



DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSO DE ARAÇÁ-UNA COLETADOS NA REGIÃO SERRANA NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO.

Vitor Zorzal Majeski¹, Victória Manhago Salvador¹, Nicolas Campos Faccin Pinho¹, Stefani Moreira da Costa², Tiago de Oliveira Godinho², Sarah Ola Moreira².

¹Instituto Federal do Espírito Santo - Campus Venda Nova do Imigrante, Rua Elizabeth Minete Perim, s/n, São Rafael - 29375-000 - Venda Nova do Imigrante-ES, Brasil, vitorzmajeski@hotmail.com, vicmsalvador@gmail.com, nickfaccin@live.com.

²Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural, Centro de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação Serrano, Rodovia BR 262, Km 94, s/n, Fazenda do Estado - 29278-000 - Domingos Martins-ES, Brasil, stefanimoreira_2013@hotmail.com, godinhoto@hotmail.com, sarah.ola@gmail.com.

Resumo - A diversidade genética é a base para o desenvolvimento de programas de melhoramento. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade genética existente entre acessos de araçá-una coletados na região serrana do Estado do Espírito Santo. Foram coletados 11 acessos em quatro municípios e variáveis biométricas de seus frutos foram avaliadas. Foi estimada a divergência genética pelo método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), pelo método de otimização de Tocher e por meio de variáveis canônicas. Pelo método UPGMA houve a formação de seis grupos, três deles (GII, GV e GVI) separaram os acessos por município. O método de Tocher e das variáveis canônicas tiveram a mesma distribuição dos genótipos entre os grupos. A variável que mais contribuiu para a divergência genética entre os acessos de araçá-una foi o rendimento percentual de sementes, com 52,03%. Há grande diversidade genética entre os acessos de araçá-una coletados, o que fornece uma boa base para o desenvolvimento de programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Psidium myrtoides*, métodos de agrupamento, importância de caracteres.

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônoma, Agronomia

Introdução

O gênero *Psidium* no Estado do Espírito Santo tem ampla diversidade. Dentre as espécies desse gênero, a *Psidium myrtoides*, conhecida popularmente como araçá-una, ocorre em regiões de tabuleiro, montanhas e restingas, em áreas altamente ameaçadas devido à urbanização das áreas costeiras e a expansão da agricultura (Tuler et al., 2017). Diante disso, é necessário conhecer a biodiversidade genética dessa espécie e desenvolver atividades que favoreçam a sua conservação. Dentre as estratégias de manutenção de variabilidade genética está a "Conservação pelo Uso" que consiste em tornar as espécies úteis a população em geral, que por isso, manterão exemplares da espécie em suas propriedades (Borém et al., 2009).

O Centro de Desenvolvimento do Agronegócio (Cedagro) desenvolveu um estudo sobre o mercado de produtos não madeireiros nativos da Floresta Atlântica e estimou que a demanda por frutos de araçá-una para processamento no Espírito Santo é superior a 80 mil kg por ano (Cedagro, 2018). Isso indica o crescimento de um nicho de mercado formado por pessoas que buscam alimentação saudável a um custo acessível. Os frutos de araçá-una são ricos em antocianinas e carotenoides, e são utilizados na indústria de sorvetes e na fabricação de produtos artesanais como licores e geleias, podendo também ser consumido *in natura*, atendendo a esse novo padrão de consumo (Ceresino, 2012).

O objetivo desse trabalho foi estimar a divergência genética com base em caracteres de frutos entre diferentes matrizes (acessos) de araçá-una coletados na região serrana do Estado do Espírito Santo.

Metodologia

Foi realizada uma prospecção de plantas em produção de araçá-una na região serrana do Espírito Santo para coleta de frutos (cadastro SisGen nº AA9C867). Foram amostradas 11 plantas nos



municípios de Castelo (3); Venda Nova do Imigrante (4); Conceição do Castelo (3) e Afonso Cláudio (1). No momento da coleta, entre novembro de 2017 e março de 2018, as plantas matrizes foram identificadas e georreferenciadas. As altitudes em relação ao nível do mar das matrizes variaram entre 132 e 932 metros.

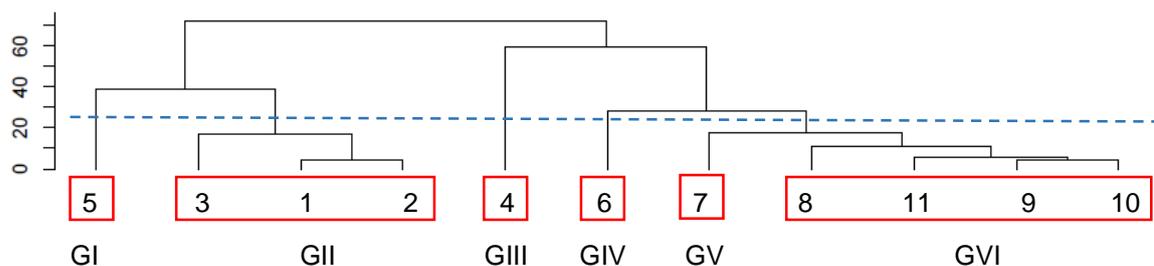
Os frutos coletados foram identificados e acondicionados em sacos de polietileno e levadas ao laboratório. Em cada amostra, composta por 10 frutos por matriz, foram analisadas as seguintes variáveis: comprimento (CFr) e largura de frutos (LFr); número de sementes por fruto (NSem); massa fresca de frutos (MFr); firmeza de fruto (Firm); rendimentos percentuais (p/p) de polpa (%Pol) e semente (%Sem). Utilizou-se um paquímetro digital para avaliar as dimensões dos frutos (mm), para firmeza dos frutos, foi utilizado um penetrômetro digital (N) e as massas, em balança de precisão (g).

Para a quantificação de divergência genética foi estimada a matriz de dissimilaridade genética pela distância de Mahalanobis. A partir dessa matriz foi realizado o agrupamento dos genótipos utilizando o método hierárquico da ligação média entre grupo (*Unweighted Pair-Group Average – UPGMA*), pelo método de otimização de Tocher e por meio de variáveis canônicas, para permitir uma interpretação mais robusta dos grupos formados. A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC). Foi estimada a importância relativa dos caracteres para a dissimilaridade pelo método do Singh. Para a análise dos dados, utilizou-se o programa Genes (Cruz, 2016) integrado ao programa R (R Development Core Team, 2006).

Resultados

Pelo método de agrupamento da formação de ligação média entre grupos (UPGMA) houve a formação de seis grupos (Figura 1). O acesso 5 (GI) teve a maior massa de frutos e maior rendimento de polpa, no GII estão alocados os acessos coletados em Conceição do Castelo, o acesso 4 (GIII) teve menor comprimento e largura de frutos; o acesso 6 (GIV) teve o maior rendimento de sementes; o GV, formado pelo acesso 7, incluiu o único acesso do município de Afonso Cláudio; e no GVI foram alocados os genótipos coletados em Venda Nova do Imigrante. O coeficiente de correlação cofenético foi de 82,62%.

Figura 1 – Dendrograma de dissimilaridade genética entre 11 acessos de araçá-una obtido pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA), com base em sete descritores quantitativos (CCC = 0,8262**).

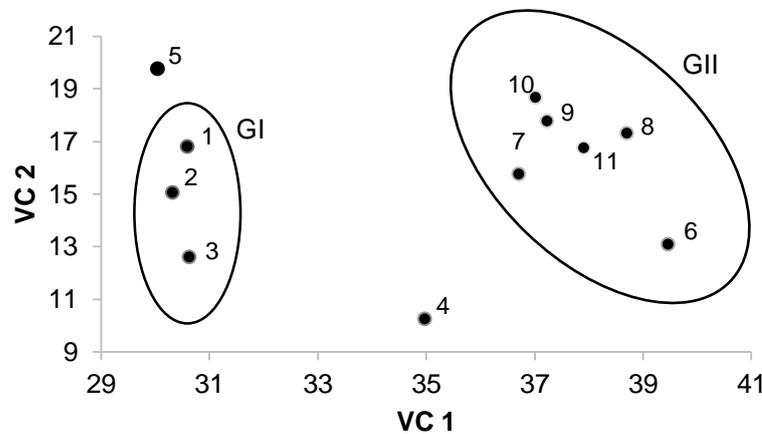


Fonte: O autor.

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 86,56% da variação total, justificando o estudo da divergência genética por meio da dispersão gráfica bidimensional (Figura 2). Por esse método, o agrupamento dos acessos foi divergente do obtido pela técnica de UPGMA, mas mantém semelhanças em relação aos grupos formados pelos acessos 1, 2 e 3 e o isolamento dos materiais 5 e 4. Todos os demais acessos formaram um único grupo. Essa distribuição dos genótipos nos grupos foi a mesma obtida pelo método de Tocher.

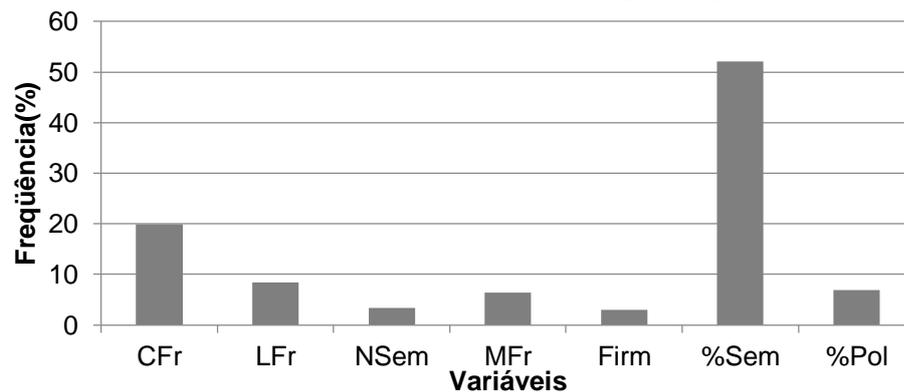
A variável que mais contribuiu para a divergência genética entre os acessos de araçá-una foi o percentual de sementes, com 52,03%, seguido do comprimento do fruto com 19,95% (Figura 3). A Firmeza contribuiu com apenas 3,02%, sendo possível descartar a sua análise para a avaliação da diversidade genética de araçá-una.

Figura 2 - Dispersão de 11 acessos de araçá-una em relação as duas primeiras variáveis canônicas (VC 1 e VC 2).



Fonte: O autor.

Figura 3 - Importância relativa dos caracteres para a divergência genética de araçá-una.



Fonte: O autor.

Discussão

Os acessos de araçá-una coletados tiveram ampla diversidade genética, o que permitiu a formação de seis grupos pelo método de agrupamento de UPGMA. Isso demonstra a necessidade de maior número de coletas e caracterização de materiais genéticos, buscando identificar conteúdos genéticos dessa diversidade ainda não identificados. Pessanha et al. (2011) verificaram que o agrupamento hierárquico UPGMA foi o mais eficiente para explicar a diversidade genética entre 20 acessos de *Psidium* spp. coletados da região norte e noroeste Fluminense. Para esses autores o coeficiente de correlação cofenético foi de 92% e, assim como nesse trabalho, indicaram que agrupamento formado refletiu a variabilidade observada nas matrizes dissimilaridade de Mahalanobis.

Pelo método UPGMA foi possível ainda separar os materiais genéticos de acordo com município de origem do material genético, indicando que há variáveis que favorecem a manutenção de caracteres nos acessos de acordo com características regionais, que pode ser a altitude, a variáveis edafoclimáticas, o uso de sementes de mesma origem ou a distância entre as matrizes, o que favorece o intercruzamento. Trabalhando com diferentes espécies do gênero *Psidium*, Souza et al. (2014) observaram alto grau de polimorfismo, o que pode estar relacionado ao sistema de polinização misto do gênero a intensa utilização de sementes na produção de mudas, o que acarretaria em ampla



variabilidade genética. No entanto, Pessanha et al. (2011) reforçam que o sistema reprodutivo da família Myrtaceae, principalmente das espécies silvestres ainda não foi suficientemente estudado.

Os agrupamentos formados pelos métodos das variáveis canônicas e de Tocher foram semelhantes, indicando a robustez entre essas duas metodologias. Por outro lado, por ter formado menor número de grupos, essas metodologias não foram tão eficientes quando o UPGMA para identificar a diversidade entre os acessos.

Dentre as variáveis estudadas, o percentual relativo de sementes foi a variável que mais contribuiu para a diversidade genética. O número de sementes por fruto entre os acessos estudados variou de 3 a 12, e o rendimento percentual de 3 a 58%, reforçando a grande variabilidade entre os materiais estudados. Por outro lado, a firmeza dos frutos teve pequena variação e por isso, podem ser desprezadas em análises de diversidade genética de araçá-una.

Conclusão

O agrupamento pelo método UPGMA foi mais eficiente para quantificar a diversidade genética entre acessos de araçá-una coletados na região serrana do Espírito Santo.

Há grande diversidade genética entre os acessos de araçá-una coletados, o que fornece uma boa base para o desenvolvimento de programas de melhoramento e reforça a necessidade de ampliar a sua conservação.

Agradecimentos

À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo – Fapes pelo apoio financeiro ao projeto (Processo nº 75032180/16) e aos bolsistas de Iniciação Científica Júnior.

Referências

BORÉM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C.R. (ed). **Domesticação e melhoramento**: espécies amazônicas. Viçosa: UFV. 2009. 486p.

CEDAGRO. **Análise de mercado potencial de espécies florestais nativas do Estado do Espírito Santo**. Documento Síntese. Vitória, ES: Centro de Desenvolvimento do Agronegócio, 2018. 9p.

CERESINO, E.B. **Araçá-una: fonte não explorada de pigmentos**. 2012, 69f. Dissertação (Mestrado em Ciência de Alimentos). Universidade Estadual de Campinas, Faculdade de Engenharia de Alimentos, 2012.

CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Sci. Agron.** V.38, n.4, p.547-552, 2016.

PESSANA, P.G.O.; VIANA, A.P.; AMARAL JUNIOR, A.T.; SOUZA, R.M. TEIXEIRA, M.C.; PEREIRA, M.G. Avaliação da diversidade genética em acessos de *Psidium* spp. via marcadores RAPD. **Rev. Bras. Frutic.** V.33, n.1, p.129-136, 2011.

SOUZA, A.G.; RESENDE, L.V.; LIMA, I.P.; SANTOS, R.M.; CHALFUNI, N.N.J. Variabilidade genética de acessos de araçazeiro e goiabeira suscetíveis e resistentes a *Meloidogyne enterolobii*. **Ciê. Rural.** V.44, n.5, p.822-829, 2014.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. 2006. Disponível em: <www.r-project.org>. Acesso em 13 ago. 2018.

TULER, A.C.; CARRIJO, T.T.; FERREIRA, M.F.S.; PEIXOTO, A.L. Flora of Espírito Santo: *Psidium* (Myrtaceae). **Rodriguésia**, v. 68, n. 5, p. 1791-1805, 2017.