCISUR, 1999. p. 29 – 36.

OLIVEIRA, F. J. de et al. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** Brasília, v. 38, n. 5, p. 71 - 82, 2003.

PARENTE, T. V.; BORGIO, L. A.; MACHADO, J. W. B. Características físico-químicas de frutos de mangaba do cerrado da região geoeconômica do Distrito Federal. Planaltina: **Ciência e Cultura,** Campinas, v. 37, n. 1, p. 95 - 98, 1985.

PEREIRA, A. V. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz).** 1989. 108 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba..

RADMANN, E. B.; OLIVEIRA, R. P. Caracterização de cultivares apirênicas de citros de mesa por meio de descritores morfológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 38, n. 9, p.1123 - 1129, 2003.

SALGADO, K. C. C. et al. Certificação de pureza genética em sementes híbridas de milho por meio de marcadores morfológicos. **Revista Brasileira de Sementes,** Londrina, v. 23, n. 1, p. 232 - 238, 2001.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding,** v. 41, p. 237 - 245, 1981.

SOUSA, C da S. et al. Caracterização botânica e correlações entre caracteres relacionados a folhas e frutos de mangabeiras nativas. **Magistra,** Cruz das Almas, v. 3, p. 25 - 30, 2006.

STAUB, J. E.; GABERT, A.; WEHNER, T. C. Plant variety protection: A consideration of genetic relationships. **HortScience,** Alexandria, v. 31, n. 7, p. 1086 - 1091, 1996.

VIEIRA NETO, R. D. Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). In: SIMPÓSIO NACIONAL DE RECURSOS GENÉTICOS DE FRUTEIRAS NATIVAS, 1993, Cruz das Almas. **Anais...** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1993. p. 109 - 16.

VIEIRA NETO, R. D. Caracterização física de frutos de uma população de mangabeira. **Revista Brasileira de Fruticultura.** Cruz das Almas. v. 19, n. 2, p. 247 - 250, 1997.

VIEIRA NETO, R. D. Mangaba. In: Raul Dantas Vieira Neto. (Org.). **Fruteiras potenciais para os Tabuleiros Costeiros e Baixada Litorânea.** Aracaju: Embrapa-CPATC/Emdagro. p. 115 -140, 2002.

## **CAPÍTULO 2**

### **DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA<sup>1</sup>**

---

<sup>1</sup>Artigo a ser ajustado para submissão ao Comitê Editorial da Revista Brasileira de Fruticultura.

## DISSIMILARIDADE E CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA

**RESUMO:** Este trabalho teve como objetivo caracterizar frutos de genótipos de mangabeiras (*Hancornia speciosa* Gomes) visando identificar materiais com superioridade para caracteres de interesse agrônômico e divergentes, com o intuito de estabelecer um jardim clonal para trabalhos de propagação, conservação e melhoramento da espécie. Foram identificados 70 genótipos em três regiões do Estado da Bahia. De cada genótipo foram coletados 40 frutos para realização das análises físico-químicas. As variáveis estudadas foram: teor de ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e relação sólidos solúveis total/acidez total titulável (SST/ATT). Os dados obtidos foram analisados por estatística descritiva, análise de agrupamento e de componentes principais. Como medida de dissimilaridade foi utilizada a distância Euclidiana média. Os genótipos testados constituíram 05, 07 e 07 grupos para as regiões do Conde, Nova Soure e Ouriçangas, respectivamente, indicando que grupos divergentes devem ser priorizados em trabalhos de melhoramento. As regiões observadas não estão necessariamente distribuídas em grupos diferentes. A variabilidade observada ficou mais evidente dentro de cada população, independente da distância geográfica. Os genótipos CO<sub>21</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>14</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub>, OU<sub>18</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>03</sub> e OU<sub>04</sub> são os mais promissores e dissimilares, o que evidencia a variabilidade existente na espécie, permitindo selecionar materiais para serem utilizados em programas de melhoramento da espécie.

**Palavras Chave:** *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilaridade.

## DISSIMILARITY AND CHEMICAL CHARACTERIZATION OF NATIVE MANGABEIRA FRUITS IN THE STATE OF BAHIA

**ABSTRACT:** The objective of the present work was to characterize mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) fruits aiming to identify genotypes with important agronomic traits in order to establish a clonal garden for propagation, conservation and improvement of the species. Seventy genotypes from three regions of the State of Bahia were identified. Forty fruits were collected from each genotype for the physical-chemical analysis. The variables studied were: ascorbic acid content (vit C), total titratable acidity (TTA), total soluble solids (TSS), hydrogen potential (pH), total sugars (TS), reducing sugars (RS), non reducing sugars (NRS) and total soluble solids/total titratable acidity ratio (TSS/TTA). The data was analyzed using descriptive statistics, cluster analysis and principal components analysis. The average Euclidean distance was used for dissimilarity measures. The genotypes tested clustered in 05, 07 and 07 groups for the Conde, Nova Soure and Ouriçangas regions, respectively, indicating that divergent groups should be prioritized in the breeding program. The regions observed are not necessarily distributed in different groups and variability was most evident within each population, regardless of the geographic distance. The CO<sub>21</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>14</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub>, OU<sub>18</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>03</sub> and OU<sub>04</sub> genotypes are the most promising and dissimilar which demonstrating the variability within the species and enabling the selection of genotypes to be used in the mangaba breeding program.

**Key-words:** *Hancornia speciosa* Gomes, mangaba, dissimilarity.

## INTRODUÇÃO

A fruticultura é um dos segmentos da economia brasileira mais destacada e em contínua evolução. Atende um mercado interno em constante crescimento, e, a cada dia, vem ganhando espaço no mercado internacional com frutas tropicais, subtropicais e de clima temperado, aumentando o volume das exportações, o número de empresas exportadoras, as variedades de frutas exportadas e os países de destino das exportações.

A fruticultura constitui-se em atividade econômica, alimentar e social. Para cada hectare ocupado com fruticultura, são criados diretamente de 3 a 6 empregos e indiretamente de 2 a 3 (BNDES), sendo considerada uma das atividades que possuem uma das relações mais altas de emprego por investimento (David et. al., 1999).

O Brasil cultiva frutíferas de clima temperado (Sul e Sudeste) e de clima tropical e subtropical (Centro-Oeste, Sudeste, Norte e Nordeste), colocando-se em posição privilegiada em relação às demais nações do mundo, existindo ainda grande potencial para algumas frutas nativas das diversas regiões do país. Deve-se salientar que estas frutas nativas são excelentes fontes nutricionais para as populações de baixa renda, além de contribuir para um reforço no orçamento destas famílias que, por meio do extrativismo, comercializam estas frutas junto à população local.

A vantagem de se utilizar frutas nativas é muito grande, pois além destas plantas já estarem adaptadas ao clima e solo da região, possuem um mercado regional garantido, com possibilidade de expansão.

Dentre as fruteiras nativas da região Nordeste de maior interesse pelas agroindústrias, a mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), frutífera da família das Apocynaceae, genuinamente brasileira, vem se destacando dentre as demais. É uma planta que vegeta em áreas de grande insolação, temperatura média de 25°C e pluviosidade de 750 a 1.500 mm anuais. É tolerante a períodos de déficit hídrico, e nas épocas de temperaturas mais elevadas e de menor umidade relativa do ar, apresenta melhores desenvolvimentos vegetativos, podendo ser encontrada em altitudes que variam do nível do mar a até mais de 1.500 metros (Lederman, et al., 2000), sendo típica das restingas do litoral

nordestino e dos cerrados do Centro-Oeste (Vieira Neto, 1993). É uma árvore de porte médio (4 a 7 m de altura), podendo chegar até 15 m, de crescimento lento e copa ampla. O caule é rugoso e pode apresentar de 2 a 3 bifurcações, com 0,2 a 0,3 m de diâmetro.

É uma planta alógama (Dias e Maranhão, 1994) e apresenta até duas florações e frutificações durante o ano. Vieira Neto (1993) relata que a frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade de novembro a junho. As folhas apresentam limbo foliar de forma lanceolada do tipo oblongo-lanceolada (Sousa et al., 2006).

O fruto é do tipo baga, com formato elipsoidal ou arredondado de 2,5 a 6,0 cm, exocarpo amarelo com manchas ou estrias avermelhadas, contendo geralmente 2 a 15 ou até 30 sementes, apresentando alto rendimento de polpa. Parente et al. (1985) avaliando sete frutos de mangaba no estágio maduro, obtiveram médias de 38,70 g por fruto, 2,71 cm (diâmetro transversal), 3,64 cm (diâmetro longitudinal) e rendimento de polpa de 56,67%, sendo este último o caráter mais importante, devido ao maior interesse comercial.

Por apresentar um sabor e aroma característico, a polpa é consumida diretamente ao natural ou utilizada como matéria prima para o preparo de geléias, doces, xaropes, compotas, vinhos, vinagres e principalmente suco e sorvete, indicando um enorme potencial para o incremento da agroindústria brasileira (Mattietto et al., 2003). A mangabeira é uma cultura pouco exigente, podendo desta forma, explorar de forma satisfatória solos arenosos, ácidos, pobres em nutrientes e matéria orgânica e com baixa retenção de água (Vieira Neto, 2002).

A crescente demanda pelos produtos derivados da mangabeira confirma o potencial agro-sócio-econômico de exploração da espécie, o que poderá gerar empregos fixos em cultivo tecnificados dos pomares e nas agroindústrias de processamento. Entretanto, existe necessidade de pesquisas para solucionar os problemas tecnológicos que impossibilitam a exploração comercial dessa fruteira, como por exemplo: os métodos de propagação, porte da árvore, forma de colheita, manejo, sistemas de plantio, etc, são algumas das barreiras que causam algum tipo de problema para implantação de pomares comerciais e para tanto existe a necessidade de estudos para caracterizar esta espécie com relação ao porte, tamanho, forma e composição do fruto; variáveis estas, importantes para seleção de genótipos de interesse agrônômico e econômico.

As características físicas, químicas e físico-químicas das frutas de uma determinada espécie variam, além do fator genético, com o local, os tratos culturais, a época de colheita, o estágio de maturação, etc. (Fonseca et al., 2002).

Assim, o êxito do processo de seleção de matrizes depende da variabilidade genética existente na população base. Portanto, a necessidade de caracterizar e avaliar um número elevado de plantas e principalmente em diferentes regiões é fundamental para obter matrizes distintas e superiores para características de importância econômica.

Geralmente um programa de melhoramento de espécies pouco conhecidas inicia-se com coleta, caracterização e avaliação de germoplasma e posterior seleção de genótipos promissores. Esta fase é conhecida como *pré-breeding* ou pré-melhoramento. Nesta fase o progresso genético é amplo devido à grande variabilidade genética para caracteres de importância agrônômica, aumentando a frequência de genes desejáveis na população.

Os recursos genéticos referem-se ao conjunto de amostras de plantas, animais ou microorganismos que são obtidos com o objetivo de tornar disponíveis caracteres genéticos úteis e com valor atual ou potencial. Do ponto de vista do melhoramento genético, representa a fonte primária de variabilidade para o aperfeiçoamento das plantas, microorganismos e dos animais. À custa desses recursos genéticos os melhoristas contam com uma espécie de reserva que pode ser acionada à medida que a variabilidade vai sendo exaurida com o progresso do melhoramento.

O uso dos recursos genéticos no melhoramento de plantas apóia-se nas três ações complementares: prospecção e coleta de germoplasma; conservação da diversidade; caracterização e avaliação dos germoplasmas (Barreiro Neto, 2003).

A diversidade genética entre um grupo de genótipos tem grande importância por fornecer informações sobre genitores potenciais para serem utilizados em programas de melhoramento. O conhecimento da variabilidade da espécie fornece informações sobre os recursos genéticos disponíveis e auxilia na localização, caracterização e intercâmbio dos mesmos. No estudo da divergência genética podem ser utilizadas técnicas multivariadas. Sua utilização permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo a facilitar a execução da seleção com base na combinação de variáveis,

possibilitando discriminar as populações mais promissoras, principalmente no contexto genético (Cruz e Regazzi, 1997, Lêdo, et al., 2003). Dentre as técnicas multivariadas mais utilizadas para o estudo da divergência genética, citam-se a análise por agrupamento e por componentes principais (Cruz, 1990).

Este trabalho visa caracterizar genótipos de mangabeiras de três regiões do Estado da Bahia, com o objetivo de identificar indivíduos com constituições genéticas superiores para utilização pelos agricultores, bem como, implantação de um banco de germoplasma que servirá de suporte para trabalhos de melhoramento e conhecimento mais refinado sobre as reais formas de estabelecimento da referida fruteira.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

As localidades selecionadas para este estudo apresentam-se geograficamente separadas, sendo: o município do Conde (Litoral Norte), que apresenta altitude de 20 m e está localizado a uma latitude de 11°42'48,8" e longitude de 7°38'45,8". O município de Nova Soure (Semi-árido), que possui altitude de 382 m e 11°23'02,5" e 38°40'56,9", de latitude e longitude, respectivamente. O município de Ouriçangas (Agreste) que possui altitude de 258 m e está localizado a uma latitude de 11°59'08,7" e longitude 38°36'56,1". O clima para cada região segundo a classificação de Köppen são: úmido (Conde), subúmido a seco (Ouriçangas) e semi-árido (Nova Soure). Esta escolha possibilitou a coleta de materiais supostamente diferentes, levando em consideração que o fenótipo do indivíduo é o resultado da ação do genótipo sob influência do ambiente.

A avaliação foi feita para cada região e a escolha da planta para tomada de dados levou em consideração o número suficiente de frutos no mesmo estágio de maturação, sendo em seguida georeferenciada (Tabela 1), com auxílio de GPS (Sistema de Posicionamento Global) e enumeradas com placas de alumínio e por tinta. Esta marcação possibilitará acessar o material em campo após análises e identificação dos genótipos superiores e dissimilares. Para o Conde foram contabilizados 25 genótipos, Nova Soure contribuiu com 20 genótipos e Ouriçangas com 25, perfazendo um total de total de 70 genótipos a serem



avaliados. Vieira Neto (1993), relata que a frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade entre novembro e junho.

**Tabela 1.** Localização dos genótipos de mangabeiras usados para estudo e caracterização. Cruz das Almas, 2006.

GEN	Coordenadas Geográficas			GEN	Coordenadas Geográficas		
	Latitude	Longitude	Altitude (m)		Latitude	Longitude	Altitude (m)
CO <sub>01</sub>	11°42'48,8"	37°38'45,8"	20	NS <sub>11</sub>	11°22'29,7"	38°40'06,0"	371
CO <sub>02</sub>	11°42'49,3"	37°33'45,2"	20	NS <sub>12</sub>	11°22'26,9"	38°40'04,2"	371
CO <sub>03</sub>	11°42'49,5"	37°33'44,2"	17	NS <sub>13</sub>	11°22'31,6"	38°40'01,9"	367
CO <sub>04</sub>	11°42'50,2"	37°33'44,2"	18	NS <sub>14</sub>	11°22'30,9"	38°40'02,0"	366
CO <sub>05</sub>	11°42'49,5"	37°33'44,4"	18	NS <sub>15</sub>	11°22'31,6"	38°40'01,8"	366
CO <sub>06</sub>	11°42'49,2"	37°33'43,8"	17	NS <sub>16</sub>	11°22'31,8"	38°39'57,2"	365
CO <sub>07</sub>	11°42'49,5"	37°33'43,9"	17	NS <sub>17</sub>	11°22'32,2"	38°39'55,3"	365
CO <sub>08</sub>	11°42'50,2"	37°33'43,7"	18	NS <sub>18</sub>	11°22'29,9"	38°39'54,8"	367
CO <sub>09</sub>	11°42'49,8"	37°33'42,7"	21	NS <sub>19</sub>	11°22'29,8"	38°39'52,3"	365
CO <sub>10</sub>	11°42'48,6"	37°33'42,6"	22	NS <sub>20</sub>	11°22'30,0"	38°39'49,7"	365
CO <sub>11</sub>	11°42'48,5"	37°33'42,3"	22	OU <sub>01</sub>	11°59'08,7"	38°36'56,1"	249
CO <sub>12</sub>	11°42'48,3"	37°33'41,2"	32	OU <sub>02</sub>	11°59'07,6"	38°36'56,9"	252
CO <sub>13</sub>	11°42'48,5"	37°33'40,9"	32	OU <sub>03</sub>	11°59'09,9"	38°37'00,1"	258
CO <sub>14</sub>	11°42'47,0"	37°33'41,2"	31	OU <sub>04</sub>	11°59'10,0"	38°36'59,0"	258
CO <sub>15</sub>	11°42'47,3"	37°33'40,0"	31	OU <sub>05</sub>	11°59'06,7"	38°36'46,9"	236
CO <sub>16</sub>	11°42'47,9"	37°33'40,7"	32	OU <sub>06</sub>	11°58'38,8"	38°37'06,0"	239
CO <sub>17</sub>	11°42'48,7"	37°33'41,6"	30	OU <sub>07</sub>	11°58'36,4"	38°37'02,9"	230
CO <sub>18</sub>	11°42'50,1"	37°33'38,6"	29	OU <sub>08</sub>	11°58'35,0"	38°37'06,8"	239
CO <sub>19</sub>	11°43'27,6"	37°33'18,7"	23	OU <sub>09</sub>	11°58'36,6"	38°37'09,5"	247
CO <sub>20</sub>	11°43'28,9"	37°33'18,0"	23	OU <sub>10</sub>	11°58'34,9"	38°37'10,1"	252
CO <sub>21</sub>	11°43'29,6"	37°33'18,1"	21	OU <sub>11</sub>	11°56'36,2"	38°37'40,5"	327
CO <sub>22</sub>	11°43'33,7"	37°33'17,5"	19	OU <sub>12</sub>	11°56'36,6"	38°37'39,2"	326
CO <sub>23</sub>	11°43'34,6"	37°33'17,5"	17	OU <sub>13</sub>	11°56'36,7"	38°37'38,9"	330
CO <sub>24</sub>	11°43'28,6"	37°33'18,1"	21	OU <sub>14</sub>	11°56'36,9"	38°37'38,9"	331
CO <sub>25</sub>	11°43'31,7"	37°33'18,5"	19	OU <sub>15</sub>	11°56'36,8"	38°37'39,2"	333
NS <sub>01</sub>	11°23'02,5"	38°40'56,9"	382	OU <sub>16</sub>	11°56'37,4"	38°37'39,2"	335
NS <sub>02</sub>	11°23'10,7"	38°40'57,2"	378	OU <sub>17</sub>	11°56'37,1"	38°37'38,5"	336
NS <sub>03</sub>	11°13'21,2"	38°41'02,4"	378	OU <sub>18</sub>	11°56'37,2"	38°37'38,6"	335
NS <sub>04</sub>	11°23'23,9"	38°41'00,8"	377	OU <sub>19</sub>	11°56'37,3"	38°37'38,8"	316
NS <sub>05</sub>	11°23'25,9"	38°40'59,2"	377	OU <sub>20</sub>	11°56'37,9"	38°37'38,4"	337
NS <sub>06</sub>	11°23'27,2"	38°40'58,7"	377	OU <sub>21</sub>	11°56'36,7"	38°37'39,9"	338
NS <sub>07</sub>	11°23'27,4"	38°40'58,2"	378	OU <sub>22</sub>	11°56'37,3"	38°37'38,8"	339
NS <sub>08</sub>	11°22'23,7"	38°40'20,7"	380	OU <sub>23</sub>	11°56'36,2"	38°37'38,7"	338
NS <sub>09</sub>	11°22'19,7"	38°40'19,2"	379	OU <sub>24</sub>	11°56'36,4"	38°37'38,1"	340
NS <sub>10</sub>	11°22'19,5"	38°40'19,1"	376	OU <sub>25</sub>	11°56'38,2"	38°37'38,0"	324

GEN - Genótipos

Entretanto, essa produção não ocorre de forma uniforme, o que muitas vezes impossibilita a coleta de um maior número de genótipos, como ficou evidenciado na região de Nova Soure, na qual foi conseguido um número menor de genótipos. Foram coletados em média 40 frutos por genótipo, sendo em seguida acomodados em caixotes plásticos e recobertos por espumas para não sofrerem danos físicos e transportados para o Laboratório de Tecnologia de

Alimentos do Departamento de Química Agrícola e Solos do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) em Cruz das Almas-BA.

### **Avaliações químicas e físico-químicas**

Após a seleção de 30 frutos por planta, descartando-se aqueles com danos e uniformizando-os quanto ao estágio de maturação, indicado pela presença da coloração amarelada ou avermelhada (Vieira Neto, 2002), procedeu-se ao despolpamento manual. Para formar as amostras foram utilizados 30 frutos por genótipo, sendo três repetições de 10 frutos cada. Os caracteres químicos avaliados: potencial hidrogeniônico (pH) da polpa, determinado em potenciômetro, aferido para uma temperatura de 25°C e calibrado com solução de tampão de pH 4 e 7; acidez titulável total (ATT) realizada de acordo com a recomendação da Association of Official Analytical Chemical (1975) com resultados expressos em percentual de ácido cítrico; teor de sólidos solúveis (SST) da polpa por meio da leitura em refratômetro, obtendo-se o valor em grau Brix a 25°C e teor de ácido ascórbico (Vit. C) determinado conforme o método preconizado pelo Instituto Adolfo Lutz (1985). Foi estabelecida a relação entre sólidos solúveis e a acidez titulável total (SST/ATT) e os teores de açúcares totais (ACT), açúcares redutores (ACR) e não redutores (ACNR) conforme recomendação da AOAC (1975).

### **Análise dos dados químicos e físico-químicos**

Os dados foram analisados por estatística descritiva e estimada a média, desvio padrão e coeficiente de variação, sendo as médias originais comparadas pelo valor da média geral mais ou menos um desvio padrão. Os valores acima da média mais um desvio padrão foram classificados como superiores, exceto para o pH que é tomada a média menos um desvio padrão. Foram realizadas análises multivariadas com os dados químicos dos frutos (quantitativos) utilizando-se a Análise por Componente Principal (PCA) com padronização dos dados, sendo possível por meio da matriz de correlação, a elaboração de gráficos de dispersão, que mostram o comportamento dos genótipos no plano. Como medida de dissimilaridade, foi utilizada a distância Euclidiana média e como método

hierárquico UPGMA, para obtenção do dendrograma, citado por Cruz e Carneiro (2003). As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa estatístico GENES - Aplicativo computacional em Genética e Estatística (Cruz, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os frutos da região do Conde (Tabela 2) apresentaram valor médio para teor de Vitamina C de 99.0 mg/100g de polpa; acidez total titulável de 1,49%; teor de sólidos solúveis totais de 13,4 °Brix; pH de 3,27; teor de açúcar total de 11,2%; açúcar redutor de 5,72%; açúcar não redutor de 5,25% e relação sólidos solúveis totais com acidez total titulável de 9,1. Levando em consideração a importância, bem como a reunião em um indivíduo de mais de uma dessas variáveis, foi possível identificar os genótipos, CO<sub>02</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>05</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>07</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>11</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub> e CO<sub>22</sub>, como os que obtiveram maior destaque com valores acima da média mais um desvio padrão.

Na avaliação feita com os frutos da região de Nova Soure (Tabela 2), foram encontrados valores médios para o teor de Vitamina C de 91,3 mg/100g de polpa; acidez total titulável de 1,43%; teor de sólidos solúveis totais de 15,2 °Brix; pH de 3,27; teor de açúcar total de 9,99%; açúcar redutor de 4,89%; açúcar não redutor de 4,25% e relação sólidos solúveis totais com acidez total titulável de 10,59. Os genótipos que mais se destacaram dentro do grupo com valores acima da média foram: NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>05</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>18</sub> e NS<sub>20</sub>.

Os genótipos do município de Ouriçangas (Tabela 2) apresentaram valor médio para o teor de Vitamina C de 105.0 mg/100g de polpa; acidez total titulável de 1,55%; teor de sólidos solúveis totais de 16,4 °Brix; pH de 3,30; teor de açúcar total de 11,2%; açúcar redutor de 5,39%; açúcar não redutor de 5,77% e relação sólidos solúveis totais com acidez total titulável de 10,83. Os genótipos OU<sub>03</sub>, OU<sub>04</sub>, OU<sub>05</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>18</sub> e OU<sub>24</sub>, apresentaram valores acima da média.

**Tabela 2.** Genótipo (GEN) <sup>[1]</sup>, teor de ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e relação sólidos solúveis total e acidez total titulável (SST/ATT). Cruz das Almas-BA, 2006.

Conde-BA									Nova Soure-BA									Ouriçangas-BA								
Caracteres									Caracteres									Caracteres								
GEN	Vit. C mg/100g	ATT (%)	SST °Brix	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT T	GEN	Vit. C mg/100g	ATT (%)	SST °Brix	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT	GEN	Vit. C mg/100g	ATT (%)	SST °Brix	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT
CO <sub>01</sub>	98.2	1.53	14	3.27	11.4	6.18	5.19	9.15	NS <sub>01</sub>	89.3	1.67	17.4	3.25	10.8	5.31	5.45	10.44	OU <sub>01</sub>	86.3	1.65	16.8	3.3	11.4	5.52	5.85	10.19
CO <sub>02</sub>	100	1.39	14.6	3.38	11.1	6.28	4.85	10.5	NS <sub>02</sub>	86.3	1.42	16	3.48	10.3	5.64	4.7	11.26	OU <sub>02</sub>	89.2	1.35	16	3.47	11.1	4.9	6.23	11.82
CO <sub>03</sub>	123	1.8	13.8	3.22	13.3	7.73	5.6	7.67	NS <sub>03</sub>	89.3	1.38	15.6	3.2	10.2	4.96	5.27	11.33	OU <sub>03</sub>	119	1.29	20	3.17	13.3	7.55	5.79	15.49
CO <sub>04</sub>	109	1.5	14	3.31	12.9	6.32	6.55	9.33	NS <sub>04</sub>	96	1.22	17	3.38	11.2	5.18	6.02	13.97	OU <sub>04</sub>	98.3	1.62	19.4	3.21	12.9	6.55	6.32	12
CO <sub>05</sub>	87	1.2	12.4	3.52	12.8	7.58	5.19	10.33	NS <sub>05</sub>	98.2	1.34	15.8	3.18	9.93	3.09	6.85	11.78	OU <sub>05</sub>	86.3	1.68	18.2	3.35	12.8	6.22	6.55	10.86
CO <sub>06</sub>	96.7	1.3	15	3.33	12.9	7.11	5.79	11.54	NS <sub>06</sub>	86.2	1.37	15.8	3.19	10.5	5.84	4.7	11.56	OU <sub>06</sub>	88.5	1.84	17	3.18	12.9	6.88	6.02	9.25
CO <sub>07</sub>	98.2	1.67	12.2	3.17	11.4	5.83	5.6	7.31	NS <sub>07</sub>	87.6	1.28	16	3.23	9.93	4.56	5.37	12.54	OU <sub>07</sub>	89.9	1.59	16	3.34	11.4	5.65	5.78	10.05
CO <sub>08</sub>	123	1.96	14.8	3.21	10.8	5.01	5.23	7.55	NS <sub>08</sub>	98.1	1.35	14	3.23	9.07	4.07	5	10.34	OU <sub>08</sub>	127	1.58	16.4	3.37	10.8	5.48	5.32	10.42
CO <sub>09</sub>	102	1.72	12.8	3.2	11.2	6.35	4.85	7.44	NS <sub>09</sub>	95.2	1.55	15.4	3.26	9.33	3.96	5.37	9.91	OU <sub>09</sub>	127	1.32	17	3.51	11.2	5.18	6.02	13.97
CO <sub>10</sub>	89.2	1.31	12.4	3.25	9.73	2.49	4.23	9.47	NS <sub>10</sub>	83.8	1.87	15	3.04	9.97	4.78	5.19	8.04	OU <sub>10</sub>	84	1.4	15	3.39	9.73	4.78	4	10.71
CO <sub>11</sub>	80.6	1.05	11.8	3.37	10.7	5.85	4.85	11.24	NS <sub>11</sub>	92.3	1.54	15	3.4	10.2	4.15	6.02	9.77	OU <sub>11</sub>	92.4	1.91	16	3.26	10.7	5.33	5.37	8.38
CO <sub>12</sub>	98.5	1.43	14	3.33	11.1	5.91	5.19	9.79	NS <sub>12</sub>	89.3	1.55	14.6	3.32	10.3	5.24	5.03	9.41	OU <sub>12</sub>	89.6	1.3	15.4	3.22	11.1	3.56	7.54	11.85
CO <sub>13</sub>	89.3	1.58	12.8	3.16	10.8	5.62	4.57	8.1	NS <sub>13</sub>	89.6	1.3	16	3.22	10.6	4.58	6.02	12.35	OU <sub>13</sub>	108	1.83	14.6	3.4	10.8	4.98	5.79	7.97
CO <sub>14</sub>	89.3	1.49	12.4	2.22	11.3	6.42	4.85	8.32	NS <sub>14</sub>	82.3	1.55	15.8	3.21	10.7	4.88	5.79	10.2	OU <sub>14</sub>	82.7	1.56	15.4	3.22	11.3	3.33	7.94	9.84
CO <sub>15</sub>	121	1.66	13.6	3.18	10.8	4.98	5.79	8.19	NS <sub>15</sub>	98.2	1.19	13.8	3.42	9.4	1.86	7.54	11.62	OU <sub>15</sub>	89.6	1.57	16.4	3.16	10.8	5.4	5.37	10.43
CO <sub>16</sub>	81.4	1.33	12	3.3	10.7	5.82	4.85	9.02	NS <sub>16</sub>	98.5	1.48	14.4	3.2	9.33	2.79	6.55	9.73	OU <sub>16</sub>	129	1.37	16	3.28	10.7	4.35	6.32	11.7
CO <sub>17</sub>	82.6	1.52	14	3.24	10.8	5.65	5.19	9.21	NS <sub>17</sub>	85.2	1.49	16	3.28	10.4	2.46	7.94	10.71	OU <sub>17</sub>	125	1.4	15.8	3.4	10.8	5.46	5.37	11.31
CO <sub>18</sub>	83.7	1.44	12.4	3.3	11.4	6.21	5.19	8.61	NS <sub>18</sub>	98.2	1.25	12.6	3.38	9.17	3.61	5.56	10.12	OU <sub>18</sub>	89.5	1.36	16.6	3.26	11.4	5.98	5.42	12.21
CO <sub>19</sub>	84.7	1.45	12.8	3.48	10.3	5.11	5.19	8.83	NS <sub>19</sub>	89.7	1.39	12.4	3.47	8.33	1.49	6.85	8.93	OU <sub>19</sub>	126	1.66	15	3.17	10.3	4.7	5.6	9.05
CO <sub>20</sub>	87	1.23	12.8	3.54	12.2	5.92	6.25	10.41	NS <sub>20</sub>	91.7	1.5	15	3.09	10.2	3.62	6.55	10.02	OU <sub>20</sub>	126	1.57	18	3.4	12.2	6.15	6.02	11.44
CO <sub>21</sub>	98.8	1.57	14.6	3.34	10.3	4.51	5.45	9.3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>21</sub>	130	1.35	15	3.28	10.3	5.11	5.19	11.09
CO <sub>22</sub>	116	1.47	14.6	3.47	10.2	3.65	5.36	9.93	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>22</sub>	102	1.8	15	3.15	10.2	4.41	5.79	8.36
CO <sub>23</sub>	99.5	1.36	13.6	3.31	10.7	5.3	5.37	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>23</sub>	127	1.6	17.4	3.24	10.7	5.82	4.85	10.89
CO <sub>24</sub>	116	1.61	13.4	3.27	10.9	5.5	5.37	8.32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>24</sub>	122	1.35	17	3.5	10.9	6.3	4.57	12.59
CO <sub>25</sub>	120	1.75	13.8	3.3	10.4	5.67	4.7	7.89	-	-	-	-	-	-	-	-	-	OU <sub>25</sub>	89.2	1.71	15.4	3.23	10.4	5.18	5.19	8.99
Média	99	1.49	13.4	3.27	11.2	5.72	5.25	9.1	Média	91.3	1.43	15.2	3.27	9.99	4.89	4.25	10.59	Média	105	1.55	16.4	3.3	11.2	5.39	5.77	10.83
DP <sup>[2]</sup>	14.1	0.2	0.96	0.24	0.93	1.11	0.51	1.18	DP <sup>[2]</sup>	5.32	0.16	1.28	0.12	0.69	1.24	0.91	1.37	DP <sup>[2]</sup>	18.3	0.19	1.37	0.11	0.93	0.96	0.83	1.74
CV <sup>[3]</sup>	14.2	13.7	7.16	7.4	8.31	19.4	9.7	12.92	CV <sup>[3]</sup>	28.2	11.5	8.41	3.64	6.95	30.3	15.5	12.82	CV <sup>[3]</sup>	17.4	12.1	8.34	3.29	8.31	17.8	14.3	12,32
M+DP	113	1.7	14.3	3.51	12.1	6.83	5.76	10.27	M+DP	96.6	1.6	16.5	3.39	10.7	6.13	5.16	11.96	M+DP	123	1.73	17.8	3.41	12.1	6.35	6.59	12.58

<sup>[1]</sup> Caracterização química e físico-química de frutos de mangabeiras das regiões em estudo. Cruz das Almas-BA, 2006., <sup>[2]</sup> Desvio Padrão, <sup>[3]</sup> Coeficiente de Variação.

Como pode ser observado o coeficiente de variação, quase que em sua totalidade, apresentou valores abaixo de 20% indicando precisão dos dados. Para Pimentel Gomes (1985) um coeficiente de variação pode ser considerado médio, quando de 10 a 20%. Em relação às variáveis químicas, o valor encontrado para pH nos genótipos selecionado foi superior a 3,39 acima do relatado por Fonseca et al. (2003), que encontrou pH de 3,12, em frutos da região de Camaçari-Ba. Valores mais elevados de pH, o que proporciona baixa acidez, são preferidos para o consumo *in natura*. No entanto, causam problema para indústria, pois favorecem às atividades enzimáticas e desenvolvimento de microorganismos. Assim, a indústria utiliza o pH como forma de neutralizar tal efeito, sendo o pH em torno de 4,5 muito importante, pois abaixo desse nível não acontece desenvolvimento de microorganismos patogênicos. Em alimentos muito ácidos (pH < 4,0) a microbiota capaz de se desenvolver é restrita apenas aos bolores e leveduras e, por vezes, bactérias lácteas e acéticas (Hoffmann, 2001). Os genótipos avaliados apresentaram pH abaixo do requerido pelas indústrias, o que demonstra grande potencial para indústria de processamento.

No que se refere à acidez total titulável (ATT), o escore atribuído para classificar os genótipos como superiores foi de 1,60% de ácido cítrico. Fonseca et al. (2002) encontrou valor semelhante de 1,59%. O teor de ácido cítrico presente nos frutos é de suma importância para as indústrias de beneficiamento, pois, quanto maior for este valor, menor será o gasto com adição de ácidos orgânicos aos derivados (Gerhardt et al., 1997).

O conteúdo de sólidos solúveis totais (SST) obtidos para a seleção dos genótipos superiores foi acima de 14,34 °Brix, equiparando-se ou superando em alguns casos os valores relatados por Borges et al. (2000) que foi de 16,7 °Brix, em frutos nativos da região de Fortaleza-CE. Os sólidos solúveis indicam a quantidade, em gramas, dos sólidos que se encontram dissolvidos na polpa. São constituídos por compostos solúveis em água, que representam substâncias, tais como, açúcar, ácidos, vitaminas e algumas pectinas (Oliveira et al., 1998) sendo usados como índice de açúcares totais em frutos, indicando o grau de maturidade. Considerando o ponto de vista da agroindústria, são preferidos os frutos com teores de sólidos solúveis totais mais elevados, por implicarem em maior rendimento e menor custo operacional (Nascimento et al., 1991).

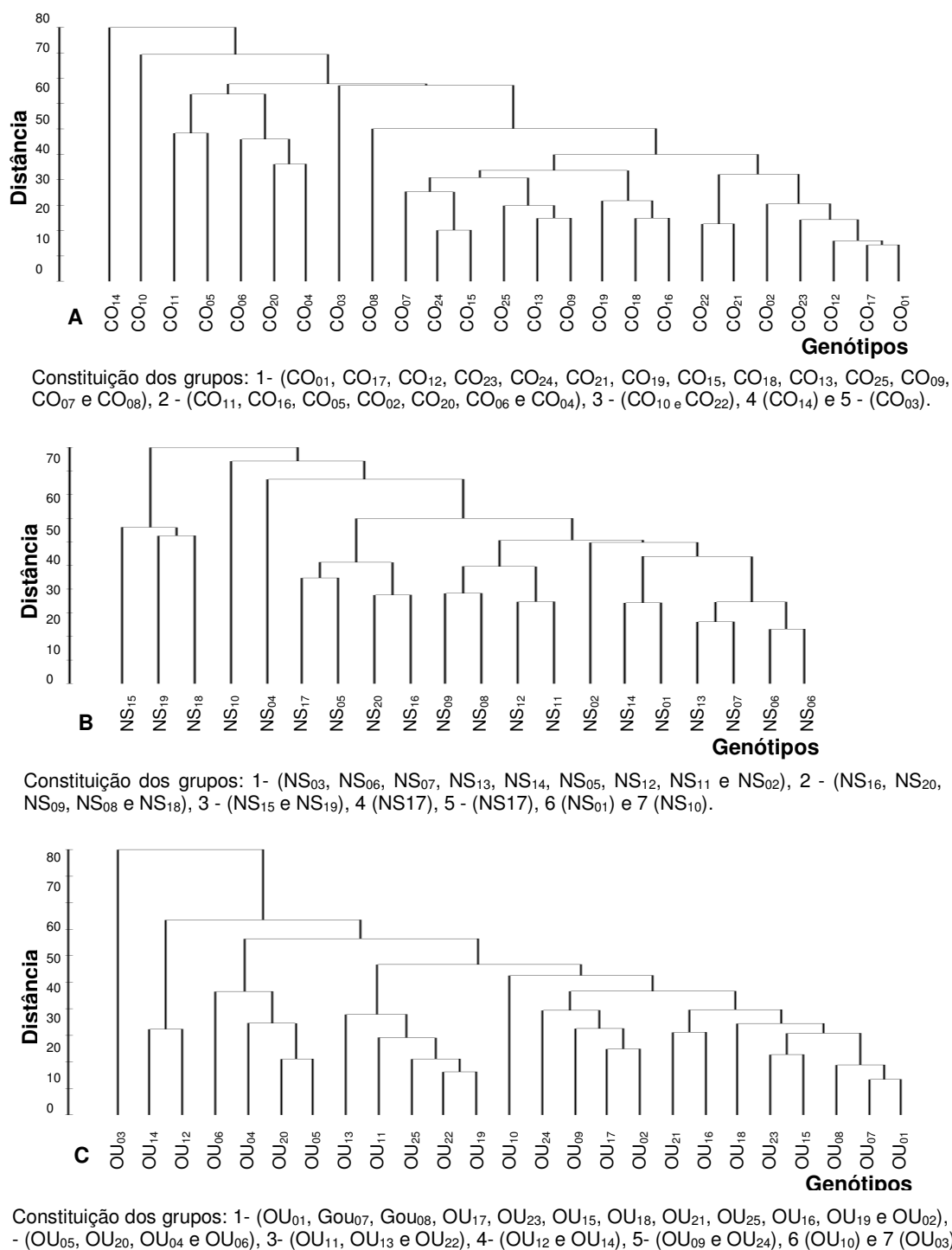
A relação entre sólidos solúveis totais e acidez titulável total (SST/ATT) foi de 10,27 para que os genótipos fossem considerados superiores, sendo portanto, superior aos 3,4 obtidos por Colauto et al. (1986) e aos 4,5 de Queirós et al. (1998) estudando frutos de maracujá. Essa medida nos dá um indicativo do sabor dos frutos, sendo mais representativa que a medição isolada de açúcar e acidez. Para o mercado de frutas frescas é desejável uma relação SST/ATT elevada (Chitarra e Chitarra, 1990), além de proporcionar ótimas propriedades para sua conservação e industrialização.

O ácido ascórbico (Vit C) detectado para seleção, teve seu escore entre 96,6 e 123 mg.100/g, sendo em alguns casos próximo ao relatado por Lederman et al. (2000), 128,0 mg.100/g. Entretanto, o teor de Vitamina C presente nas frutas é um parâmetro nutricional de grande importância, porém não se verificam exigências relacionadas a este caráter, mesmo no caso de frutas destinadas a industrialização. Por isso, pode ser considerado um parâmetro tecnológico dispensável (De Marchi et al., 2000).

Os teores de açúcares totais para identificação dos genótipos como superiores foi de 10,7%, valores abaixo dos encontrados por Aldrigue (1988) de 13,3%, e acima dos encontrados por Bastos et al. (1999) de 3,54%, Silva et al. (1999) de 4,53% e por Oliveira et al. (2000) de 4,93%, onde avaliaram a qualidade de polpa de cajá. Os monossacarídeos, glicose e frutose, são açúcares redutores por possuírem grupo carbonílico e cetônico livres, capazes de se oxidarem na presença de agentes oxidantes em soluções alcalinas. Os dissacarídeos que não possuem essa característica sem sofrerem hidrólise da ligação glicosídica são denominados de açúcares não redutores.

Estes resultados são considerados acima do padrão exigido para a industrialização de polpa de frutas tropicais pela Instrução normativa nº 01 de 07/01/2000 do Ministério da Agricultura. Baseando-se nos valores alcançados pelos genótipos selecionados, podem ser considerados promissores para o melhoramento da espécie, uma vez que reúnem um conjunto de variáveis (Tabela 1) que podem ser aproveitados.

Na apresentação dos dendogramas na Figura 1 (A,B,C), pode-se observar a formação de grupos de genótipos que apresentaram algum grau de similaridade baseada no conjunto de variáveis químicas avaliadas. A formação dos grupos permite inferir sobre a variabilidade entre os genótipos avaliados.



**Figura 1.** A - Dendrograma de 25 genótipos de mangabeiras da região do Conde-BA, B - 20 genótipos de mangabeiras da região de Nova Soure-BA e C - 25 genótipos de mangabeiras da região de Ouriçangas-BA, construídos a partir dos dados químicos e físico-químicos de frutos. Cruz das Almas-BA, 2006.

Pela análise de agrupamento utilizando a técnica de Tocher, com base na matriz de similaridade, baseada na distância Euclidiana média padronizada, foi possível revelar a existência de cinco grupos para a região do Conde-BA, sendo o grupo um constituído pelos genótipos: CO<sub>01</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>23</sub>, CO<sub>24</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>19</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>13</sub>, CO<sub>25</sub>, CO<sub>09</sub>, CO<sub>07</sub> e CO<sub>08</sub>. O grupo dois, formado pelos genótipos: CO<sub>11</sub>, CO<sub>16</sub>, CO<sub>05</sub>, CO<sub>02</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>06</sub> e CO<sub>04</sub>. o grupo três, CO<sub>10</sub> e CO<sub>22</sub>, ficando o quatro (CO<sub>14</sub>) e cinco (CO<sub>03</sub>). A maior distância observada ficou entre os genótipos CO<sub>03</sub> e CO<sub>14</sub> e a menor entre CO<sub>01</sub> e CO<sub>17</sub>, o que pode ser comprovado também pela análise do dendrograma (Figura 1 A), confirmando os resultados de divergência entre os genótipos estudados.

Para os genótipos de Nova Soure-BA, foi possível estabelecer a formação de sete grupos sendo o grupo um formado pelos genótipos: NS<sub>03</sub>, NS<sub>06</sub>, NS<sub>07</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>14</sub>, NS<sub>05</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>11</sub> e NS<sub>02</sub>; o grupo dois: NS<sub>16</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>09</sub>, NS<sub>08</sub> e NS<sub>18</sub>; o grupo três, constituído pelos genótipos: NS<sub>15</sub> e NS<sub>19</sub>; o grupo quatro: (NS<sub>17</sub>), cinco (NS<sub>17</sub>), seis (NS<sub>01</sub>) e sete (NS<sub>10</sub>). A maior distância observada ficou entre os genótipos NS<sub>03</sub> e NS<sub>15</sub> e a menor entre NS<sub>03</sub> e NS<sub>16</sub>, o que pode ser comprovado pela análise do dendrograma (Figura 1 B).

Pela análise de agrupamento, para a região de Ouriçangas-BA, foi possível estabelecer a formação de sete grupos, tendo o grupo um os genótipos: OU<sub>01</sub>, Gou<sub>07</sub>, Gou<sub>08</sub>, OU<sub>17</sub>, OU<sub>23</sub>, OU<sub>15</sub>, OU<sub>18</sub>, OU<sub>21</sub>, OU<sub>25</sub>, OU<sub>16</sub>, OU<sub>19</sub> e OU<sub>02</sub>; o grupo dois: OU<sub>05</sub>, OU<sub>20</sub>, OU<sub>04</sub> e OU<sub>06</sub>; o grupo três: OU<sub>11</sub>, OU<sub>13</sub> e OU<sub>22</sub>; o grupo quatro: OU<sub>12</sub> e OU<sub>14</sub>; o grupo cinco: OU<sub>09</sub> e OU<sub>24</sub>; os genótipos OU<sub>10</sub> e OU<sub>03</sub> representam os grupos seis e sete, respectivamente. A maior distância observada ficou entre os genótipos OU<sub>03</sub> e OU<sub>13</sub> e a menor entre OU<sub>01</sub> e OU<sub>07</sub>, podendo ser confirmado pela análise de dissimilaridade presente no dendrograma (Figura 1 C), o que comprova a diferença entre os genótipos avaliados e contribuindo com uma maior certificação do material divergente.

Com relação à análise de componentes principais, observa-se pela Tabela 3 que, para a região do Conde-BA, os componentes principais 1, 2 e 3 envolveram mais de 81,74% da variação total disponível, justificando assim sua utilização em estudos de divergência genética. A contribuição de cada componente para variabilidade foram respectivamente 33,23; 28,39 e 20,10%.



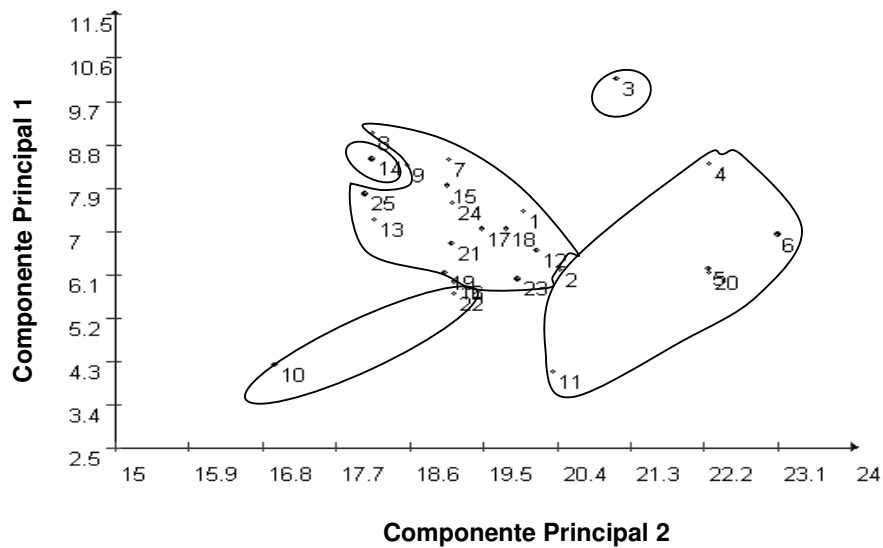
**Tabela 3** – Componentes principais obtidos na análise das variáveis acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e relação sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT), de frutos de mangabeira da região do Conde-BA. Cruz das Almas-BA, 2006.

Características Avaliadas	Autovetores Associados		
	CP 1	CP 2	CP 3
ATT	-0.2859	0.5847	0.2733
SST	0.1324	0.1937	0.6842
pH	0.2629	-0.2989	0.4277
AT	0.5399	0.3221	-0.2006
AR	0.4244	0.3285	-0.3939
ANR	0.4507	0.2422	0.2716
SST/ATT	0.3961	-0.5108	0.0711
Variância (%)	33.23	28.39	20.10
Variância Acumulada (%)	33.23	61.63	81.74

A observação da influência nos últimos componentes é importante por indicar os caracteres com menor importância para a divergência genética nas amostras avaliadas. Por outro lado, os maiores pesos nos primeiros componentes indicam as variáveis que mais contribuíram para a divergência (Cruz e Regazzi, 1997).

As variáveis com maiores pesos para o primeiro componente foram açúcar total (AT), açúcar não redutor (ANR) e açúcar redutor (AR). No segundo componente, destacaram-se a acidez total titulável (ATT) e a relação entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT). No terceiro componente destacaram-se as variáveis, sólidos solúveis totais e pH avaliadas como de maior peso na variação desse componente (Tabela 3). Tais características mostram-se importantes para a diversidade observada.

Na Figura 2 é apresentada a dispersão dos 25 genótipos em relação aos dois primeiros componentes principais. Verifica-se considerável divergência genética entre os genótipos estudados, concordando com os resultados obtidos na análise de agrupamento.



**Figura 2.** Dispersão gráfica dos 25 genótipos de mangabeira da região do Conde-BA, em relação aos componentes principais. Cruz das Almas-BA, 2006.

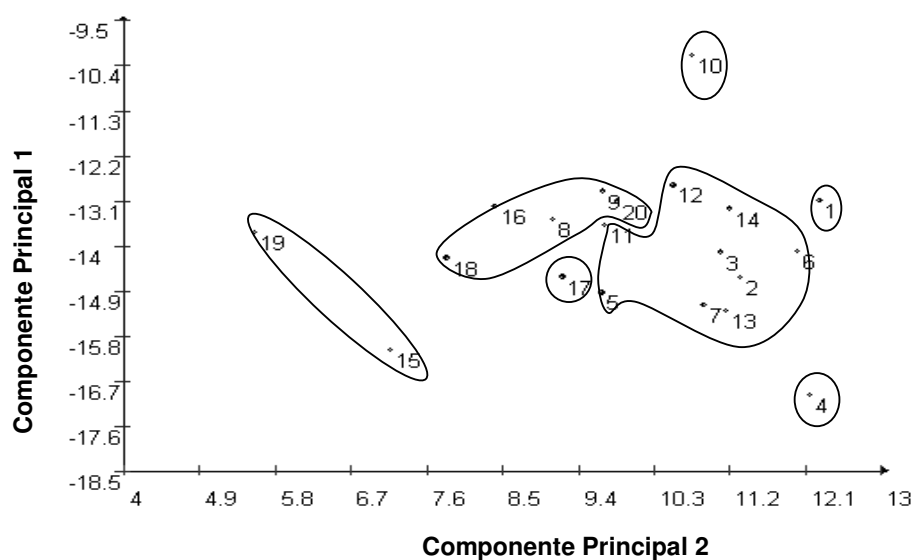
Pela avaliação da análise de componentes principais, observa-se pela Tabela 4 que, para a região de Nova Soure-BA, os componentes principais 1, 2 e 3 envolveram mais de 88,82% da variação total disponível, justificando assim sua utilização em estudos de divergência genética. A contribuição de cada componente para variabilidade foram respectivamente 43,49; 28,95 e 16,34%.

As variáveis com maiores pesos para o primeiro componente foram sólidos solúveis totais (SST), açúcar total (AT) e açúcar redutor (AR). No segundo componente, destacaram-se a acidez total titulável (ATT) e a relação entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT). No terceiro componente destacaram-se as variáveis, açúcar não redutor (ANT) e potencial hidrogeniônico (pH), tidos, neste caso, como de maior responsabilidade na variação desse componente (Tabela 4), mostrando ser importante para a diversidade observada.

**Tabela 4** – Componentes principais obtidos na análise das variáveis, acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), pH, açúcares totais (AT) açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e relação entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT), de frutos de mangabeira da região de Nova Soure-BA. Cruz das Almas-BA, 2006.

Características Avaliadas	Autovetores Associados		
	CP 1	CP 2	CP 3
ATT	0.1371	0.6208	0.2200
SST	0.5010	-0.1336	0.3140
pH	-0.2135	-0.3514	-0.4412
AT	0.5046	-0.1443	0.2422
AR	0.5198	0.0923	-0.3654
ANR	-0.3246	-0.2364	0.6820
SST/ATT	0.2330	-0.6228	0.0317
Variância (%)	43.49	28.95	16.34
Variância Acumulada (%)	43.49	72.49	88.82

Na Figura 3 é apresentada a dispersão dos 20 genótipos em relação aos dois primeiros componentes principais. Verifica-se considerável divergência genética entre os genótipos estudados, concordando com os resultados obtidos na análise de agrupamento.



**Figura 3.** Dispersão gráfica dos escores de 25 genótipos de mangabeira da região de Nova Soure-BA, em relação aos componentes principais. Cruz das Almas-BA, 2006.

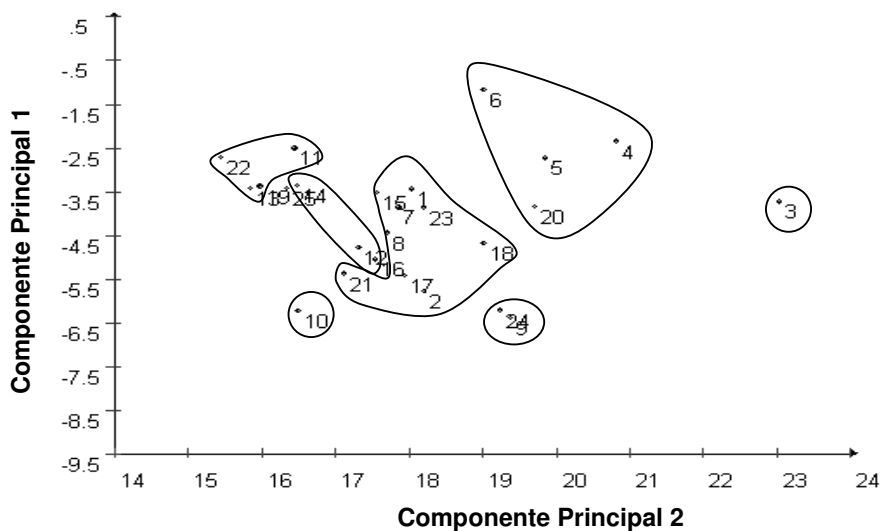
Avaliando-se os componentes principais, pode-se notar (Tabela 5) que, na região de Ouriçangas-BA, os componentes principais 1, 2 e 3 foram responsáveis por mais de 88,05% da variação total disponível, o que assegura a sua utilização em estudos de divergência genética. A contribuição de cada componente para variabilidade foi, respectivamente 29,96; 18,01 e 13,66%.

Nesta situação as variáveis que respondem com maiores pesos para o primeiro componente foram sólidos solúveis totais (SST), açúcar total (AT) e açúcar redutor (AR). No segundo componente, destacaram-se a acidez total titulável (ATT) e o pH. No terceiro componente destacaram-se as variáveis, açúcar não redutor (ANR) e açúcar redutor (AR) sendo os responsáveis pela maior parte das variações ocorridas nos componentes em evidência.

**Tabela 5** – Componentes principais obtidos na análise das variáveis, acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), pH, açúcares totais (AT) açúcar redutor (AR), açúcar não redutor (ANR) e a relação entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT), de frutos de mangabeira da região de Ouriçangas-BA. Cruz das Almas-BA, 2006.

Características Avaliadas	Autovetores Associados		
	CP 1	CP 2	CP 3
ATT	-0.2216	0.6113	-0.2603
SST	0.5428	0.1674	-0.0502
pH	0.0591	-0.5027	-0.1905
AT	0.4828	0.3334	0.1629
AR	0.4512	0.1856	-0.4715
ANR	0.0464	0.2181	0.7847
SST/ATT	0.4624	-0.3904	0.1698
Variância (%)	29.96	18.01	13.66
Variância Acumulada (%)	42.8	68.54	88.05

Na Figura 4 é apresentada dispersão dos 25 genótipos em relação aos dois primeiros componentes principais, sendo possível verificar uma considerável divergência genética entre os genótipos estudados, concordando com os resultados obtidos na análise de agrupamento.



**Figura 4.** Dispersão gráfica dos escores de 25 genótipos de mangabeira da região de Ouriçangas-BA, em relação aos componentes principais. Cruz das Almas-BA, 2006.

A comparação dos dados do gráfico de dispersão com os valores apresentados nas tabelas de caracterização física (Tabela 2) possibilitaram identificar os genótipos dispersos em diferentes grupos que possuem comportamento superior para os caracteres avaliados. Os genótipos CO<sub>02</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>05</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>07</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>14</sub>, CO<sub>15</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>21</sub> e CO<sub>22</sub> foram avaliados como superiores, porém, ao serem relacionados quanto a sua dispersão e dissimilaridade, nota-se que apenas os genótipos, CO<sub>21</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>14</sub> podem ser categoricamente identificados como tal. Avaliando o comportamento desses genótipos na Tabela 2, é possível verificar que possuem superioridade para a maioria dos caracteres químicos como SST, AR, AT, ANR e SST/ATT. Isto permite indicá-los como genitores promissores, visto que segundo Cruz (1990) o genótipo além de ser divergente deve possuir características superiores para ser utilizado em cruzamentos genéticos. Na região de Nova Soure-BA, por meio da mesma avaliação, foi possível verificar que os genótipos NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub> correspondem aos requisitos para serem selecionados, já para Ouriçangas esta responsabilidade ficou com os genótipos, OU<sub>18</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>03</sub> e OU<sub>04</sub>.

Desta forma foi possível identificar a formação de uma população distinta composta por 16 genótipos, sendo: CO<sub>21</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>14</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub>, OU<sub>18</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>03</sub> e OU<sub>04</sub>.

## CONCLUSÕES

Existe variabilidade entre os genótipos avaliados dentro de cada população em estudo para os caracteres químicos da polpa do fruto.

Os caracteres que contribuíram para maior divergência dos genótipos da região do Conde foram: açúcar total (AT), açúcar não redutor (ANR) e açúcar redutor (AR).

Os caracteres que contribuíram para maior divergência dos genótipos da região de Nova Soure, bem como de Ouriçangas, foram: sólidos solúveis totais (SST), açúcar total (AT) e açúcar redutor (AR).

Considerando os caracteres químicos, as matrizes mais promissoras para trabalhos de melhoramento da espécie são: CO<sub>21</sub>, CO<sub>06</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>14</sub>, NS<sub>01</sub>, (Região do Conde-BA); NS<sub>04</sub>, NS<sub>15</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub>, (Região de Nova Soure-BA); OU<sub>18</sub>, OU<sub>12</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>03</sub> e OU<sub>04</sub>, (Região de Ouriçangas-BA).

## REFERÊNCIAS

ALDRIGUE, M. L. Caracterização física, química e físico-química do cajá (*Spondias lutea* L.). In: SEMINÁRIO AGROPECUÁRIO DO ACRE, 2., 1986, Rio Branco. **Anais...** Rio Branco: Embrapa-UEPAE, 1988. p. 323 - 327.

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official methods of analysis of the AOAC**. 12.ed. Washigton D.C., 1975. p. 391 - 410.

BARREIRO NETO, M. Recursos genéticos para o melhoramento da mangabeira no estado da Paraíba. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, 2003. Aracaju. **Anais...** Aracaju: Embrapa-CPATC, 2003. 1CD ROM.

BASTOS, M. do S. R.; FEITOSA, T.; OLIVEIRA, M. E. B. de. Análise qualitativa e tecnológica da agroindústria de polpa de fruta na Região Nordeste. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 21, n. 3, p. 252 - 257, dez. 1999.

BORGES, M. de F; FILGUEIRAS, H.A.C; MOURA, C.F.H. Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). In: ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A C.; MOURA, C.F.H. (Coords.). **Caracterização de frutas nativas da América Latina**. Jaboticabal: FUNEP, 2000. p. 44 - 47. (Série frutas nativas).

CHITARRA, M.I.F.; CHITARRA, A.B. **Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e manuseio**. Lavras: ESAL-FAEPE, 1990. 320p.

COLAUTO, N. M. et al. Efeito do nitrogênio e potássio sobre a produção, qualidade e estado nutricional do maracujazeiro amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 7, p. 691 - 695, 1986.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2003.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C. D.; **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

DAVID, D. V.; SILVA, J. M. A.; SILVA, P. M. **Diagnóstico de produção e comercialização de mudas e semente de espécies frutíferas na região Nordeste do Brasil**. Viçosa, MG: UFV; DER; FUNABE, 1999. 215p.

DE MARCHI, R. et al. Uso da cor da casca como indicador de qualidade do maracujá-amarelo (*Passiflora edulis* Sims. f. *flavicarpa* Deg.) destinado à industrialização. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 20, n. 3. 2000.

DIAS, M. G. L.; MARANHÃO, T. O. Análise citogenética e palinológica quanto à viabilidade e morfologia em mangabeira (*Hancornia speciosa*). **Biociências**, Taubaté, v.1, p. 61 – 69, 1994.

FONSECA, A. A. O. et al. Caracterização física, química e físico-química dos frutos de 12 genótipos de jenipapeiros no Recôncavo Baiano. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2. 2003, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: SBPM, 2003. 1CD-ROM.

FONSECA, A. A. O. et al. Qualidades física, química e físico - química de frutos nativos de mangabeiras (*Hancornia speciosa*) da região de camaçari-BA. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE TECNOLOGIA DOS ALIMENTOS, 18., 2002, Porto Alegre-RS. **Anais...**, Porto Alegre - Rs: CBTA, 2002. 1CD-ROM.

GERHARDT, L. B. A. et al. Características físico-químicas dos frutos de quatro cultivares e três clones de goiabeira em Porto Lucena, RS. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 2, p. 185-192, 1997.

HOFFMANN, F. L. Fatores limitantes à proliferação de microorganismos em alimentos. **Brasil Alimentos**, São Paulo, v. 1, n. 9, p. 23 - 30, 2001.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz:** métodos químicos e físicos para análise. 2. ed. São Paulo, 1985. v. 1.

LEDERMAN, I. E. et al. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000, 53p. (Série Frutas nativas, 2).

LEDO, C. A. S.; SILVA JUNIOR, J. F.; LEDO, A. S. Análise multivariada para avaliação da divergência genética em uma população de mangabeira baseada em caracteres morfológicos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, 2003, Aracaju. **Anais...** Aracaju: Embrapa/CPATC, 2003. 1CD - ROM.

MATTIETTO, R. A.; SOARES, M. S.; RIBEIRO, C. C. Caracterização física e físico-químicos de frutos de mangaba provenientes de Belém-PA. In.: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, Aracaju. **Anais...**Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. 1CD-ROM.

NASCIMENTO, L. M. do et al. Caracterização físico-química dos frutos de 23 cultivares de goiabeiras (*Psidium guajava* L.) durante o processo de maturação. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 13, n. 3, p. 25 - 42, 1991.

OLIVEIRA, M. E. B. de et al. Perfil químico de qualidade das polpas de acerola, cajá e caju comercializadas no Estado da Bahia. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, p. 9 - 15, jul. 2000. Número especial.

OLIVEIRA, M. E. B. de et al. Avaliação química da qualidade de polpas de frutas congeladas, fabricadas e comercializadas nos Estados do Ceará e Rio Grande do Norte. **Boletim do CEPPA**, Curitiba, v. 16, n. 1, p. 13 - 21, 1998.

PARENTE, T. V.; BORGIO, L. A.; MACHADO, J. W. B. Características físico-químicos de frutos de mangaba do cerrado da região geoeconômica do Distrito Federal. **Ciência e Cultura**, Planaltina, v. 37, n. 1, p. 95 - 98, 1985.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Nobel, 1985. 467p.

QUEIRÓS, M. S. et al. Caracterização físico-química em frutos de maracujazeiro amarelo, no Estado da Paraíba. In: RUGGIERO, C. **Maracujá, do plantio à colheita**. Jaboticabal: FCAV/UNESP/SBF. 1998. 388p.

SILVA, A. de P. V. da et al. Estudo da produção do suco clarificado de cajá (*Spondias lutea* L.). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 19, n. 1, p. 326 - 332, 1999.

SOUSA, C da S. et al.; Caracterização botânica e correlações entre caracteres relacionados a folhas e frutos de mangabeiras nativas. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 3, p. 25-30. 2006.



VIEIRA NETO, R. D. Mangaba. In: VIEIRA NETO, R. D. **Fruteiras potenciais para os Tabuleiros Costeiros e Baixada Litorânea**. Aracaju: Embrapa-CPATC/Emdagro, 2002. p. 115 - 140.

VIEIRA NETO, R. D. Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). In: Simpósio Nacional de Recursos Genéticos de Fruteiras Nativas. Cruz das Almas. **Anais...** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, p. 109 - 116, 1993.

## **CAPÍTULO 3**

### **MARCADORES MOLECULARES E MORFOLÓGICOS NA DISTINÇÃO DE MATRIZES SUPERIORES DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA<sup>1</sup>**

---

<sup>1</sup>Artigo a ser ajustado para submissão ao Comitê Editorial do periódico científico PAB.

## MARCADORES MOLECULARES E MORFOLÓGICOS NA DISTINÇÃO DE MATRIZES SUPERIORES DE MANGABEIRAS NATIVAS DO ESTADO DA BAHIA

**RESUMO:** A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma fruteira nativa do Brasil, ocorrendo em maior abundância nos tabuleiros costeiros e baixadas litorâneas do Nordeste. Esta fruteira possui elevado potencial agro-sócio-econômico de exploração, mas devido a sua exploração extrativista, caracterizada pela ausência de plantios comerciais, a devastação que vem ocorrendo, contribui em grande parte para a sua erosão genética, acarretando em perdas de plantas com elevado potencial agrônomo. O objetivo do presente trabalho foi avaliar 70 genótipos de três regiões do Estado da Bahia e identificar matrizes de mangabeiras apresentando superioridade para caracteres de interesse agrônomo e estudo da dissimilaridade genética por meio da técnica de marcadores moleculares e morfológicos visando o estabelecimento de um jardim clonal para trabalhos de conservação e melhoramento da espécie. Foram coletados frutos e folhas nos municípios de Conde, Nova Soure e Ouriçangas. As plantas foram identificadas e os frutos e folhas enviadas ao laboratório para prosseguimento das análises dos descritores agrônômicos e moleculares. Os dados obtidos foram analisados por meio da estatística descritiva e análise multivariada utilizando-se a técnica de agrupamento com base na distância Euclidiana média. Foram selecionados 32 *primers* RAPD e produzidos um total 407 bandas evidentes, sendo 257 polimórficas e 150 monomórficas. A média de bandas polimórficas por *primer* foi de 8,03, onde os *primers* OPAE-11 e OPD-07 foram os mais polimórficos apresentando, 13 bandas cada e o menos polimórfico, o OPA-16, apresentando quatro. Os genótipos CO<sub>02</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub>, e OU<sub>20</sub>, foram os que apresentaram maior conjunto de descritores agrônômicos superiores, onde juntamente com a técnica de marcadores moleculares, evidenciou a variabilidade existente na espécie, permitindo selecionar materiais dissimilares geneticamente para futuramente serem utilizados em programas de melhoramento da espécie.

**Palavras Chave:** *Hancornia speciosa* Gomes, variabilidade genética, RAPD.

## MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF SUPERIOR NATIVE MANGABEIRA PLANTS IN THE STATE OF BAHIA

**ABSTRACT:** Mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) is a native Brazilian fruit growing mainly in coastal tablelands and sea lowlands of the Northeast Region. This fruit has high agronomical, social and economic exploration potential, but due to its extractivism exploration, characterized by the lack of commercial plantations, the devastation that has been occurring contributes greatly to its genetic erosion, leading to losses of plants with high agronomical potential. The objective of the present work was to identify mangabeira mother plants presenting superior agronomical traits and study the genetic variability using morphological and molecular markers aiming the establishment of a clonal garden for conservation and genetic improvement of the species. Fruits and leaves were collected in the counties of Conde, Nova Soure and Ouriçangas. The plants were identified and the fruits and leaves sent to the laboratory for the agronomical and molecular analysis. Data obtained were analyzed through descriptive statistics and multivariate analysis using clusterization methods based on the average Euclidian distance. Thirty-two RAPD primers were selected and produced 407 identifiable bands, whereas 257 and 150 bands were polymorphic and monomorphic, respectively. The average of polymorphic bands per primer was 8.03 whereas the primers, OPAE-11 and OPD-07, were the most polymorphic, presenting 13 bands each and the least polymorphic, OPA-16, presenting four bands. The CO<sub>02</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub>, and OU<sub>20</sub> genotypes presented the highest number of superior agronomical descriptors, whereas along with the molecular markers technique, demonstrated an existing variability within the species, enabling the selection of genetically different materials to be used in future breeding programs.

**Key Words:** *Hancornia speciosa* Gomes., genetic variability, RAPD.

## INTRODUÇÃO

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) frutífera pertencente à família Apocynaceae é encontrada vegetando espontaneamente nas regiões Nordeste, Norte, Centro-oeste e Sudeste do Brasil. Esta fruteira é abundante em todos os tabuleiros e nas baixadas litorâneas da região Nordeste onde se obtém, de forma extrativista, a totalidade dos frutos colhidos no país. Os maiores produtores no ano de 2004 foram os estados de Sergipe, Paraíba e Bahia com 509 t., 380 t. e 169 t., respectivamente (IBGE, 2004).

A mangabeira é uma árvore de porte médio (4 a 7 m de altura), podendo alcançar até 15 m, de crescimento lento e copa ampla. O caule é rugoso e pode apresentar de 2 a 3 bifurcações, com 0,2 a 0,3 m de diâmetro (Monachino, 1945). É uma planta alógama (Dias e Maranhão, 1994) e apresenta até duas florações e frutificações durante o ano. A frutificação ocorre praticamente durante todo o ano, com maior intensidade entre novembro e junho. O fruto é do tipo baga e elipsoidal ou arredondado de 2,5 a 6,0 cm, exocarpo amarelo com manchas ou estrias avermelhadas, contendo geralmente 2 a 15 ou até 30 sementes, apresentando alto rendimento de polpa. Parente et al. (1985), avaliando sete frutos de mangaba no estágio maduro, obtiveram médias de 38,70 g do fruto, 2,71 cm de diâmetro transversal, 3,64 cm de diâmetro longitudinal e rendimento de polpa de 56,67%, ao passo que Vieira Neto (1997), encontrou 93,7% de rendimento de polpa, sendo este o caráter mais importante devido ao maior interesse comercial, com referência ao peso de polpa por fruto.

Por apresentar um sabor e aroma característico, a polpa é consumida diretamente ao natural ou utilizada como matéria prima para o preparo de geléias, doces, xaropes, compotas, vinhos, vinagres e principalmente sucos e sorvetes (Monachino, 1945); indicando assim, um enorme potencial para o incremento da agroindústria brasileira. Além de sorveterias e pequenas indústrias comercializarem a polpa concentrada, indústrias de grande porte também utilizam frutos oriundos do extrativismo.

De acordo com o que se verifica junto às agroindústrias, o processamento só não vem sendo feito em maior escala porque o volume de frutos geralmente não consegue atender a demanda (Vieira Neto, 2002) indicando a necessidade em se

conhecer a real composição e necessidade dessa fruteira para que se obtenha um aproveitamento racional da espécie.

O mercado de fruteiras no Brasil tem ocupado uma destacada posição em relação à fruticultura mundial. Entretanto, algumas fruteiras não recebem a devida atenção e a existência de pomares organizados é desprezível, sendo na grande maioria das vezes exploradas localmente. Lederman et al. (1992) citam como exemplo o nordeste do Brasil, onde existe uma diversidade muito grande de frutas tropicais, as quais, por não serem cultivadas comercialmente e/ou por suas características próprias de cultivo, são conhecidas apenas em nível regional, como é o caso da mangabeira; muito embora apresentem amplas possibilidades de exploração.

Dentre as espécies nativas e exóticas, a mangabeira é certamente uma das fruteiras mais promissoras. Todavia, a expansão das áreas agricultáveis, o seu mau uso com monoculturas, o desmatamento e o extrativismo predatório, estão destruindo o cerrado que é considerado a savana de maior biodiversidade vegetal do mundo e de maior ocorrência da espécie, com uma área de 204 milhões de hectares.

Para reverter o processo de degradação e erosão genética e manutenção das terras, com produtividade e integridade ambiental, torna-se imprescindível o estudo sobre sua composição.

Os marcadores morfológicos permitem caracterizar e avaliar genótipos distintos por meio da observação fenotípica dos caracteres. Em virtude da alta variabilidade genética que comumente está disponível no seu habitat natural e da insuficiência de informações para definição de critérios de seleção, alguns descritores já são utilizados para atender a caracterização da maioria das fruteiras nativas para aferições do fruto, seu formato, diâmetro longitudinal e transversal, espessura, coloração e massa da casca, da polpa, rendimento de polpa, número e peso das sementes.

Apesar da grande importância desta espécie, nenhuma informação existe em relação à quantidade e organização da variabilidade genética e do fluxo gênico nas diferentes populações. Entretanto, os melhoristas podem contar com uma gama de tecnologias para seleção da variabilidade em nível de DNA, como por exemplo: RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) (Botstein, 1980), RAPD (*Random Amplified Fragment Polymorphism*) (Williams et al., 1990), SSR

(*Simple Sequence Repeats*) (Morgante e Olivieri, 1993), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) (Zietkiewicz et al., 1994) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) (Vos et al., 1995). As tecnologias de marcadores moleculares estão evoluindo rapidamente e modificações já existem para algumas das técnicas acima mencionadas. Contudo, os tipos de marcadores aqui listados são os que ainda estão sendo utilizados para caracterização de cultivares.

A técnica RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) constitui uma das classes de marcadores moleculares mais amplamente utilizadas em genética e melhoramento de plantas. Baseia-se na hibridização de uma seqüência clonada com fragmentos de seqüência homóloga distribuídos ao longo do genoma, o que torna esta técnica apropriada para estudo onde o conceito básico é que as bandas observadas em uma mesma posição do gel possuem seqüências homólogas de nucleotídeos.

O polimorfismo no comprimento de fragmentos de restrição é evidenciado pela fragmentação do DNA por meio do uso de enzimas de restrição e observado por hibridização destes fragmentos com seqüências homólogas de DNA marcadas com radioatividade ou compostos que desencadeiam uma reação de luminescência. Para que o polimorfismo seja detectado, é necessário que as seqüências de nucleotídeos nas fitas de DNA de dois ou mais indivíduos comparados sejam distintos.

É uma técnica de custo relativamente alto e tem revelado um excelente grau de polimorfismo, sendo utilizados em um grande número de estudos de caracterização de cultivares (Gebhardt et al., 1989). Isso tem sido devido principalmente a sua alta consistência e repetibilidade na obtenção dos resultados.

Os marcadores microssatélites ou SSRs (*Simple Sequence Repeats*) consistem de seqüências curtas de nucleotídeos repetidas na mesma ordem, cujo nível de polimorfismo produzido é devido à variação no número de unidades de repetição em um determinado locus (Morgante e Olivieri, 1993). Marcadores SSRs são obtidos com o uso de *primers* que flanqueiam regiões contendo os microssatélites. Os *primers* para SSR são desenhados a partir do sequenciamento de fragmentos de DNA, obtidos de bibliotecas genômicas, onde os microssatélites foram previamente localizados. Estes procedimentos são laboriosos e de alto custo, de modo que o uso de SSRs é ainda limitado. No

entanto, SSRs têm sido mapeados e usados para análise genética em plantas como batata (Provan et al., 1996), cítrus (Kijas et al., 1997) e milho (Smith et al., 1997).

Os marcadores gerados pela análise de polimorfismos de comprimento de fragmento amplificado (AFLP), descrita por Vos et al. (1995), associam os polimorfismos gerados por enzimas de restrição com a capacidade de detecção da técnica de PCR. O DNA total da planta é clivado por enzimas de restrição, originando um número extremamente elevado de fragmentos que, em função da concentração, não são detectados em eletroforese. Pequenas seqüências de DNA (adaptadores) são acopladas às extremidades desses fragmentos de restrição, as quais se anelam com *primers* específicos, durante a PCR (pré-amplificação e amplificação seletiva). Os fragmentos gerados são separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante. A técnica de AFLP apresenta vantagens comparativas, tais como detecção de maior número de locus, cobertura ampla do genoma e baixo custo (Lopes et al., 2002).

Os marcadores AFLP também têm apresentado bons resultados para outras aplicações, como caracterização da variação somaclonal decorrente da cultura de tecidos e órgãos vegetais (Popescu et al., 2002), identificação de mutantes (Scott et al., 2000), ratificando a utilidade dessa ferramenta de análise genética. Essa, contudo, tem a desvantagem de ser de baixa repetibilidade e apresentar pouca consistência de um laboratório para o outro, o que dificulta a comparação de dados obtidos em diferentes locais. Assim, cuidados devem ser tomados na padronização da técnica no laboratório para a caracterização de cultivares.

A técnica de RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) é considerada simples e aplicável a qualquer tipo de organismo, sendo largamente utilizada para avaliação da diversidade genética e para estudos e estratégias de conservação genética de espécies (Ferreira e Grattapaglia, 1998).

Os marcadores RAPD têm a vantagem de apresentar menor custo, *primers* arbitrários, número de etapas e tempo para obtenção dos resultados e de serem de fácil implementação. Por outro lado, ainda é criticado pela baixa repetibilidade experimental, embora esse problema possa ser contornado com a utilização de muitos *primers* e de critérios mais rígidos no momento da interpretação dos resultados (Telles et al., 2001). São marcadores dominantes,



visto que a presença de uma determinada banda não determina se os locos correspondentes é homozigoto (AA) ou heterozigoto (Aa) (Williams et al., 1990). Porém, os marcadores moleculares revelam uma marca ou fragmento que permite comparar os indivíduos em estudo quanto à sua presença ou ausência. Assim, as bandas reveladas são codificadas pelo número 1 e as não reveladas, pelo número 0. Dessa forma, os dados aos quais serão aplicados métodos estatísticos provêm dessa matriz de 1 e 0 (Meyer, 2004).

Os dados oriundos dos marcadores moleculares, entre outras aplicações, podem fornecer uma estimativa de distâncias ou similaridades genéticas que quantificam o grau de diferenciação entre dois táxons (conjunto de organismos). Portanto, permitem a transformação de toda a informação genética disponível sobre as relações entre dois táxons em um único número que pode ser utilizado para proporcionar uma classificação objetiva e estável, tanto quanto possível, dos itens sob estudo (Telles et al., 2001).

A técnica RAPD tem sido utilizada em um grande número de culturas agronômicas como, por exemplo, na distância genética entre acessos de picão-preto (Lamego et al., 2006), na caracterização morfológica e molecular de espécies de *Myrciaria* spp (Pereira et al., 2005), no estudo da variabilidade genética em caqui 'Fuyu' (*Diospyrus kaki*) (Gonçalves et al., 2004), na análise de pedigree em genótipos elite de feijoeiro comum (Marin et al., 2003), na análise da variabilidade genética em acerola (Salla et al., 2002), no estudo da diversidade de repolho (Cansian et al., 2000), na análise da eficiência das distâncias genéticas em feijoeiros (Santos et al., 2000), entre outros.

Neste contexto, os marcadores moleculares são considerados altamente eficientes quando usados como ferramentas auxiliares na separação de materiais muito semelhantes, em que os marcadores morfológicos ficam dependentes das variações ambientais, além de possibilitar formar grupos de plantas distintas e dentro de cada grupo selecionar genótipos promissores para conservação em coleção biológica e para propagação vegetativa na formação de clones superiores.

Sendo assim, esse estudo teve como objetivos avaliar as características morfológicas, físico-químicas e avaliar, com o auxílio da técnica de RAPD, a dissimilaridade genética entre matrizes de mangabeira que apresentam os descritores agronômicos superiores.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Material genético**

Foram estudadas três populações de mangabeiras nativas oriundas de três regiões do Estado da Bahia. Estas regiões foram escolhidas com base na localização dentro do estado, possibilitando a coleta de materiais supostamente diferentes, levando em consideração que o fenótipo do indivíduo é o resultado da ação do genótipo sob influência do ambiente.

O município de Conde (Litoral Norte), apresenta altitude de 20 m e está localizado a uma latitude de 11°42'48,8" e longitude de 7°38'45,8". O município de Nova Soure (Semi-árido), possui altitude de 382 m e 11°23'02,5" e 38°40'56,9", de latitude e longitude, respectivamente. O município de Ouriçangas (Agreste) possui altitude de 258 m e está localizado a uma latitude de 11°59'08,7" e longitude 38°36'56,1". Os climas para cada região segundo a classificação de Köppen são: úmido (Conde), subúmido a seco (Ouriçangas) e semi-árido (Nova Soure).

Foram coletados em média de 50 folhas e 30 frutos por genótipo. Os frutos foram acomodados em caixotes plásticos e recobertos por espumas para não sofrerem danos físicos e transportados para o Laboratório de Tecnologia de Alimentos do Departamento de Química Agrícola e Solos do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas da UFRB, sendo as folhas acondicionadas em caixas térmicas e encaminhadas ao Laboratório de Virologia e Biologia Molecular da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, ambos localizados no município de Cruz das Almas-BA.

### **Avaliação morfológica**

Após a seleção de 30 frutos por planta, descartando-se aqueles com danos e uniformizando-os quanto ao estágio de maturação, indicado pela presença da coloração amarelada ou avermelhada (Vieira Neto, 2002), procedeu-se à tomada das variáveis relacionadas ao diâmetro longitudinal (DLF) e diâmetro transversal do fruto (DTF), usando paquímetro digital; massa do fruto (MF), massa da semente (MS), massa de polpa (MP) obtida por gravimetria utilizando balança semi-analítica modelo BG 2000; rendimento de polpa (RP%) calculada pela fórmula:  $MF \times 100 / MP$  e número de sementes (NS) por contagem manual.

## **Avaliação química**

As variáveis químicas avaliadas foram: pH da polpa, determinado em potenciômetro, aferido para uma temperatura de 25° C e calibrado com solução tampão de pH 4 e 7; acidez total titulável (ATT) pelo método acidimétrico com resultados expressos em percentual de ácido cítrico, realizado de acordo com a recomendação da Association of Official Analytical Chemical (1975); teor de sólidos solúveis totais da polpa (SST) por meio de leitura em refratômetro, obtendo-se o valor em grau Brix a 25° C. O teor de Vitamina C (mg.100/g ) que foi determinado conforme o método preconizado pelo Instituto Adolfo Lutz (1985), e a relação entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT), açúcar redutor (AR), não redutores (AR) e totais (AT), conforme recomendação da AOAC (1975).

## **Análise dos dados morfológicos, químicos e químico-físicos**

Os dados foram analisados por estatística descritiva utilizando-se medidas de tendência central (média) e de variabilidade dos dados (desvio padrão e coeficiente de variação) (Tabela 1), sendo as médias originais comparadas com o valor da média  $\pm$  DP (desvio padrão). Os valores encontrados acima (média + DP) foram classificados como superiores e abaixo (média – DP) como inferiores. Foram realizadas análises multivariadas, por meio de análise de agrupamento ou de cluster e análise de componentes principais. Como medida de dissimilaridade foi utilizada a distância Euclidiana média, e no processo de agrupamento utilizou-se método hierárquico aglomerativo de Ward (1963), citado por Cruz e Regazzi (2001), e com base nos cálculos foram estabelecidos dendograma, o que permitiu agrupar os genótipos e classificar os mais dissimilares. As análises foram feitas utilizando os programas GENES (Cruz, 2001).

## **Extração de DNA**

Cada genótipo foi avaliado quanto a sua constituição genética. O protocolo utilizado foi o Doyle e Doyle (1990) modificando a concentração de NaCl, a fim de eliminar os polissacarídeos presentes em grandes quantidades na mangaba. Inicialmente foram maceradas 300 mg de folhas jovens de mangabeira em

nitrogênio líquido, utilizando almofariz de porcelana previamente congelado, até a obtenção de um pó fino, que foi posteriormente transferido para microtubos de 2 mL devidamente identificados com as amostras (1 a 70). Adicionou-se 800 µL de tampão de extração (PVP a 1%; NaCl a 1,4M; Tris HCl pH 8,0 a 0,1M; EDTA 20 Mm; CTAB A 2%) e os tubos foram agitados em vortex e incubados em banho-maria a 65 °C por 60 minutos, sendo invertidos de 10 em 10 min. Após esta etapa foram deixados esfriar a temperatura ambiente. Em seguida adicionou-se 800 µL de CIA (Clorofórmio: Álcool Isoamílico) invertendo-os durante cinco minutos e centrifugados em seguida a 10.000 g, por 10 minutos, transferindo a fase aquosa para um novo tubo de 2,0 mL, adicionando-se 1/10 do volume de uma solução de CTAB a 10% invertendo-os por cinco minutos até homogeneizar a solução. Após repetição dos dois passos anteriores, a fase aquosa foi transferida para novos tubos, no qual foram adicionados 600 µL de 2-propanol (isopropanol) (2/3 do volume de 900 µL recuperados) invertendo-os durante cinco minutos. Após estas etapas os tubos foram mantido à -20 °C por 24 h e centrifugados a 12.000 g por 10 minutos, descartando-se o sobrenadante, tomando o cuidado para não descartar o pellet já formado, adicionando-se 600 µL de NaCl 1M e incubados em banho-maria a 65 °C por 30 minutos, invertendo-se de cinco em cinco minutos. Os tubos foram acondicionados em geladeira por 30 minutos e em seguida centrifugados a 12.000 g por 10 minutos, transferindo o sobrenadante contendo o DNA ressuspenso para microtubos de 1,5 mL limpo, nos quais foram adicionados 400 µL de 2-propanol (isopropanol) (2/3 do volume de 600 µL recuperados) invertendo-os por cinco minutos até completa homogeneização e acondicionando-os a -20 °C por, no mínimo, 2 h. Após este período, os microtubos foram centrifugados a 10.000 g, por 10 minutos, descartando o sobrenadante, tomando o cuidado para não descartar o pellet, sendo efetuada duas lavagens com 1 mL de etanol 70% gelado misturando por inversão durante 30 s, descartando em seguida o etanol tomando o cuidado para não descartar o pellet. Caso o pellet soltasse poderia ser feita uma centrifugação a 12.000 g por 1 minuto. Seguindo o processo, após a primeira lavagem, foi adicionado 1,0 mL de etanol absoluto gelado, misturando por inversão por 30 segundos, descartado o etanol, tomando o cuidado para não descartar o pellet. Concluída esta etapa o pellet foi posto para secar, deixando os tubos de 20 a 30 minutos invertido sobre uma folha de papel

absorvente e ressuspendido em 100  $\mu\text{L}$  de TE (10 mM Tris-HCl, 1 mM EDTA, pH 8,0), adicionando 10  $\mu\text{L}$  de RNase a 10  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$  (concentração final de 0,1  $\text{ng}/\mu\text{L}$ ).

### **Quantificação**

O DNA foi quantificado em gel de agarose. A quantificação eletroforética foi feita em gel de agarose (0,8%), com brometo de etídio (0,001%), onde o padrão de banda obtido forneceu a quantidade e qualidade do DNA extraído. Após a corrida a 80V, as bandas foram visualizadas por meio de exposição do gel à luz ultravioleta, em seguida as amostras foram diluídas para a concentração de trabalho (20  $\text{ng}/\mu\text{l}$ ) para posterior amplificação.

### **Amplificação**

De 50 *primers* testados, 32 foram selecionados (*OPA 07, OPA 16, OPAA 20, OPAE 11, OPAE 12, OPAO 05, OPB 05, OPB 17, OPCA 08, OPD 05, OPD 07, OPD 12, OPD 18, OPD 20, OPF 13, OPG 03, OPG 05, OPG 06, OPG 14, OPG19, OPH 15, OPH 18, OPH 19, OPI 03, OPI 18, OPL 14, OPM 02, OPR 06, OPR 08, OPT 07, OPT 13, OPY 07*) para o estudo de dissimilaridade genética por serem mais informativos. Os *primers* utilizados foram fabricados pela Operon Technologies Inc. Sendo todos oligonucleotídeos com 10 bases e seqüências arbitrárias.

As amplificações seguiram o protocolo descrito por Williams et al., (1990), para cada reação de RAPD foram utilizados: 0,52  $\mu\text{L}$  de mix de dNTPs a 2,5mM; 1,3  $\mu\text{L}$  de primer a 4 $\mu\text{M}$ ; 2,5  $\mu\text{L}$  DNA a 10 $\text{ng}/\mu\text{L}$ ; 1,3  $\mu\text{L}$  de Tris/KCL – 10 x; 1,3  $\mu\text{L}$  de  $\text{MgCl}_2$  a 25 mM; 0,2  $\mu\text{L}$  de DNA-Taq Polimerase e o volume de 13  $\mu\text{L}$  completado com água ultra pura estéril.

As reações foram amplificadas em termociclador MJ Reserarch, Inc modelo PTC 100, por um ciclo de 94°C/1min, 32°C/1min, 72°C/1min; 39 ciclos de 94°C/15s, 32°C/30s, 72°C/1min; um ciclo de 72°C/2min e 4°C indefinidamente.

O produto da amplificação foi submetido à eletroforese em gel de agarose a 1,5% com brometo de etídio (0,001%) em tampão de corrida TBE. Permanecendo por 3 horas a 80 V (cuba de 500 mL). Adicionou-se 2  $\mu\text{L}$  de

corante de azul de bromofenol para o DNA. Após a corrida o gel foi colocado para ser visualizado sob luz ultravioleta e fotografado.

### **Análise dos dados moleculares**

As bandas monomórficas e polimórficas originadas a partir dos *primers* de RAPD foram utilizadas para calcular a distância genética utilizando o coeficiente de dissimilaridade de Jaccard (Dias, 1998), que leva em consideração a fórmula:  $I_{AB} = A/(A+B+C)$ ; onde, A = mesma banda presente em ambos os indivíduos; B = presença da banda no indivíduo 1 e ausência no indivíduo 2 e C = ausência de banda no indivíduo 1 e presença no indivíduo 2. Somente bandas fortemente visíveis foram utilizadas na análise genética. O software GENES (Cruz, 2001) foi utilizado para o cálculo da matriz de distância e a construção do dendograma conduzida por meio do método da média aritmética não ponderada (UPGMA – *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averaging*), com o auxílio do software STATISTICA (Statistica, 2002). A análise de *bootstrap* (Cruz, 2001) foi conduzida para avaliar a consistência dos garfos no dendograma, verificando se o número de bandas polimórficas avaliadas foram suficientes para fornecer as estimativas corretas das distâncias genéticas (Felsenstein, 1985).

### **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os frutos do Conde (Tabela 1) apresentaram valor médio para peso de fruto de 22,61 g; peso de polpa de 18,66 g; rendimento de polpa de 82,58%, peso de semente de 3,9 g; número de sementes de 14,95; diâmetros longitudinal de 37,36 mm e transversal de 34,49 mm; ácido ascórbico de 88,46 mg/100 g; acidez total titulável 1,49%; sólidos solúveis totais de 13,38 °Brix; pH de 3,27; açúcar total 11,20%; açúcar redutor 5,25%; açúcar não redutor 5,72% e relação SST/ATT de 9,10.

**Tabela 1.** Genótipos (GEN)<sup>[1]</sup>, diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa (RP%), peso de semente (PS), número de semente (NS), ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcares redutores (AR), açúcares não redutores (ANR) e relação sólido solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT).

GEN	DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	PS (g)	NS (unid.)	Vit. C mg/100 g	ATT (%)	SST °Brix	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT
CO <sub>01</sub>	36.99	37.15	24.01	20.29	84.48	3.73	14.46	66.75	1.53	14.00	3.27	11.37	5.19	6.18	9.15
CO <sub>02</sub>	38.89	36.90	27.41	23.12	84.34	4.29	12.93	100.47	1.39	14.60	3.38	11.13	4.85	6.28	10.50
CO <sub>03</sub>	35.37	35.24	21.50	18.03	83.89	3.46	12.59	123.40	1.80	13.80	3.22	13.33	5.60	7.73	7.67
CO <sub>04</sub>	37.79	35.20	22.87	18.86	82.47	4.01	13.88	108.63	1.50	14.00	3.31	12.87	6.55	6.32	9.33
CO <sub>05</sub>	44.04	34.29	20.11	16.82	83.63	3.29	14.53	40.44	1.20	12.40	3.52	12.77	5.19	7.58	10.33
CO <sub>06</sub>	35.56	34.43	22.15	18.34	82.81	3.81	13.73	96.73	1.30	15.00	3.33	12.90	5.79	7.11	11.54
CO <sub>07</sub>	34.76	34.95	20.27	17.06	84.18	3.21	15.93	58.89	1.67	12.20	3.17	11.43	5.60	5.83	7.31
CO <sub>08</sub>	38.16	37.37	25.49	21.32	83.62	4.18	17.07	165.00	1.96	14.80	3.21	10.80	5.23	5.01	7.55
CO <sub>09</sub>	35.32	34.07	18.16	14.76	81.27	3.40	15.63	102.17	1.72	12.80	3.20	11.20	4.85	6.35	7.44
CO <sub>10</sub>	35.42	36.90	21.57	16.99	78.77	4.58	15.11	45.24	1.31	12.40	3.25	9.73	4.23	2.49	9.47
CO <sub>11</sub>	35.21	33.79	19.20	15.49	80.66	3.71	14.83	30.00	1.05	11.80	3.37	10.70	4.85	5.85	11.24
CO <sub>12</sub>	38.89	37.84	27.32	22.17	81.15	5.15	15.46	65.17	1.43	14.00	3.33	11.10	5.19	5.91	9.79
CO <sub>13</sub>	33.13	31.83	16.29	13.35	81.94	2.94	11.19	40.98	1.58	12.80	3.16	10.77	4.57	5.62	8.10
CO <sub>14</sub>	35.59	32.70	23.17	20.07	86.60	3.10	9.83	89.26	1.49	12.40	2.22	11.27	4.85	6.42	8.32
CO <sub>15</sub>	39.74	35.81	21.96	18.46	84.07	3.50	11.75	121.45	1.66	13.60	3.18	10.77	5.79	4.98	8.19
CO <sub>16</sub>	35.33	34.36	20.64	17.61	85.34	3.03	11.37	81.41	1.33	12.00	3.30	10.67	4.85	5.82	9.02
CO <sub>17</sub>	40.46	38.18	28.77	23.26	80.83	5.51	21.16	82.58	1.52	14.00	3.24	10.83	5.19	5.65	9.21
CO <sub>18</sub>	38.02	35.47	22.28	19.02	85.36	3.26	13.69	83.68	1.44	12.40	3.30	11.40	5.19	6.21	8.61
CO <sub>19</sub>	37.58	15.89	24.93	19.37	77.69	5.56	22.64	84.65	1.45	12.80	3.48	10.30	5.19	5.11	8.83
CO <sub>20</sub>	43.63	38.66	32.72	26.98	82.44	5.75	21.33	58.50	1.23	12.80	3.54	12.17	6.25	5.92	10.41
CO <sub>21</sub>	39.15	37.67	26.51	20.39	76.90	6.12	23.46	98.79	1.57	14.60	3.34	10.30	5.45	4.51	9.30
CO <sub>22</sub>	36.29	33.23	19.89	16.08	80.86	3.81	12.60	115.96	1.47	14.60	3.47	10.20	5.36	3.65	9.93
CO <sub>23</sub>	36.12	31.66	16.95	13.32	78.59	3.63	11.41	99.47	1.36	13.60	3.31	10.67	5.37	5.30	10.00
CO <sub>24</sub>	36.17	35.29	21.23	17.97	84.63	3.26	15.15	131.50	1.61	13.40	3.27	10.87	5.37	5.50	8.32
CO <sub>25</sub>	36.28	33.47	19.74	17.37	88.02	2.36	12.00	120.48	1.75	13.80	3.30	10.37	4.70	5.67	7.89
Média	37.36	34.49	22.61	18.66	82.58	3.95	14.95	88.46	1.49	13.38	3.27	11.20	5.25	5.72	9.10
DP <sup>[2]</sup>	2.63	4.34	3.85	3.16	2.75	0.98	3.66	32.65	0.20	0.96	0.24	0.93	0.51	1.11	1.18
CV <sup>[3]</sup>	7.02	12.57	17.04	16.91	3.32	24.82	24.48	36.91	13.70	7.16	7.40	8.31	9.70	19.35	12.92
<b>Méd.+DP</b>	<b>39.98</b>	<b>38.83</b>	<b>26.46</b>	<b>21.82</b>	<b>85.33</b>	<b>4.93</b>	<b>18.61</b>	<b>121.12</b>	<b>1.70</b>	<b>14.34</b>	<b>3.51</b>	<b>12.13</b>	<b>5.76</b>	<b>6.83</b>	<b>10.27</b>

<sup>[1]</sup>Caracterização física, química e físico-química de frutos de mangabeiras nativas de Ouriçangas-BA, 2006., <sup>[2]</sup>Desvio Padrão, <sup>[3]</sup>Coefficiente de Variação.

Levando em consideração a importância, bem como, a reunião em um indivíduo de mais de uma dessas variáveis, foi possível identificar os genótipos, CO<sub>02</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>14</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>20</sub> e CO<sub>25</sub>, os quais obtiveram maior destaque com valores acima da média mais um desvio padrão.

Na avaliação feita com os frutos da região de Nova Soure (Tabela 2), foram encontrados valores médios para peso de 10,39 g; peso de polpa de 8,64 g; rendimento de polpa de 83,60%; peso de semente de 1,35 g; número de sementes de 6,23; diâmetros longitudinal de 30,00 mm e transversal de 24,34 mm; ácido ascórbico de 67,40 mg/100 g; acidez total titulável 1,43%; sólidos solúveis totais de 15,18 °Brix; pH de 3,13; açúcar total 9,99%; açúcar redutor 5,89%; açúcar não redutor de 4,10% e relação SST/ATT de 10,59, sendo possível identificar os genótipos, NS<sub>01</sub>, NS<sub>04</sub>, NS<sub>08</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, os que mais se destacaram dentro do grupo com valores acima da média mais um desvio padrão.

Ouriçangas (Tabela 3) apresentou valor médio para peso de fruto de 13,05 g; peso de polpa de 11,22 g; rendimento de polpa de 85,64%; peso de semente de 1,88 g; número de sementes de 9,98; diâmetros longitudinal de 36,5 mm e transversal de 30,74 mm; ácido ascórbico de 98,60 mg/100 g; acidez total titulável 1,55%; sólidos solúveis totais de 16,43 °Brix; pH de 3,30; açúcar total 11,20%; açúcar redutor 5,77%; açúcar não redutor 5,39% e relação SST/ATT de 10,83. Os genótipos superiores foram: OU<sub>03</sub>, OU<sub>04</sub>, OU<sub>05</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub>, OU<sub>14</sub>, OU<sub>20</sub>, OU<sub>23</sub> e OU<sub>24</sub>, os quais obtiveram maior destaque com valores acima da média mais um desvio padrão. Os coeficientes de variação, como pode ser observado em sua maioria, apresentaram valores baixos indicando confiabilidade nos dados avaliados.

O tamanho dos frutos selecionados em cada região estão acima aos encontrados por Parente et al. (1985) com frutos do cerrado da região do Distrito Federal 3,64 cm e 2,71 cm, respectivamente. O rendimento de polpa superior a 85,33% equivalente ao relatado por Cruz (2005) que encontrou média de 88,44% analisando os frutos da região de Iramaia-BA. Em relação às variáveis químicas, o valor encontrado para pH nas plantas selecionadas foi superior a 3,39, acima do relatado por Cruz (2005), pH 3,12, em frutos da região de Camaçari-Ba. No que se refere à acidez total, 1,60%, o mesmo autor encontrou resultados semelhantes, 1,59%.



**Tabela 2.** Genótipos (GEN)<sup>[1]</sup>, diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa (RP%), peso de semente (PS), número de semente (NS), ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcares redutores (AR), açúcares não redutores (ANR) e relação sólido solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT).

GEN	DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	PS (g)	NS (unid.)	Vit. C mg/100 g	ATT (%)	SST (°Brix)	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT
NS <sub>01</sub>	33.44	33.92	20.09	15.46	76.95	4.63	15.61	73.58	1.67	17.40	3.25	10.77	5.45	5.31	10.44
NS <sub>02</sub>	29.61	24.81	11.30	9.73	86.13	1.57	5.00	53.83	1.42	16.00	3.48	10.33	4.70	5.64	11.26
NS <sub>03</sub>	33.02	30.15	10.88	9.40	86.42	1.48	5.57	40.60	1.38	15.60	3.20	10.23	5.27	4.96	11.33
NS <sub>04</sub>	32.25	29.05	12.02	10.05	83.58	1.97	8.11	96.04	1.22	17.00	3.38	11.20	6.02	5.18	13.97
NS <sub>05</sub>	35.18	30.25	13.31	10.82	81.34	2.48	8.95	52.31	1.34	15.80	3.18	9.93	6.85	3.09	11.78
NS <sub>06</sub>	32.38	26.18	7.94	6.30	79.36	1.64	6.90	53.77	1.37	15.80	3.19	10.53	4.70	5.84	11.56
NS <sub>07</sub>	26.56	22.05	6.73	5.54	82.25	1.20	4.59	87.56	1.28	16.00	3.23	9.93	5.37	4.56	12.54
NS <sub>08</sub>	33.90	31.86	14.30	10.94	76.50	3.36	11.97	98.10	1.35	14.00	3.23	9.07	5.00	4.07	10.34
NS <sub>09</sub>	34.47	31.07	13.21	11.10	84.00	2.11	7.57	95.20	1.55	15.40	3.26	9.33	5.37	3.96	9.91
NS <sub>10</sub>	38.65	30.18	14.66	12.52	85.39	2.14	8.62	83.81	1.87	15.00	3.04	9.97	5.19	4.78	8.04
NS <sub>11</sub>	36.63	30.94	13.44	11.14	82.88	2.30	6.79	61.20	1.54	15.00	3.40	10.17	6.02	4.15	9.77
NS <sub>12</sub>	32.55	24.18	6.41	5.65	88.03	0.77	2.62	59.50	1.55	14.60	3.32	10.27	5.03	5.24	9.41
NS <sub>13</sub>	35.80	28.94	14.39	12.26	85.17	2.13	5.71	47.17	1.30	16.00	3.22	10.60	6.02	4.58	12.35
NS <sub>14</sub>	30.37	23.25	5.78	4.84	83.60	0.95	4.08	75.65	1.55	15.80	3.21	10.67	5.79	4.88	10.20
NS <sub>15</sub>	34.38	26.66	9.52	7.79	81.77	1.74	5.50	60.62	1.19	13.80	3.42	9.40	7.54	1.86	11.62
NS <sub>16</sub>	29.11	21.68	5.10	4.39	86.14	0.71	2.28	98.54	1.48	14.40	3.20	9.33	6.55	2.79	9.73
NS <sub>17</sub>	29.46	23.37	6.46	5.40	83.59	1.06	3.50	52.23	1.49	16.00	3.28	10.40	7.94	2.46	10.71
NS <sub>18</sub>	33.86	25.47	8.36	7.37	88.15	0.99	3.71	98.20	1.25	12.60	3.38	9.17	5.56	3.61	10.12
NS <sub>19</sub>	29.00	20.19	4.18	3.43	81.87	0.76	3.07	54.30	1.39	12.40	3.47	8.33	6.85	1.49	8.93
NS <sub>20</sub>	30.61	23.18	9.76	8.67	88.87	1.09	4.40	91.69	1.50	15.00	3.09	10.17	6.55	3.62	10.02
<b>Média</b>	<b>32.56</b>	<b>26.87</b>	<b>10.39</b>	<b>8.64</b>	<b>83.60</b>	<b>1.75</b>	<b>6.23</b>	<b>71.70</b>	<b>1.43</b>	<b>15.18</b>	<b>3.27</b>	<b>9.99</b>	<b>5.89</b>	<b>4.10</b>	<b>10.59</b>
DP <sup>[2]</sup>	2.99	3.97	4.08	3.22	3.41	0.97	3.29	20.17	0.16	1.28	0.12	0.69	0.91	1.24	1.37
CV <sup>[3]</sup>	9.18	14.75	39.29	37.29	4.08	55.13	52.87	28.17	11.45	8.41	3.64	6.95	15.47	30.27	12.82
<b>Méd.+DP</b>	<b>35.55</b>	<b>30.83</b>	<b>14.48</b>	<b>11.86</b>	<b>87.01</b>	<b>2.72</b>	<b>9.52</b>	<b>91.87</b>	<b>1.60</b>	<b>16.46</b>	<b>3.39</b>	<b>10.68</b>	<b>6.80</b>	<b>5.35</b>	<b>11.96</b>

<sup>[1]</sup>Caracterização física, química e físico-química de frutos de mangabeiras nativas de Ouriçangas-BA, 2006., <sup>[2]</sup>Desvio Padrão, <sup>[3]</sup>Coefficiente de Variação.

**Tabela 3.** Genótipos (GEN)<sup>[1]</sup>, diâmetro longitudinal (DLF) e transversal do fruto (DTF), massa do fruto (MF), massa de polpa (MP), rendimento de polpa (RP%), peso de semente (PS), número de semente (NS), ácido ascórbico (Vit. C), acidez total titulável (ATT), sólidos solúveis totais (SST), potencial hidrogeniônico (pH), açúcares totais (AT), açúcares redutores (AR), açúcares não redutores (ANR) e relação sólido solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT).

GEN	DLF (mm)	DTF (mm)	MF (g)	MP (g)	RP (%)	PS (g)	NS (unid.)	Vit. C mg/100 g	ATT (%)	SST (°Brix)	pH	AT (%)	AR (%)	ANR (%)	SST/ATT
OU <sub>01</sub>	34.12	29.07	11.38	9.21	80.96	2.17	7.08	30.89	1.65	16.80	3.30	11.37	5.85	5.52	10.19
OU <sub>02</sub>	29.36	24.67	7.73	5.37	69.49	2.36	5.69	89.20	1.35	16.00	3.47	11.13	6.23	4.90	11.82
OU <sub>03</sub>	41.18	34.88	13.73	11.76	85.66	1.97	10.67	119.28	1.29	20.00	3.17	13.33	5.79	7.55	15.49
OU <sub>04</sub>	30.83	28.70	7.57	6.47	85.51	1.10	6.10	38.83	1.62	19.40	3.21	12.87	6.32	6.55	12.00
OU <sub>05</sub>	33.17	24.81	6.36	5.52	86.89	0.83	5.45	79.23	1.68	18.20	3.35	12.77	6.55	6.22	10.86
OU <sub>06</sub>	40.24	37.89	17.42	14.82	85.06	2.60	14.64	88.52	1.84	17.00	3.18	12.90	6.02	6.88	9.25
OU <sub>07</sub>	40.22	33.54	16.11	14.03	87.12	2.07	9.88	89.91	1.59	16.00	3.34	11.43	5.78	5.65	10.05
OU <sub>08</sub>	39.32	32.81	22.35	21.46	96.01	2.18	9.93	127.39	1.58	16.40	3.37	10.80	5.32	5.48	10.42
OU <sub>09</sub>	37.44	32.49	13.35	10.59	79.27	2.77	17.85	127.23	1.32	17.00	3.51	11.20	6.02	5.18	13.97
OU <sub>10</sub>	39.19	31.33	14.11	12.60	89.26	1.52	7.14	83.96	1.40	15.00	3.39	9.73	4.00	4.78	10.71
OU <sub>11</sub>	36.10	33.19	11.46	9.27	80.91	2.19	14.62	92.44	1.91	16.00	3.26	10.70	5.37	5.33	8.38
OU <sub>12</sub>	38.04	31.48	12.57	10.64	84.68	1.93	11.25	89.62	1.30	15.40	3.22	11.10	7.54	3.56	11.85
OU <sub>13</sub>	41.40	33.78	16.90	12.16	71.94	4.74	18.67	108.26	1.83	14.60	3.40	10.77	5.79	4.98	7.97
OU <sub>14</sub>	36.85	33.69	17.15	14.33	83.55	2.82	10.52	82.69	1.56	15.40	3.22	11.27	7.94	3.33	9.84
OU <sub>15</sub>	35.20	31.23	12.40	10.78	86.94	1.62	9.85	73.88	1.57	16.40	3.16	10.77	5.37	5.40	10.43
OU <sub>16</sub>	34.29	28.99	9.83	8.80	89.55	1.03	5.80	128.71	1.37	16.00	3.28	10.67	6.32	4.35	11.70
OU <sub>17</sub>	34.46	29.73	10.32	9.22	89.34	1.10	6.57	125.48	1.40	15.80	3.40	10.83	5.37	5.46	11.31
OU <sub>18</sub>	41.23	31.95	14.87	13.01	87.47	1.86	13.60	77.30	1.36	16.60	3.26	11.40	5.42	5.98	12.21
OU <sub>19</sub>	37.82	34.06	14.45	12.43	85.99	2.02	14.91	125.85	1.66	15.00	3.17	10.30	5.60	4.70	9.05
OU <sub>20</sub>	36.28	35.66	17.08	14.84	86.85	2.25	11.50	125.66	1.57	18.00	3.40	12.17	6.02	6.15	11.44
OU <sub>21</sub>	36.27	29.89	10.71	9.67	90.34	1.03	6.27	129.68	1.35	15.00	3.28	10.30	5.19	5.11	11.09
OU <sub>22</sub>	40.48	31.94	15.30	13.92	90.98	1.38	8.10	102.16	1.80	15.00	3.15	10.20	5.79	4.41	8.36
OU <sub>23</sub>	32.78	30.50	11.74	10.64	90.57	1.11	9.10	127.30	1.60	17.40	3.24	10.67	4.85	5.82	10.89
OU <sub>24</sub>	28.84	25.55	6.93	6.04	87.18	0.89	5.43	121.97	1.35	17.00	3.50	10.87	4.57	6.30	12.59
OU <sub>25</sub>	37.55	16.80	14.43	12.90	89.43	1.53	9.00	79.69	1.71	15.40	3.23	10.37	5.19	5.18	8.99
Média	36.51	30.74	13.05	11.22	85.64	1.88	9.98	98.60	1.55	16.43	3.30	11.20	5.77	5.39	10.83
DP <sup>[2]</sup>	3.63	4.34	3.81	3.56	5.74	0.84	3.88	27.71	0.19	1.37	0.11	0.93	0.83	0.96	1.74
CV <sup>[3]</sup>	9.95	14.11	29.19	31.71	6.70	44.68	38.90	28.10	12.14	8.34	3.29	8.31	14.32	17.76	16.10
<b>Méd.+DP</b>	<b>40.14</b>	<b>35.08</b>	<b>16.86</b>	<b>14.78</b>	<b>91.38</b>	<b>2.72</b>	<b>13.87</b>	<b>126.32</b>	<b>1.73</b>	<b>17.80</b>	<b>3.41</b>	<b>12.13</b>	<b>6.59</b>	<b>6.35</b>	<b>12.58</b>

<sup>[1]</sup>Caracterização física, química e físico-química de frutos de mangabeiras nativas de Ouriçangas-BA, 2006., <sup>[2]</sup>Desvio Padrão, <sup>[3]</sup>Coefficiente de Variação.

O conteúdo de sólidos solúveis totais obtidos para a seleção foi superior a 14,34 °Brix, equiparando-se ou superando em alguns casos os valores relatados por Borges et al. (2000) com 16,7 °Brix, em frutos nativos da região de Fortaleza-Ce. Os respectivos teores em acidez e SST conferem aos frutos excelentes características de sabor agridoce, assim como proporcionam ótimas propriedades para sua conservação e industrialização, corroborando com a citação de Fonseca et al. (2002). O ácido ascórbico detectado para seleção teve seu escore entre 91,87 e 126,32 mg/100 g, sendo em alguns casos próximo ao relatado por Lederman et al., (2000), 128,0 mg/100 g. Estes resultados são considerados acima do padrão exigido para a industrialização da polpa de frutas tropicais pela Instrução normativa nº 1 de 07/01/2000 do Ministério da Agricultura. Baseando-se nos valores alcançados pelos genótipos selecionados, podem então, ser considerados promissores para o trabalho de melhoramento da espécie, uma vez que reúnem um conjunto de variáveis (Tabelas: 1, 2 e 3) que podem ser aproveitados, buscando-se alcançar o potencial desejado para a cultura.

O comportamento de genótipos quanto similaridade mediante dados físicos e físico-químicos, pode ser visualizado pela representação de dendogramas. Sneath e Sokal (1973) relatam que os métodos de agrupamento mais utilizados para esta prática são os seqüenciais, aglomerativos, hierárquicos e não superpostos. O dendograma é um diagrama em forma de árvore que mostra a subdivisão dos grupos formados, buscando máxima homogeneidade entre os indivíduos no grupo e máxima heterogeneidade entre os grupos.

Como medida de similaridade, utiliza-se geralmente a distância Euclidiana média, e como processo de agrupamento o método hierárquico aglomerativo de Ward (1963) pela sua facilidade de interpretação, citado por Cruz e Regazzi (2001).

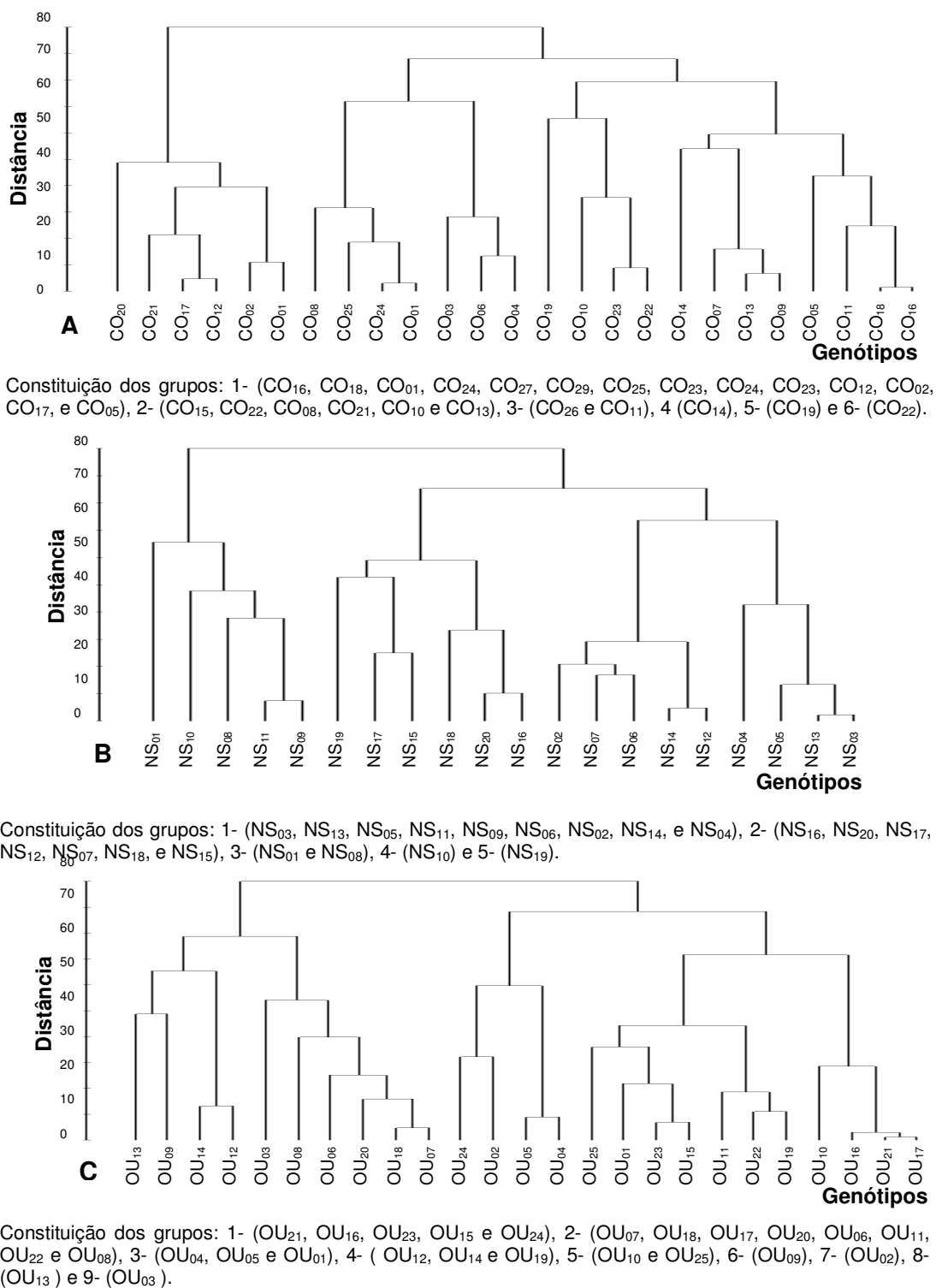
Assim, foram construídos dendogramas referentes a cada grupo estudado (Figura 1), e avaliada a similaridade existente entre o material por meio dos dados (físicos e físico-químicos) originais padronizados.

Na Figura 1 A, observa-se nitidamente a formação de seis grupos para a região do Conde sendo o grupo um, formado pelos genótipos: CO<sub>16</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>01</sub>, CO<sub>24</sub>, CO<sub>27</sub>, CO<sub>29</sub>, CO<sub>25</sub>, CO<sub>23</sub>, CO<sub>24</sub>, CO<sub>03</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>02</sub>, CO<sub>17</sub>, e CO<sub>05</sub>; o grupo dois constituído pelos genótipos: CO<sub>15</sub>, CO<sub>22</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>21</sub>, CO<sub>10</sub> e CO<sub>13</sub>; o grupo três formado pelos genótipos CO<sub>26</sub> e CO<sub>11</sub>, sendo os grupos quatro (CO<sub>14</sub>), cinco

(CO<sub>19</sub>) e seis (CO<sub>22</sub>). Valores semelhantes quanto à formação de grupo foi relatado por Salla (2002) que usando a técnica de RAPD para estimar a relação entre genótipos de acerola (*Malpighia emarginata*) ao analisar o dendograma gerado pela matriz de similaridade genética permitiu identificar cinco grupos distintos entre os 24 acessos de acerola, alguns grupos reuniram acessos que compartilharam características químicas e morfológicas. Para a região de Nova Soure, semelhante resultado foi encontrado com formação de cinco grupos, o um constituído pelos genótipos: NS<sub>03</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>05</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>09</sub>, NS<sub>06</sub>, NS<sub>02</sub>, NS<sub>14</sub>, e NS<sub>04</sub>, o dois formado pelos genótipos: NS<sub>16</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>17</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>07</sub>, NS<sub>18</sub>, e NS<sub>15</sub>, o grupo três pelos genótipos NS<sub>01</sub> e NS<sub>08</sub>, o grupo quatro através do NS<sub>10</sub> e cinco pelo NS<sub>19</sub>.

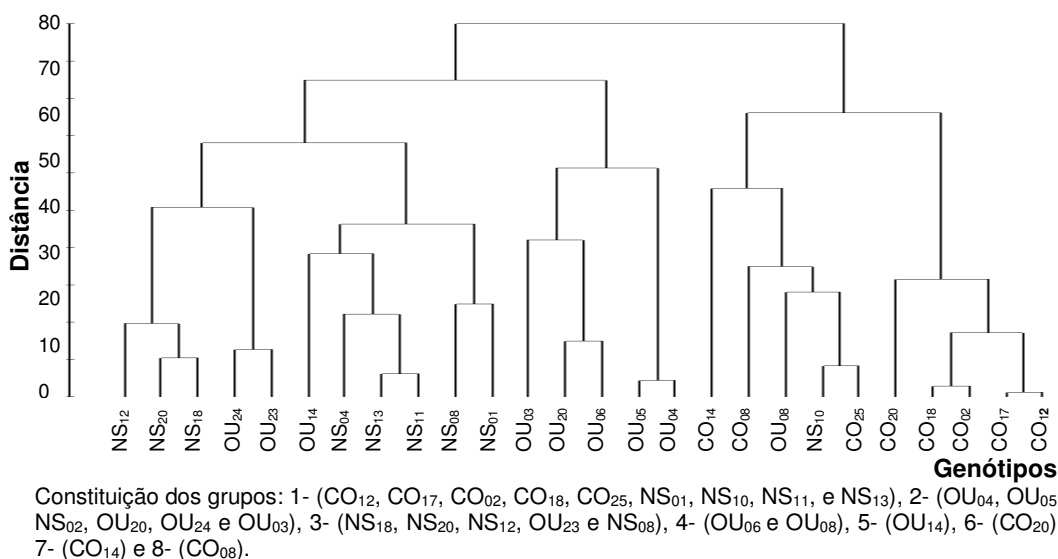
Ouriçangas contribuiu com a formação de nove grupos distintos, imprimido uma maior distância entre os acessos, sendo o grupo um formado pelos genótipos: OU<sub>21</sub>, OU<sub>16</sub>, OU<sub>23</sub>, OU<sub>15</sub> e OU<sub>24</sub>, o dois pelos genótipos: OU<sub>07</sub>, OU<sub>18</sub>, OU<sub>17</sub>, OU<sub>20</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>11</sub>, OU<sub>22</sub> e OU<sub>08</sub>, o grupo três: OU<sub>04</sub>, OU<sub>05</sub> e OU<sub>01</sub>, o quatro: OU<sub>12</sub>, OU<sub>14</sub> e OU<sub>19</sub>, o cinco formado pelos genótipos: OU<sub>10</sub> e OU<sub>25</sub>, e os grupos seis (OU<sub>09</sub>), sete (OU<sub>02</sub>), oito (OU<sub>13</sub>) e nove (OU<sub>03</sub>). A maior distância observada na população do Conde foi entre CO<sub>13</sub> e CO<sub>20</sub>, para Nova Soure entre NS<sub>01</sub> e NS<sub>19</sub> e Ouriçangas ficou entre OU<sub>04</sub> e OU<sub>13</sub>, a menor distância foi observada para o Conde entre CO<sub>16</sub> e CO<sub>18</sub>, para Nova Soure entre o NS<sub>03</sub> e NS<sub>13</sub>, e para Ouriçangas entre OU<sub>17</sub> e OU<sub>21</sub>.

Após realização da análise para cada grupo e verificada a divergência existente quanto aos caracteres físicos e físico-químicos entre os acessos, procedeu-se à análise de dissimilaridade em nível de DNA com os genótipos que demonstraram superioridade para estas variáveis, permitindo-nos estimar seu comportamento dentro do grupo formado independente da região de escolha, e assim obter melhor informação quanto a sua contribuição.



**Figura 1** **A** - Dendrograma de 25 genótipos de mangabeiras da região do Conde-BA, **B** - 20 da região de Nova Soure-BA e **C** - 25 da região de Ouriçangas-BA, construídos a partir dos dados físico-químicos dos frutos. Cruz das Almas-Ba, 2006.

O grupo de genótipos de mangabeira estabelecidos pelo método de Ward, com base na distância Euclidiana média dos dados originais padronizados (físicos e físico-químicos), para os genótipos superiores, pode ser observado na Figura 2. Nesta análise houve a formação de oito grupos sendo o grupo um formado pelos genótipos: CO<sub>12</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>02</sub>, CO<sub>18</sub>, CO<sub>25</sub>, NS<sub>01</sub>, NS<sub>10</sub>, NS<sub>11</sub>, e NS<sub>13</sub>; o dois: OU<sub>04</sub>, OU<sub>05</sub>, NS<sub>02</sub>, OU<sub>20</sub>, OU<sub>24</sub> e OU<sub>03</sub>; o três: NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>12</sub>, OU<sub>23</sub> e NS<sub>08</sub>; o quatro: OU<sub>06</sub>, OU<sub>08</sub> e os grupos cinco (OU<sub>14</sub>), seis (CO<sub>20</sub>), sete (CO<sub>14</sub>) e oito (CO<sub>08</sub>). Sendo a maior distância entre CO<sub>20</sub> e OU<sub>24</sub> e a menor entre o CO<sub>12</sub> e CO<sub>17</sub>.



**Figura 2.** Dendrograma de 26 genótipos que apresentaram características superiores para variáveis de interesse agrônomo construído a partir dos dados físicos e físico-químicos de frutos.

Para Ferreira e Grattapaglia (1998), a estimativa da distância genética baseada na análise de DNA elimina complicações advindas da avaliação fenotípica com influência do ambiente e baixo número de polimorfismo. Visando a confirmação da existência da variabilidade e possível seleção de genótipos dissimilares, pelo acesso direto ao DNA dos genótipos, foi realizada análise molecular destes com o emprego da técnica de RAPD.

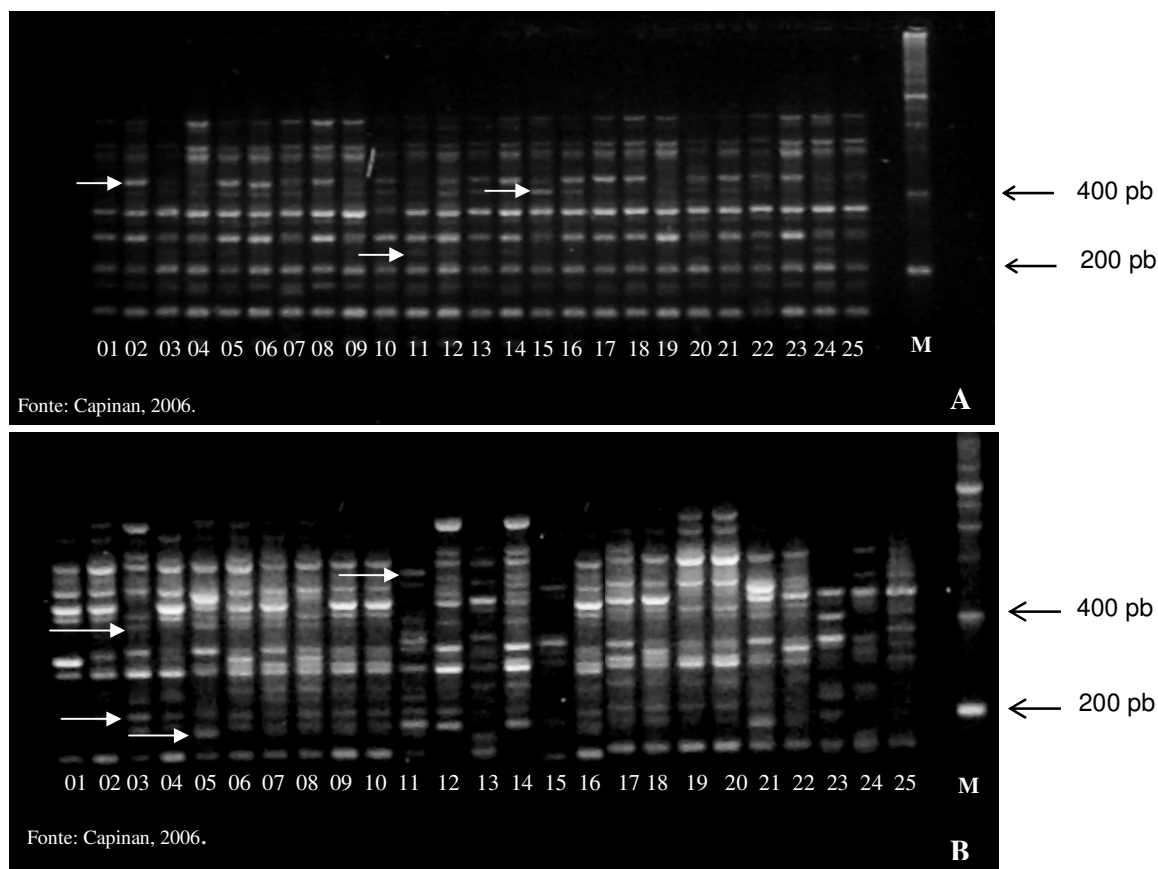
Dentre os 50 *primers* utilizados (Tabela 4), 32 proporcionaram eficiência na amplificação, com bandas de padrão de visualização adequada. Dentre os

*primers* selecionados, apenas as bandas intensas foram analisadas (Figura 3). Segundo Ferreira e Grattapaglia (1995), a maior ou menor intensidade com que uma banda RAPD é visualizada, é um reflexo direto do grau de competitividade do sítio no genoma, ou seja, quanto mais competitivo o sítio, mais interpretável, reproduzível e robusto será aquele marcador em ensaios sucessivos.

**Tabela 4.** - Bandas monomórficas e polimórficas em genótipos de mangabeira, geradas por amplificação da técnica RAPD. Cruz das Almas - BA, 2006.

<i>Primer</i>	Seqüência (5' – 3')	BP*	BM**	<i>Primer</i>	Seqüência (5' – 3')	BP*	BM**
OPA 07	GAAACGGGTG	10	06	OPG 05	CTGAGACGGA	07	02
OPA 16	AGCCAGCGAA	04	03	OPG 06	GTGCCTAACC	06	05
OPAA 20	TTGCCTTCGG	06	04	OPG 14	GGATGAGACC	11	06
OPAE 11	AAGACCGGGA	13	9	OPG 19	GTCAGGGCAA	06	08
OPAE 12	CCGAGCAATC	09	08	OPH 15	AATGGCGCAG	08	03
OPAO 05	TGGAAGCACC	12	04	OPH 18	GAATCGGCCA	09	03
OPB 05	TGCGCCCTTC	05	04	OPH 19	CTGACCAGCC	07	05
OPB 17	AGGGAACGAG	06	05	OPI 03	CAGAAGCCCA	09	07
OPCA 08	TTTGGGTGCC	05	03	OPI 18	TGCCCAGCCT	07	05
OPD 05	TGAGCGGACA	09	05	OPL 14	GTGACAGGCT	05	08
OPD 07	TTGGCACGGG	13	03	OPM 02	ACAACGCCTC	09	03
OPD 12	CACCGTATCC	09	03	OPR 06	GTCTACGGCA	07	02
OPD 18	GAGAGCCAAC	07	02	OPR 08	CCCGTTGCCT	07	02
OPD 20	ACCCGGTCAC	10	03	OPT 07	GGCAGGCTGT	06	06
OPF 13	GGCTGCAGAA	07	05	OPT 13	AGGACTGCCA	07	03
OPG 03	GAGCCCTCCA	11	10	OPY 07	AGAGCCGTCA	07	04

Na amplificação foi gerado um total de 407 bandas, sendo 257 polimórficas e 150 monomórficas. A média de bandas polimórficas por *primer* foi de 8,03, onde os *primers* OPAE-11 e OPD-07, geraram o maior número de bandas polimórficas, 13 para ambos. O menor número de bandas polimórficas foi apresentado pelos *primers* OPB-05, OPL-14, OPCA-08 com 05 bandas cada e o OPA-16 com 04 bandas (Tabela 4). Machado et al. (1996) e Coletta Filho et al. (1998) obtiveram, respectivamente, médias de 5,3 e 4,7 bandas por *primer*, ao trabalharem com tangerinas e mexericas. Weeden et al. (1994), utilizando 70 *primers* de RAPD, encontraram cerca de 220 fragmentos polimórficos para a população em pêra.



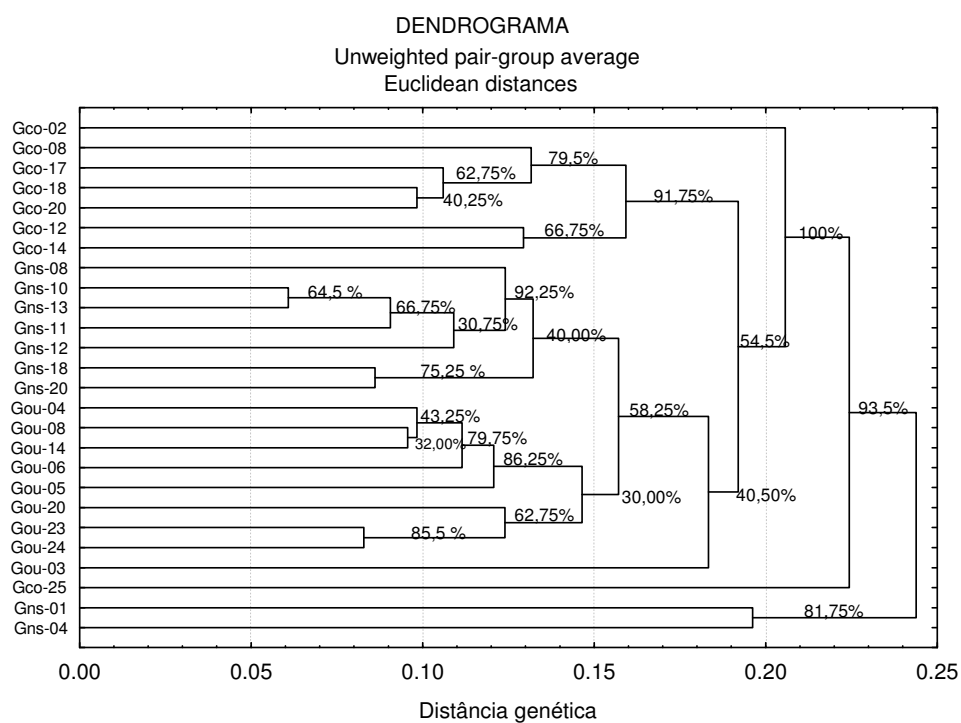
**Figura 3.** A - Produtos de amplificação de genótipos de mangabeiras de Conde-BA, pela técnica RAPD, *primer* OPAE12. B - Produtos de amplificação de genótipos de mangabeiras da região de Ouriçangas-BA, *primer* OPAE11. Presença de bandas polimórficas indicadas pelas setas. Marcador Molecular de 1000 pb indicado por M. Cruz das Almas - BA, 2006.

Fajardo et al. (1998), trabalhando com espécies de *Passiflora*, utilizaram 50 iniciadores em 52 genótipos, que propiciaram um elevado polimorfismo entre as espécies e genótipos avaliados, gerando um total de 626 fragmentos polimórficos. Serra (2006) em trabalhos realizados com utilização de RAPD no estudo da divergência genética em castanha do Brasil, obteve 144 bandas polimórficas com número médio de locos por *primer* de 2,8.

De acordo com o dendograma (Figura 4), originado a partir de dados moleculares, foi possível a identificação de sete grupos, sendo o grupo um formado pelos genótipos: NS<sub>10</sub>, NS<sub>13</sub>, NS<sub>11</sub>, NS<sub>12</sub>, NS<sub>18</sub>, NS<sub>20</sub>, NS<sub>08</sub>, OU<sub>14</sub>, OU<sub>08</sub>,



OU<sub>04</sub>, OU<sub>06</sub>, OU<sub>05</sub>, OU<sub>24</sub>, OU<sub>23</sub> e OU<sub>20</sub>; o grupo dois pelos genótipos: CO<sub>18</sub>, CO<sub>20</sub>, CO<sub>17</sub>, CO<sub>08</sub>, CO<sub>12</sub>, CO<sub>14</sub>; os grupos três (CO<sub>25</sub>), quatro (CO<sub>02</sub>), cinco (OU<sub>03</sub>), seis (NS<sub>02</sub>) e sete (NS<sub>01</sub>). A maior distância foi observada entre os genótipos CO<sub>22</sub> e NS<sub>01</sub> e a menor entre NS<sub>10</sub> e NS<sub>13</sub>. Os marcadores moleculares RAPD mostraram-se eficientes na separação de indivíduos de acordo com suas origens geográficas, entretanto, apresentaram-se pouco eficientes na separação dos indivíduos dentro de cada população estudada.



**Figura 4.** Dendrograma de caracteres moleculares de mangabeira provenientes de 26 genótipos que apresentaram características superiores para variáveis de interesse agrônômico.

Os resultados obtidos mostraram que a maioria dos acessos são muito próximos geneticamente, possivelmente devido a uma mesma origem genética ou simplesmente por apresentarem pouca segregação (Lederman, 2000). A similaridade máxima encontrada entre os acessos pode ser devido à limitação do marcador molecular RAPD, que, por ser um marcador de natureza dominante, não é capaz de discriminar adequadamente a ocorrência de heteromorfismo intra-locos (Silva, 1996).

A discriminação entre materiais muito aparentados com uso de marcadores RAPD pode ser alcançada quando se aumenta o número de bandas polimórficas, por meio do uso de um maior número de oligonucleotídeos iniciadores (Welsh et al., 1991; Ferreira e Grattapaglia, 1995) ou uso de outros marcadores moleculares não dominantes como microssatélites e RFLP (Thomas et al., 1998; Bastianel, 1999). Porém, alguns trabalhos de re-amostragem com marcadores do tipo RAPD, têm demonstrado que a partir da presença de 100 bandas polimórficas, praticamente ocorre uma estabilização do coeficiente de variação das distâncias genéticas entre os genótipos (Nienhuis et al., 1995).

Assim, o uso da técnica RAPD permitiu a identificação de acessos que contribuem para a ampliação da base genética, formando diferentes grupos onde a confiabilidade da formação dos grupos foi assegurada pela técnica de *bootstrap* (Figura 4), cujos valores, em sua maioria, superou 50%. No entanto, foi possível observar que os genótipos, CO<sub>25</sub>, CO<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub>, NS<sub>02</sub> e NS<sub>01</sub>, mostraram-se dissimilares, sendo possível selecionar ainda dois genótipos; um pertencente ao grupo um (OU<sub>20</sub>) e o outro ao grupo dois (CO<sub>17</sub>), levando em consideração a sua performance quanto aos atributos químicos e físicos que superou os demais pertencentes ao mesmo grupo.

## CONCLUSÕES

A técnica de RAPD permite verificar diferenças nos genótipos de mangaba das regiões estudadas.

Os genótipos CO<sub>25</sub>, CO<sub>02</sub>, OU<sub>03</sub>, NS<sub>02</sub>, NS<sub>01</sub>, CO<sub>17</sub>, OU<sub>20</sub> e NS<sub>08</sub> são recomendados para uso no melhoramento, considerando não apenas a distância genética como também o seu comportamento agrônômico.

Os marcadores morfológicos evidenciam dissimilaridade genética a qual foi respaldada com similar variabilidade em nível de DNA por técnica de RAPD.

## REFERÊNCIAS

ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official methods of analysis of the AOAC**. 12.ed. Washigton D.C. 1975. p 391-410.

BASTIANEL, M. **Análise de uma população segregante de tangerine “Le” [*Citrus reticulata* x (*C. tangerina* x *C. paradisi*)] através de RAPD e marcadores morfológicos.** 1999. 91f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre.

BORGES, M. de F.; FILGUEIRAS, H. A. C.; MOURA, C. F. H. Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). In: ALVES, R.E.; FILGUEIRAS, H.A C.; MOURA, C.F.H. (Coords.). **Caracterização de frutas nativas da América Latina.** Jaboticabal: FUNEP, 2000. p. 44 - 47.

BOTSTEIN, D. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal Human Genetics**, Chicago, v. 32, n. 3, p. 314 - 331, 1980.

CANSIAN, R. L. et al. Estudo de diversidade na cultivar de repolho “Brunswish” por RAPD. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, p. 182 -184, 2000. (Suplemento).

COLETTA FILHO, H. D. et al. Analysis of the genetic diversity among mandarins (*Citrus* spp) using RAPD markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 102, p. 133 - 139, 1998.

CRUZ, C. D. **Programa GENES:** versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

CRUZ, E. M. de O. **Caracterização e seleção de genótipos de mangabeira utilizando marcadores morfológicos e moleculares.** 2005. 65f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas.

DIAS, L. A. S. Análises multidimensionais. In: Alfenas, A.C. (Ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins:** fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos. Viçosa: UFV, 1998. p. 405 – 473.

DIAS, M. G. L.; MARANHÃO, T. O. Análise citogenética e palinológica quanto à viabilidade e morfologia em mangabeira (*Hancornia speciosa*). **Biociências**, Taubaté, v. 1, p. 61 - 69, 1994.

DOYLE, J. J. T.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Ithaca, v. 12, p. 13 - 18, 1990.

FAJARDO, D. A. et al. Biochemistry and regulation of a novel *Escherichia coli* K-12 porin protein, OmpG, which produces unusually large channels. **Journal of Bacteriology**, n. 180, p. 4452 - 4459, 1998.

FELSENTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution**, v. 39, n. 4, p. 783 - 791, 1985.

FEREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: EMBRAPA, 1995. 220p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998, 220p.

FONSECA, A. A. O. et al. Qualidades física, química e físico-química de frutos nativos de mangabeiras (*Hancornia speciosa*) da região de camaçari-BA. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE TECNOLOGIA DOS ALIMENTOS, 18., 2002, Porto Alegre-RS. **Anais...**, Porto Alegre - Rs: CBTA, 2002. 1CD-ROM.

GEBHARDT, C. et al. RFLP analysis and linkage mapping in *Solanum tuberosum*. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 78, p. 65 - 75, 1989.

GONCALVES, E. D. et al. Estudo da variabilidade genética e escurecimento epidérmico em caqui 'Fuyu' (*Diospyrus kaki*) após armazenamento refrigerado. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n. 3, p. 555 - 557, 2004.

**IBGE. Extração vegetal e silvicultura: produto alimentício – mangaba (fruto), quantidade produzida**. 2004. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/estadosat/temas.php?sigla=se&tema=extracaovegetal2004&titulo=Extra%E7%E3o%20vegetal%20e%20silvicultura%202004>>. Acesso em: 22 dez. 2006.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. Normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz: **Métodos químicos e físicos para análise**, 2. ed. São Paulo, 1985. v. 1.

KIJAS, J. M. H. et al. Integration of trinucleotide microsatellites into a linkage map of *Citrus*. Berlin **Theoretical and Applied Genetics**, v. 94, p. 701-706. 1997.

LAMEGO, F. P. et al. Distância genética e geográfica entre acessos de picão-preto suscetíveis e resistentes a herbicidas inibidores da acetolactato sintase. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 6, p. 963 - 968, 2006.

LEDERMAN, I. E. et al. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000. 53p. (Série frutas nativas, 2).

LEDERMAN, I. E. et al. Oferta e procedência de frutas tropicais nativas e exóticas na CEASA-Pernambuco. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 15, n. 3, p. 203 - 209, 1992.

LOPES, M. S. et al.. Marcadores moleculares dominantes (RAPD e AFLP). **Biociência**, Uberlândia, v. 5, n. 29, p. 56 - 60, 2002.

MACHADO, M. A. et al. Genetic relationship of mediterranean mandarins (*Citrus deliciosa* Tenore) using RAPD markers. **Euphytica**, Holanda, v. 92, p. 321 - 326, 1996.

MEYER, A. da S. et al. Comparison of similarity coefficients used for cluster analysis with dominant markers in maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 27, n. 1, 2004.

MONACHINO, J. A revision of *Hancornia* (Apocynaceae). **Lilloa**, Tucumán, v.11, p. 19 - 48, 1945.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A. M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **The Plant Journal**, Oxford, v. 3, p. 175 - 182, 1993.

MARIN, A. L. A. et al. Genetic variability and pedigree analysis of brazilian common bean elite genotypes. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 60, n. 2, p. 283-290, 2003.

NIENHUIS, J. et al. Genetic relationships among cultivars and landraces of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n. 2, p. 300 - 306, 1995.

PARENTE, T. V.; BORGIO, L. A.; MACHADO, J. W. B. Características físico-químicas de frutos de mangaba do cerrado da região geoeconômica do Distrito Federal. Planaltina: **Ciência e Cultura**, Planaltina, v, 37, n. 1, p. 95-98, 1985.

PEREIRA, M. et al. Caracterização morfológica e molecular de espécies de *Myrciaria* spp. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 27, n. 3, p. 507 - 510, 2005.

POPESCU, C. F.; FALK, A.; GLIMELIUS, K. Application of AFLPs to characterize somaclonal variation in anther-derived grapevines. **Vitis**, Siebeldingen, v. 41, n. 4, p. 177-182, 2002.

PROVAN, J.; POWELL, W.; WAUGH, R. Microsatellite analysis of relationships within cultivated potato (*Solanum tuberosum*). **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 92, p. 1078 - 1084, 1996.

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

SANTOS, J. B. et al. Efficiency of genetic distance based on RAPD markers for choosing parents of common bean. **Journal of Genetics & Breeding**, Roma, v. 54, n. 4, p. 251-258, 2000.

SCOTT, K.D. et al. AFLP markers distinguishing an early mutant of Flame Seedless grape. **Euphytica**, Wageningen, v. 113, n. 3, p. 245 - 249, 2000.

SERRA, G. P. S. et al. Estudo da divergência genética em Castanheira-do-Brasil (*Bertholletia excelsa* H.B.K.) utilizando marcadores moleculares RAPD. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 18, n. 1, p. 42 - 47, 2006.

SILVA, B.A. **O uso de marcadores moleculares e descritores morfológicos na caracterização de clones de limão cravo** (*Citrus limonia* Osb.). 1996. 83f.. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu.

SMITH, J. S. C. et al. An evaluation of the utility of ssr loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFPS and pedigree. **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 95, p. 163 - 173. 1997.

SNEATH, P. H.; SOKAL, A. R. R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973. 573p.

STATISTICA for Windows (programa computacional). Tulsa, Ok.: Statsoft, 2002.

TELLES, M. P. C. et al. Marcadores RAPD na análise da divergência genética entre raças de bovinos e número de *locos* necessários para a estabilidade da divergência estimada. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 2, n. 2, p. 87-95, 2001.

THOMAS, M.R. et al. Sequence - Tagged site markers in grapevine and citrus. **Journal of the Japanese Society for Horticultural Science**, Tokyo, v. 67, n. 6, p. 1189 - 1192, 1998.

VIEIRA NETO, R. D. Caracterização física de frutos de uma população de mangabeira. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas. v. 19, n. 2, p. 247 - 250, 1997.

VIEIRA NETO, R. D. Mangaba. In: VIEIRA NETO, R. D. **Fruteiras potenciais para os Tabuleiros Costeiros e Baixada Litorânea**. Aracaju: Embrapa-CPATC/Emdagro, 2002. p. 115 – 140.

VOS, P. et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic Acids Research**, London, v. 23, n. 21, p. 4.407 - 4.414, 1995.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, Alexandria-US, v. 58, p. 236 - 244, 1963.  
WEEDEN, N. F.; TIMMERMAN, G. M.; L. U. J. Identifying and mapping genes of economic significance. **Euphytica**, Wageningen, v. 73, p. 191 - 198, 1994.

WELSH, J. et al. Parentage determination in maize hybrids using the arbitrarily primed polymerase chain reaction (AP-PCR). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, p. 473 - 476. 1991.

WILLIAMS, J. G. K. et al. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, n. 22, p. 6531 - 6535, 1990.

ZIETKIEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. **Genomics**, San Diego, v. 20, p.176 - 183, 1994.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A mangabeira é uma das frutíferas nativas de grande importância para inúmeras famílias que vivem nas regiões semi-áridas, uma vez que a renda de muitas destas consolida-se basicamente pela comercialização dos produtos advindos desta cultura, representando, desta forma, uma alternativa altamente viável para pequenos e médios produtores. Pela inexistência de plantios racionais e tecnificados o extrativismo apresenta-se atualmente como única forma de exploração, constituindo-se uma grande barreira ao aproveitamento de toda sua potencialidade.

Devido ao sabor e aroma característicos, a mangaba vem seguindo a tendência de produtos processados, sendo utilizado para enriquecimento e misturas com outros sucos (“blend”), na fabricação de sucos em pó e como aditivo em bebidas lácteas. A utilização de partes da planta também é muito utilizada na medicina popular, sendo a casca detentora de propriedades adstringentes, as folhas utilizadas como chá para alívio de cólicas e o látex vem sendo empregado contra tuberculose, úlceras e herpes além de ser usado na confecção de borracha por possuir elevada qualidade, porém economicamente inviável diante do excelente desempenho técnico e econômico da seringueira (*Hevea brasiliensis*).

Entretanto, muitas barreiras de natureza agrônômica ainda existem, desestimulando muitas vezes o plantio tecnificado da mangabeira, dentre estas, a falta de mudas selecionadas, variedades e orientações técnico-científicas, ocorrendo plantios sem seleção de indivíduos com caracteres desejáveis, formando pomares desuniforme quanto à altura, frutificação maturação entre outros.

Para que ocorra uma adequada exploração é necessário que se faça uma seleção de plantas com caracteres desejáveis, para fazer parte de um programa



de melhoramento, onde, requer a existência de variabilidade genética, a qual pode ser acessada por meio do uso simultâneo de marcador molecular e morfológico, assegurando a seleção de genótipos com comprovada superioridade. Estimativa com dados morfológicos é uma considerável ferramenta para detectar variabilidade em estudos iniciais de melhoramento. Como também os dados moleculares que aumentam a eficiência da seleção, com a eliminação do efeito do ambiente sobre o caráter (Kavati, 1997).

A variabilidade nas plantas estudadas de mangaba dentro de cada região e entre as regiões em estudo para os caracteres físicos (Capítulo I) e químicos (Capítulo II), demonstrou o potencial de exploração genética desta fruteira, possibilitando selecionar genótipos promissores. Contudo, a procura de constituições genéticas que agreguem atributos físicos e químicos proporcionará um maior progresso dos genótipos, que servirão de base para trabalhos de melhoramento da espécie.

Pela avaliação da dissimilaridade para os caracteres físicos e químicos foi possível constatar a formação de grupos, os quais apresentam-se com menor distância dentro do grupo e maior entre os grupos, sendo que a variabilidade observada ficou mais evidente dentro de cada população, independente da distância geográfica, assegurando a seleção de plantas com elevado potencial para os caracteres de interesse agrônomico e diferente ao nível genético, para serem incluídas nas coleções biológicas.

A formação de grupos gerados por mensurações físicas e físico-químicas terá maior respaldo ao confirmarem suas informações genéticas diretamente no DNA. Por esta razão, os genótipos foram avaliados utilizando técnicas de marcadores moleculares do tipo RAPD (Capítulo III) comprovando a formação de grupos dissimilares, assegurando a existência de variabilidade genética de mangabeiras nas regiões em estudo, podendo ser notado que quando estudadas todas as regiões, nota-se evidente separação dos genótipos por população de origem, isso pelo fato dos acessos serem muito próximos geneticamente, possivelmente devido a uma mesma origem genética ou simplesmente por apresentarem pouca segregação (Lederman, 2000).

**REFERÊNCIAS**

LEDERMAN, I. E.; SILVA JÚNIOR, J. F.; BEZERRA, J. E. F.; ESPÍNDOLA, A. C. **Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes)**. Jaboticabal: Funep, 2000, 53p. (Série Frutas nativas 2).

KAVATI, R. Melhoramento em fruta-do-conde. In: SÃO JOSÉ, A. R.; SOUZA, I. V. B.; MORAIS, O. M.; REBOUÇAS, T. N. H. **Anonáceas, produção e mercado** (Pinha, Graviola, Atemóia e Cherimóia). Vitória da Conquista, p. 47 – 54, 1997.