

Diversidade genética entre acessos de maracujazeiros com base em descritores morfoagronômicos

Genetic diversity among passion fruit accessions based on morphoagronomic descriptors

Thalita Neves **MAROSTEGA**^{1,2}; Severino de **PAIVA SOBRINHO**¹ & Petterson Baptista **DA LUZ**¹

RESUMO

Este trabalho teve como finalidade estimar a diversidade genética entre acessos de maracujazeiros conservados na coleção de trabalho da Universidade do Estado de Mato Grosso, com base em descritores morfoagronômicos. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições, quatro plantas por parcela. Foi gerada uma matriz de dissimilaridade fundamentada no complemento do coeficiente de coincidência simples. De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, os acessos *Passiflora morifolia* e *Passiflora foetida* foram os mais similares (dii' 0,25), enquanto os acessos *Passiflora quadrangularis* e *Passiflora suberosa* foram os mais distantes (dii' 0,88). Os acessos mais divergentes com base no método *unweighted pair-group method with arithmetic averages* (UPGMA) foram *P. foetida* e *Passiflora edulis*, sendo ambos pertencentes a subgêneros distintos.

Palavras-chave: germoplasma; morfologia; variabilidade.

ABSTRACT

This study aimed at evaluating the genetic diversity among passion fruit accessions kept in the Universidade do Estado de Mato Grosso collection, based on morphoagronomic descriptors. The experiment was conducted in a randomized block design, with four replications, four plants per plot. One dissimilarity matrix based on the complement of simple coincidence coefficient was generated. According to the values of the dissimilarity matrix, *Passiflora morifolia* and *Passiflora foetida* accessions were the most similar (dii' 0.25), while *Passiflora quadrangularis* and *Passiflora suberosa* accessions were the farthest (dii' 0.88). The most divergent accessions based on *unweighted pair-group method with arithmetic averages* (UPGMA) method were *P. foetida* and *Passiflora edulis*, which belong to different subgenera.

Keywords: germplasm; morphology; variability.

Recebido em: 25 fev. 2019

Aceito em: 14 nov. 2020

¹ Universidade do Estado de Mato Grosso, Avenida São João, s/n.º, Cavalhada – CEP 78200-000, Cáceres, MT, Brasil.

² Autor para correspondência: tamarostega@gmail.com

INTRODUÇÃO

A família Passifloraceae compreende 18 gêneros e cerca de 630 espécies, distribuídas predominantemente em áreas tropicais e subtropicais, sobretudo nas Américas e na África (AZEVEDO & BAUMGRATZ, 2004). Na América Latina, o gênero mais representativo é o *Passiflora*, com aproximadamente 400 espécies, das quais 150 são encontradas no Brasil (FALEIRO *et al.*, 2005). Isso coloca o país em uma posição privilegiada quanto aos recursos genéticos desse gênero, que podem ser explorados no melhoramento genético. O Brasil também se destaca como o principal produtor e consumidor mundial de maracujá, com produção estimada em 776.097 toneladas, sendo a área cultivada correspondente a 57.848 hectares por ano (IBGE, 2009).

Estudos acurados e detalhados da variabilidade genética do maracujazeiro podem indicar recursos genéticos valiosos, por meio da utilização seja de novas espécies nos sistemas de produção, seja de genes de espécies silvestres úteis ao melhoramento das atuais espécies cultivadas.

Existem duas maneiras de se inferir a diversidade genética: pela natureza preditiva e pela natureza quantitativa. A forma preditiva tem por base as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

As medidas de dissimilaridade mais comumente utilizadas na avaliação da divergência genética entre genótipos de espécies vegetais variadas são a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis. A distância generalizada de Mahalanobis ($d_{ii'}$) é preferível, pois é estimada quando se dispõe da matriz de variâncias e covariâncias residuais. Essas matrizes só podem ser estimadas quando os genótipos são avaliados em ensaios experimentais com repetições (CRUZ & CARNEIRO, 2003).

O presente trabalho foi desenvolvido com a finalidade de estimar a diversidade genética entre acessos de *Passiflora* spp. presentes no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade do Estado de Mato Grosso (Unemat), com base em descritores morfoagronômicos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na área experimental do laboratório de melhoramento genético da Unemat, *campus* Cáceres, localizada nas coordenadas 16°11'42" de latitude Sul e 57°40'51" de longitude Oeste, com temperatura média anual de 26,24°C, precipitação total anual de 1.333 mm e altitude de 118 m (NEVES *et al.*, 2011).

As mudas foram arranjadas em delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, quatro plantas por parcela, espaçadas 2 x 3 m, no sistema de espaldeira, com dois fios de arame situados a 1,50 e 2 m do nível do solo.

Avaliaram-se dois acessos comerciais de *Passiflora* (*Passiflora alata* e *Passiflora edulis*) e 10 acessos silvestres do BAG da Unemat (tabela 1).

Tabela 1 – Relação dos acessos de maracujá utilizados no experimento. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres, 2012.

Ordem	N. no BAG	Subgênero	Denominação do acesso	Origem
1	1	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora quadrangularis</i>	UENF
2	2	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora nitida</i>	UFV
3	3	<i>Decaloba</i>	<i>Passiflora foetida</i>	UENF
4	4	<i>Decaloba</i>	<i>Passiflora eichleriana</i>	UFV
5	5	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora alata</i>	UFV
6	8	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora cincinnata</i>	UFV
7	9	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora mucronata</i>	UFV

Continua...>

Continuação da tabela 1

Ordem	N. no BAG	Subgênero	Denominação do acesso	Origem
8	10	<i>Decaloba</i>	<i>Passiflora micropetala</i>	UENF
9	11	<i>Decaloba</i>	<i>Passiflora suberosa</i>	UENF
10	12	<i>Decaloba</i>	<i>Passiflora morifolia</i>	UENF
11	13	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora tenuifila</i>	UFV
12	14	<i>Passiflora</i>	<i>Passiflora edulis</i>	UFV

BAG: Banco Ativo de Germoplasma; UFV: Universidade Federal de Viçosa; UENF: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Os acessos foram caracterizados mediante 32 descritores morfoagronômicos, sendo atribuídos códigos sequenciais numéricos de acordo com o proposto pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (BRASIL, 2009). Utilizaram-se os seguintes descritores para avaliar os acessos:

- Descritores do limbo foliar: coloração do ramo (CRR), forma do limbo (FOR), divisão do limbo (DIV), comprimento do limbo (CL), largura máxima (LM), sínus do limbo (SI), profundidade dos sínus (PSI), bulado do limbo (BUL), pilosidade do limbo (PIL), comprimento pecíolo (CP) e posição das glândulas (PG);
- Descritores da flor: forma do hipanto (HIP), coloração predominante no perianto (CRP), período de antese (ANT), comprimento da bráctea (CB), comprimento da sépala (CS), largura da sépala (LS), comprimento da pétala (CPE), diâmetro da corona (DC), coloração predominante na corona (CRC), bandeamento nos filamentos mais longos da corona (BAN), número de anéis coloridos nos filamentos mais longos da corona (ANE) e filamentos mais longos da corona (FMLC);
- Descritores do fruto: forma do fruto (FF), diâmetro longitudinal do fruto (DL), diâmetro transversal do fruto (DT), coloração da casca (CRCAS), lenticelas (LENT), espessura da casca (ESC), coloração da polpa (CRPOL), teor de sólidos solúveis (TSS) e número de sementes com polinização natural (NSPN).

Nos descritores quantitativos de folha, flor e fruto, considerou-se a média de cinco amostras por planta de cada parcela.

Realizou-se a análise de dados multicategóricos, por meio da qual se obteve um índice em que são ponderados vários caracteres simultaneamente, e cada caráter pode apresentar várias classes. Foi gerada uma matriz de dissimilaridade com base no complemento do coeficiente de coincidência simples. O índice leva em conta a ocorrência e a concordância de valores. A distância entre os genótipos i e i' é dada pela fórmula $d_{ii'} = D/C + D$, em que C é a concordância de valores, e D , a discordância. Com base nas informações dessa matriz, os acessos foram agrupados pelo método hierárquico *unweighted pair-group method with arithmetic averages* (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher. As análises foram feitas utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com o propósito de estimar a diversidade genética entre os acessos de *Passiflora*, os dados morfoagronômicos, quantitativos e qualitativos foram submetidos à análise multicategórica, sendo possível verificar uma ampla variabilidade genética entre os acessos de *Passiflora* estudados.

Algumas das características analisadas podem agregar valores agronômicos e econômicos à cultura, como é o caso da coloração das pétalas e da corona, que influencia na escolha de espécies com potencial ornamental, bem como orientar programas de melhoramento em hibridação interespecífica desejáveis. O uso de passifloras como planta ornamental é citado desde o século XV (VANDERPLANK, 2000) e hoje tem se destacado em países da Europa e da América do Norte no mercado de mudas híbridas, porém o potencial é praticamente inexplorado no mercado brasileiro (PEIXOTO, 2005).

Outra característica que pode ser explorada em programas de melhoramento é o teor de sólidos solúveis totais, que, dependendo do propósito do programa, pode tornar os frutos mais ácidos ou mais adocicados. Nessa perspectiva, observa-se que os acessos 4 (*Passiflora eichleriana*), 5 (*P. alata*), 7 (*Passiflora mucronata*) e 11 (*Passiflora tenuifila*) apresentaram esse teor acima de 17° Brix.

De acordo com os valores da matriz de dissimilaridade, os acessos 10 e 3 (*Passiflora morifolia* e *Passiflora foetida*) foram os mais similares ($d_{ij} = 0,25$), enquanto os acessos 1 e 9 (*Passiflora quadrangularis* e *Passiflora suberosa*) foram os mais distantes ($d_{ij} = 0,88$). O fato de *P. quadrangularis* pertencer ao subgênero *Passiflora* e *P. suberosa* ao subgênero *Decaloba* explica a maior divergência entre esses acessos (FEUILLET & MACDOUGAL, 2007).

A análise de agrupamento pela técnica de otimização de Tocher (tabela 2), com base na matriz de dissimilaridade, revelou a formação de seis grupos.

Tabela 2 – Agrupamento dos 12 acessos de *Passiflora* estabelecidos pelo método de otimização de Tocher, com base na dissimilaridade genética entre 32 descritores morfoagronômicos.

Grupo	Acesso
I	<i>Passiflora quadrangularis</i> , <i>Passiflora nitida</i> e <i>Passiflora eichleriana</i>
II	<i>Passiflora foetida</i> e <i>Passiflora alata</i>
III	<i>Passiflora cincinnata</i> e <i>Passiflora micropetala</i>
IV	<i>Passiflora mucronata</i> e <i>Passiflora suberosa</i>
V	<i>Passiflora morifolia</i> e <i>Passiflora edulis</i>
VI	<i>Passiflora tenuifila</i>

O grupo I foi representado pelos acessos 1 (*P. quadrangularis*), 2 (*Passiflora nitida*) e 4 (*P. eichleriana*). Os dois primeiros pertencem ao subgênero *Passiflora*, e o último, ao subgênero *Decaloba*. Nesse grupo, todos os acessos apresentaram a largura do limbo foliar entre 8 e 15 cm e o comprimento da sépala entre 3 e 6 cm, além de mais de um anel colorido no filamento mais longo da corona.

Com relação aos acessos reunidos no grupo II (*P. foetida* e *P. alata*), eles possuíam um pecíolo com comprimento médio (2-4 cm), bráctea também com comprimento médio (2-4 cm), além de antese no período matutino e o filamento mais longo da corona liso.

Os acessos do grupo III (*Passiflora cincinnata* e *Passiflora micropetala*) tinham em semelhança a coloração roxa do ramo, o hipanto na forma campanulada, antese no período matutino, coloração da polpa do fruto esbranquiçada e diâmetro transversal e longitudinal do fruto menor que 5 cm.

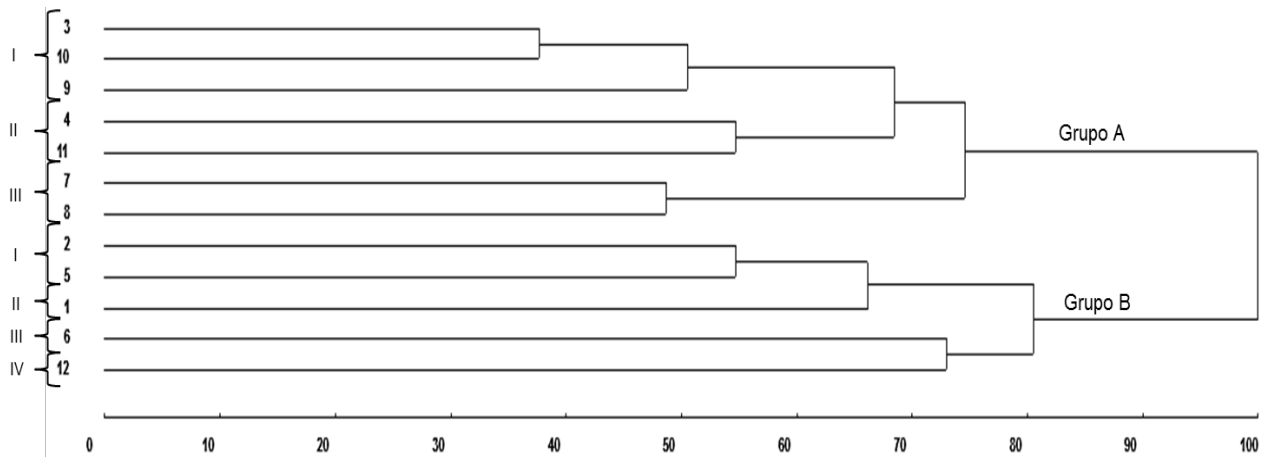
Para o grupo IV, os acessos foram homogêneos quanto ao comprimento do limbo foliar (< 8 cm), a posição das glândulas (nectários) ficou próxima ao meio do pecíolo, a largura da sépala foi menor que 3 cm, o diâmetro da corona era pequeno (< 5 cm), o diâmetro transversal e longitudinal do fruto menor que 5 cm e a espessura da casca era muita fina (< 0,3 cm).

O acesso mais divergente de todos os estudados por meio do método de otimização de Tocher foi de *P. tenuifila*, que foi alocado no grupo VI.

No que diz respeito à análise de Tocher com base em dados da semente, encontrou-se semelhança apenas entre os agrupamentos dos acessos 1 (*P. quadrangularis*) e 2 (*P. nitida*); e 6 (*P. cincinnata*) e 8 (*P. micropetala*), quando se comparou com o Tocher referente aos dados multicategóricos.

O valor do coeficiente de correlação cofenético foi de 0,81, considerado significativo, uma vez que, de acordo com Vaz Patto *et al.* (2004), $r > 0,70$ já reflete boa concordância entre a matriz de dissimilaridade e a de agrupamento.

Assim, o dendrograma resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA (figura 1), submetido a um corte de cerca de 85%, revelou a formação de dois grupos, A e B. O grupo A reuniu todos os acessos do subgênero *Decaloba* e mais dois acessos do subgênero *Passiflora*, contudo pode ser subdividido em três outros grupos: A.I, que reuniu os acessos *P. foetida* (3), *P. morifolia* (10) e *P. suberosa* (9); A.II, que reuniu *P. eichleriana* (4) e *P. tenuifila* (11); e A.III, que reuniu *P. mucronata* (7) e *P. micropetala* (8).



UPGMA: *unweighted pair-group method with arithmetic averages*.

Figura 1 – Dendrograma representativo da divergência genética entre 12 acessos de maracujazeiros obtido pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, com base em 32 variáveis multicategóricas. Coeficiente de correlação cofenética = 0,81. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres, 2013. Fonte: primária.

Diante do exposto, verifica-se que os acessos reunidos no grupo A apresentaram curto comprimento do limbo foliar, menor que 8 cm, e sua grande maioria revelou a forma do limbo partida. Com relação a características da flor, exibiram período de antese matutina, com exceção do acesso 4, que é vespertina, e a maioria manifestou comprimento e largura da sépala curtos, menor que 3 cm. Tratando-se de características dos frutos, eles apresentaram diâmetro longitudinal pequeno, menor que 5 cm, e a espessura da casca era fina.

O subgrupo A.I foi o que alocou os acessos com os menores valores para características quantitativas. No subgrupo A.II, os acessos já se assemelharam em características acerca da coloração do perianto (branca), da forma do hipanto (campanulada) e do número de sementes com polinização natural (entre 50 e 100 sementes). No que tange ao subgrupo A.III, os acessos 7 e 8 estão reunidos por terem apresentado sínus do limbo ausente, diâmetro da corona pequeno e coloração da corona branca.

Já o grupo B, formado exclusivamente por acessos do subgênero *Passiflora*, pôde ser subdividido em quatro grupos: B.I, com acessos 2 e 5 (*P. nitida* e *P. alata*), B.II, acesso 1 (*P. quadrangularis*); B.III, acesso 6 (*P. cincinnata*); e B.IV, acesso 12 (*P. edulis*). Esses acessos estão reunidos no grupo B por terem apresentado comprimento de limbo foliar médio, entre 8 e 15 cm, largura máxima do limbo média e larga, forma do hipanto campanulada (com exceção do acesso 1, que foi aplanada), comprimento da sépala médio entre 3 e 6 cm e número de sementes com polinização natural entre 100 e 400 sementes por fruto.

O subgrupo B.I agrupou os acessos 2 e 5 por terem exibido forma do limbo ovalada, bandeamento nos filamentos mais longos da corona presente e diâmetro do fruto entre 5 e 15 cm. Os subgrupos B.II, B.III e B.IV foram os mais divergentes, sendo agrupados separadamente.

Os acessos mais divergentes com base no método UPGMA foram o 3 (*P. foetida*) e o 12 (*P. edulis*), sendo estes pertencentes a subgêneros distintos.

Com base nesses resultados, observa-se que os descritores morfoagronômicos utilizados foram capazes de diferenciar os subgêneros *Decaloba* e *Passiflora*, bem como separar de forma clara as espécies mais próximas. Resultado semelhante foi obtido por Tangarife *et al.* (2009), ao realizarem a caracterização morfológica de 21 espécies do gênero *Passiflora*, incluindo três subgêneros. Os autores distinguiram os subgêneros de maneira semelhante à da classificação taxonômica, sendo as variáveis relacionadas à flor as que mais contribuíram para a separação das espécies.

O dendrograma gerado pelo método UPGMA, fundamentado em variáveis multicategóricas, demonstrou alta similaridade com a classificação botânica atualmente aceita para o gênero *Passiflora* (MACDOUGAL & FEUILLET, 2004).

Nesse sentido, alguns trabalhos comprovam a eficiência de variáveis multicategóricas na

discriminação de genótipos. Por exemplo, Sudré *et al.* (2006) avaliaram a divergência genética entre acessos de *Capsicum* spp. e verificaram a eficiência da utilização de variáveis multicategóricas na discriminação de genótipos, evidenciando o grande potencial de uso na caracterização e no manejo de bancos de germoplasma. Veiga *et al.* (2001), também trabalhando com variáveis multicategóricas, realizaram a caracterização morfológica de acessos de quatro espécies brasileiras de amendoim-silvestre, considerando descritores quantitativos e qualitativos, conseguindo distinguir as espécies. Martinello *et al.* (2001) usaram 27 caracteres morfoagronômicos, sendo 13 quantitativos e 14 qualitativos, para caracterização de 39 acessos do gênero *Abelmoschus*, e constataram que os descritores quantitativos foram determinantes na discriminação genotípica, enquanto os descritores qualitativos tiveram pouca influência, mas foram capazes de classificar corretamente as cinco espécies do gênero.

A caracterização morfoagronômica é uma etapa fundamental em programas de melhoramento de plantas, visto que permite estimar a variabilidade genética e indicar os melhores genótipos a serem utilizados (MARIM *et al.*, 2009). Esse conhecimento possibilita ao melhorista explorar a diversidade, transferindo alelos favoráveis encontrados em espécies silvestres, tais como resistência a doenças, autocompatibilidade, coloração exuberante das flores e teor de sólidos solúveis, por intermédio de cruzamento interespecífico. Nesse caso, importa ressaltar que, para que haja sucesso nos cruzamentos envolvendo espécies distintas, o melhorista deve buscar acessos que estejam mais próximos filogeneticamente da espécie a ser melhorada e, por conseguinte, compatíveis.

Assim, as informações obtidas no presente trabalho poderão auxiliar na escolha de genitores, em programas de melhoramento do maracujazeiro que utilizem a hibridação interespecífica.

CONCLUSÃO

Os descritores morfoagronômicos demonstraram grande potencial de uso na caracterização e no manejo de bancos de germoplasma de maracujazeiros. Os acessos mais divergentes com base no método UPGMA foram *P. foetida* e *P. edulis*, sendo ambos pertencentes a subgêneros distintos.

REFERÊNCIAS

- Azevedo, M. M. A. & Baumgratz, J. F. A. *Passiflora* L. subgênero *Decaloba* (DC.). chb. (*Passifloraceae*) na região Sudeste do Brasil. *Rodriguésia*. 2004; 55: 54-60.
doi: 10.1590/2175-78602004558502
- Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de *Passiflora*. Brasil: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento; 2009 [Acesso em: 10 jan. 2013]. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>
- Cruz, C. D. A. Programa genes: análise multivariada e simulação. Viçosa: UFV; 2006. 175 p.
- Cruz, C. D. A. & Carneiro, P.C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV; 2003. 585 p.
- Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V. & Braga, M. F. Germoplasma e melhoramento genético do maracujazeiro: desafios da pesquisa. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V. & Braga, M. F. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados; 2005. p. 187-210.
- Feuillet, C. & Macdougall, J. M. *Passifloraceae*. In: Kubitzki, K. The families and genera of vascular plants. Berlin: Springer; 2007. v. 1, p. 270-281.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE. Banco de dados agregados. Produção Agrícola Municipal. IBGE; 2009 [Acesso em: 8 dez. 2013]. Disponível em: http://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/20/aeb_2012.pdf/
- MacDougall, J. M. & Feuillet, C. Systematics. In: Ulmer, T. & MacDougal, M. *Passiflora*: passion flowers of the world.

Portland: Timber Press; 2004. p. 27-31.

Marim, B. G., Silva, D. J. H., Carneiro, P. C. S., Miranda, G. V., Mattedi, A. P. & Caliman, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 2009; 44(10): 1283-1290.

doi: 10.1590/S0100-204X2009001000011

Martinello, G. E., Leal, N. R., Júnior, A. T. A., Pereira, M. G. & Daher, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. *Horticultura Brasileira*. 2001; 20(1): 52-58.

doi: 10.1590/S0102-05362002000100010

Neves, S. M. A. S., Nunes, M. C. M. & Neves, R. J. Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT Brasil, no período de 1971 a 2009: subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. *Boletim Goiano Geográfico*. 2011; 31(2): 55-68.

doi: 10.5216/bgg.v31i2.16845

Peixoto, M. Problemas e perspectivas do maracujá ornamental. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T. V. & Braga, M. F. *Maracujá: germoplasma e melhoramento genético*. Planaltina: Embrapa Cerrados; 2005. p. 143-158.

Sudré, C. P., Cruz, C. D., Rodrigues, R., Riva, E. M., Amaral Junior, A. T., Silva, D. J. H. & Pereira, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Horticultura Brasileira*. 2006; 24(1): 88-93.

doi: 10.1590/S0102-05362006000100018

Tangarife, M. M., Caetano, C. M. & Tique, C. A. P. Caracterización morfológica de especies del género *Passiflora* de Colombia. *Acta Agronômica*. 2009; 58(3): 117-125.

Vanderplank, J. *Passion flowers*. Cambridge: MIT Press; 2000. 224 p.

Vaz Patto, M. C., Satovic, Z., Pêgo, S. & Fevereiro, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. *Euphytica*. 2004; 137: 63-72.

doi: 10.1023/B:EUPH.0000040503.48448.97

Veiga, R. F. A., Queiroz Voltan, R. B., Valls, J. F. M., Fávero, A. P. & Barbosa, W. Caracterização morfológica de acessos de germoplasma de quatro espécies brasileiras de amendoim silvestre. *Bragantia*. 2001; 60(3): 167-176.

doi: 10.1590/S0006-87052001000300003