



## SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA DE PITAIEIRAS

Fábio Ferreira Cruvinel<sup>1</sup>; Gustavo Cardoso de Oliveira Dias<sup>2</sup>; Luiz Aurélio Peres Martelleto<sup>3</sup> & Marco Antônio da Silva Vasconcellos<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Bolsista CNPq, Doutorando no PPG-Fitotecnia, IA/UFRRJ e-mail: [fcruvi@ufrj.br](mailto:fcruvi@ufrj.br);

<sup>2</sup>Engenheiro Agrônomo, UFRJ; <sup>3</sup>Professor do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ.

Área de Concentração: Produção Vegetal

### RESUMO

O consumo da pitaiia cresce em todo mundo, sobretudo, em razão do seu aspecto visual, sabor agradável e propriedades nutracéuticas. A maior procura por esta cactácea nos últimos anos tem refletido em aumento das áreas cultivo e, por conseguinte, exigindo maiores conhecimentos da planta e das técnicas de produção. A coleção de pitaiieiras da UFRRJ foi instalado em 2016 e carece de estudos sobre os descritores morfoagronômicos relevantes para sua caracterização e sobre a sua diversidade genética. A seleção de descritores e consequente descarte de variáveis com menor peso na caracterização de coleções genéticas tem como objetivos otimizar o trabalho com a coleção e diminuir custos. Os descritores selecionados são úteis para estimar a diversidade genética embasando trabalhos de melhoramento. Este estudo tem como objetivo selecionar os descritores morfoagronômicos mais importantes no estudo da diversidade genética da coleção de pitaiieiras da UFRRJ e estimar a diversidade genética nele existente. Foram estudados 25 acessos de pitaiieiras da coleção da UFRRJ, por meio de análise de componentes principais (ACP) e método de *Singh*. Utilizaram-se 54 descritores morfoagronômicos (qualitativos e quantitativos) propostos para a cultura pelo Ministério da Agricultura. Após a seleção, os descritores mantidos foram utilizados para obter a matriz de dissimilaridades de *Gower* (análises conjuntas var. qualitativas e quantitativas). Utilizou-se a técnica *Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA) para obter os agrupamentos genéticos. Todas as análises estatísticas foram executadas no programa 'R'. Foram selecionados oito caracteres dos cladódios (borda da costilha, cor, cerosidade, diâmetro, distância entre aréolas, diâmetro da aréola e altura da costilha); seis das flores (vermelho das brácteas, cor da pétala, cor principal da sépala, comprimento do perianto, pétala e antera); e, sete referentes aos frutos (cor da polpa e exocarpo, número de brácteas, espessura da exoderme, massa da polpa e de 1000 sementes e teor de sólido solúveis). Tendo como base a dissimilaridade de *Gower*, as análises pelo método de agrupamento UPGMA, apontaram seis grupos dissimilares. As dissimilaridades encontradas corroboraram com as origens dos materiais em apreço, sendo as menores distâncias encontradas entre acessos das mesmas espécies (*Hylocereus spp*), as intermediárias entre os híbridos interespecíficos (*H. undatus*, *H. monacanthus* e *H. setaceus*) e as maiores distâncias entre os híbridos obtidos de cruzamentos entre gêneros *Hylocereus* e *Epiphyllum*.

**Palavras-chave:** *Hylocereus spp*; caracterização; dissimilaridade; variabilidade.

**Agência Financiadora:** CNPq

Anais do II Workshop do PPG-Fitotecnia  
Ano: 2019 ISBN: 978-85-5722-350-9