

E. Ciências Agrárias - 1. Agronomia - 5. Agronomia

USO DE DIFERENTES ANÁLISES MULTIVARIADAS NA ESTIMATIVA DE DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM *Passiflora edulis* SIMS

Jacqueline Araújo Castro ¹

Eder Jorge de Oliveira ²

Bruno Portela Brasileiro ³

1. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - UFRB/EMBRAPA
2. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical
3. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - UFRB/EMBRAPA

INTRODUÇÃO:

O gênero *Passiflora* reúne cerca de 400 espécies de maracujá, a maioria originária da região Neotropical (América), sendo cerca de 88 nativas do Brasil. Existindo ampla variabilidade genética a ser conhecida e convenientemente utilizada. A quantificação da dissimilaridade genética pode servir como parâmetro para identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior possibilidade de recuperação de recombinantes superiores nas gerações segregantes. Existem vários métodos de classificação que podem ser utilizados na formação de grupos heteróticos, no entanto, deve-se optar por aqueles que produzem resultados expressos em variação mínima dentro do grupo (homogeneidade) e máxima variação entre grupos (heterogeneidade). O presente estudo objetivou comparar a eficácia de diferentes análises de divergência genética, em acessos de *P. edulis*, fazendo uso da estratégia Ward-MLM (*Modified Location Model*) e da distância euclidiana média associada ao método de agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average*), além de estimar a contribuição das variáveis para a dissimilaridade genética.

METODOLOGIA:

Foram utilizados 53 genótipos da espécie *Passiflora edulis*, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e do Programa de Melhoramento de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. Estes acessos foram avaliados quanto à ocorrência da virose do endurecimento dos frutos em folhas, frutos, bem como a distribuição dos sintomas na planta. Também foi feita observação da ocorrência de verrugose em frutos e ramos. As características físico-químicas analisadas foram: peso (g) e comprimento do fruto (cm), espessura da casca (mm), peso da polpa (g) e sólidos solúveis totais (°Brix). O uso do programa estatístico SAS (SAS Institute, 2003) foi adotado para aplicação da abordagem Ward-MLM no agrupamento dos acessos. O programa GENES (Cruz, 2008) foi utilizado para cálculo da distância euclidiana média e análise de Singh.

RESULTADOS:

A partir da função logarítmica de verossimilhança, observou-se a formação de três grupos na análise Ward-MLM. Por outro lado, a utilização da média da matriz de distância euclidiana média como ponto de corte possibilitou a formação de cinco grupos. As duas primeiras variáveis canônicas obtidas pela metodologia Ward-MLM explicaram 100% da variação observada, sendo possível compreender de maneira satisfatória a variabilidade genética entre os acessos e a relação entre os grupos. As características que mais contribuíram para a divergência genética na análise Ward-MLM foram comprimento e peso do fruto. Por outro lado, utilizando a metodologia descrita por Singh, as variáveis que mais contribuíram para a divergência foram peso de fruto e peso da polpa. Portanto, houve diferenças nos métodos de análise utilizados com relação ao número de grupos formados e na definição das variáveis que mais contribuíram para a análise de dissimilaridade entre os genótipos. Estas discrepâncias no agrupamento são comuns na classificação de um grande número de genótipos, a exemplo do presente trabalho. Entretanto, levando-se em consideração variância mínima dentro dos agrupamentos, e maior explicação dos

efeitos das primeiras variáveis canônicas, a metodologia Ward-MLM mostrou-se promissora.

CONCLUSÃO:

A estratégia Ward-MLM possibilitou a formação de grupos com homogeneidade interna e heterogeneidade entre os grupos, permitindo maior entendimento da relação entre os genótipos. A análise utilizada pode interferir nas escolhas tomadas pelo pesquisador, portanto, deve-se levar em conta a experiência do melhorista com relação ao material vegetal utilizado no programa de melhoramento e o conhecimento sobre os métodos de análise multivariada.

Palavras-chave: Análise de agrupamento, Diversidade genética , Recursos genéticos.