

ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM CULTIVARES COMERCIAIS DE MARACUJAZEIRO AZEDO

Wagner Nunes Ribeiro, Jôsie Cloviane de Oliveira Freitas, Guilherme Alves dos Santos, Mariely Mariane Oliveira Rocha e Lucas Ferreira de Souza

O maracujá azedo (*Passiflora edulis*) tem sua origem na América do sul é amplamente cultivada em todo o território nacional e em alguns países no mundo. Embora seja uma espécie que possui uma ampla variabilidade genética, há relatos de que a base genética das cultivares desenvolvidas no Brasil é estreita. O objetivo do presente trabalho foi predizer a variabilidade genética existente entre dez cultivares comerciais de maracujazeiro. Para o estudo de diversidade genética foram utilizadas as cultivares: IAC 275, IAC 273, F200, F300, UENF Rio Dourado, BRS Rubi do Cerrado, BRS Sol do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, Redondo Amarelo e uma variedade de Livramento de Nossa Senhora – BA. Os descritores quantitativos avaliados foram: largura (LF) e diâmetro dos frutos (DF); peso do fruto (PF); peso de polpa (PP); espessura da casca (EC) e grau brix (°Bx). A matriz de dissimilaridade utilizada foi a de Mahalanobis, e as cultivares foram agrupados pelo método hierárquico UPGMA. As características que mais contribuíram para a divergência genética entre as cultivares foram o °Bx, DF, EC e PF, juntas foram responsáveis por 94,25% da divergência genética existente. As cultivares foram agrupadas em dois grupos. O primeiro grupo foi constituído apenas pela cultivar IAC 273. Já o segundo grupo foi constituído pelas demais cultivares, formando seis subgrupos: I subgrupo: BRS Sol do Cerrado e BRS Gigante Amarelo; o II subgrupo: foi constituído apenas pela variedade de Livramento de Nossa Senhora – BA; III Subgrupo: apenas pela FB300; IV subgrupo: foi constituído por BRS Rubi do Cerrado e Redondo Amarelo; V subgrupo: por IAC 275 e UENF Rio Dourado, e o VI subgrupo: por UENF Rio Dourado e FB 200. A maior distância genética foi verificada entre as cultivares IAC 273 e o acesso de Livramento de Nossa Senhora – BA. E a menor distância foi entre as cultivares FB200 e UENF Rio Dourado. Os resultados permitem inferir que pode existir algum grau de parentesco entre cultivares obtidas por distintos programas de melhoramento. A base genética entre as cultivares estudadas é estreita, entretanto existe variabilidade genética suficiente para ser explorada em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *P. edulis*, variabilidade, compatibilidade genética

REFERÊNCIAS:

ARAYA, S. et al. Microsatellite marker development by partial sequencing of the sour passion fruit genome (*Passiflora edulis* Sims). *BMC genomics*, v. 18, n. 1, p. 1-19, 2017.