



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA

Autorizada pelo Decreto Federal nº 77.496 de 27/04/76
Recredenciamento pelo Decreto nº 17.228 de 25/11/2016



PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
COORDENAÇÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

XXIX SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UEFS SEMANA NACIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA - 2025

Caracterização e seleção de progênes de meios-irmãos em *Physalis ixocarpa* Brot., variedade verde, visando introdução ao programa de melhoramento genético

Lucas Farias Almeida dos Santos¹; Adriana Rodrigues Passos²

1. Lucas Farias Almeida dos Santos, PIBIC/CNPq, AGRONOMIA, e-mail: lucasfariasalmeidadossantos@gmail.com

2. Adriana Rodrigues Passos, DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS, e-mail: arpassos@uefs.br

PALAVRAS-CHAVE: Tomate de cáscara; Divergência genética; Parâmetros genéticos; Variedade verde;

INTRODUÇÃO

A *Physalis ixocarpa* Brot. ou popularmente conhecida como “tomate de cáscara” ou “tomatillo” (*Physalis ixocarpa* Brot.), é uma planta herbácea, espécie botânica nativa do México, pertencente à família Solanaceae que ocupa o quinto lugar das hortaliças mais produzidas no país (Chavira *et al.*, 2019). Possui grande potencial econômico nos países do México e na América do Sul, tendo como maior produtor mundial a Colômbia (Lima, 2009). No Brasil, essa espécie encontra-se, principalmente, nas regiões Norte e Nordeste como uma fruteira exótica por ainda não ter sido realizados estudos suficientes para a exploração racional da mesma (Rufato *et al.*, 2019).

Uma das premissas básicas para desenvolver trabalhos de melhoramento é a presença de variabilidade genética na população. Um dos métodos para reconhecer a diversidade genética em uma população é realizado através de estudos de divergência genética (Cruz e Carneiro, 2003). Diversos métodos multivariados podem ser utilizados na predição da diversidade genética. A escolha do método mais adequado baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, bem como na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos (Bezerra Neto *et al.*, 2010). Diversas pesquisas têm sido desenvolvidas utilizando os métodos de análises multivariados, para estudos de divergência genética, com várias culturas, obtendo resultados significativos, como o morangueiro (Morales *et al.*, 2011), berinjela (Aramendiz-Tati *et al.*, 2011) e mandioca (Oliveira, 2011).

Os programas de melhoramento têm por finalidade identificar genótipos superiores visando o aprimoramento de caracteres importantes, sobretudo os de produção, no intuito de obter ganhos genéticos, entretanto a melhoria de uma característica nem sempre resulta no melhoramento das demais e muitas vezes pode influenciar negativamente. Assim, torna-se importante entender sobre a relação entre os caracteres e a forma como eles variam em conjunto. Esta associação entre dois ou mais caracteres especifica o que se denomina de correlação e isso ocorre quando esses caracteres não são independentes (Ferreira *et al.*, 2003). A correlação é utilizada para medir a intensidade de associação entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser apresentada de forma positiva ou negativa, à medida que ocorre aumento das duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo da outra, respectivamente (Steel e Torrie, 1980).

Trabalhos de melhoramento já vem sendo desenvolvidos pela Universidade Estadual de Feira de Santana-BA, onde estão depositadas progênes de meio-irmãos das

espécies *P. philadelphica*, *P. ixocarpa*, variedade verde e roxa, e materiais oriundos de coletas de *P. angulata*. Os acessos armazenados nestes bancos estão sendo utilizados em pesquisas com o objetivo de explorar o seu potencial alimentício, medicinal, germinativo e resistência a condições adversas do clima e solo. Estudos de pré-melhoramento, com o intuito de conhecer o comportamento reprodutivo dessas espécies e o nível de diversidade genética apresentado entre os acessos, visando a utilização destes em futuros trabalhos de melhoramento, têm sido realizados. Aliados a esses trabalhos, o programa de melhoramento genético tem avançado, e encontra-se em fase de desenvolvimento de populações fixas e segregantes com o intuito de obter progênies promissoras, visando incrementos em substâncias de interesse farmacológico, maior produção e qualidade.

MATERIAL E MÉTODOS OU METODOLOGIA (ou equivalente)

O experimento foi realizado no Horto Florestal, pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), localizada no município de Feira de Santana, no Estado da Bahia, 12° 16 ' 00 ' 'S, 38° 58 ' 00 ' 'W, 234 m de altitude e clima Aw de acordo com a classificação de Koppen.

No período de setembro a dezembro de 2024, foi realizada a semeadura de quatro espécies de *Physalis*, sendo elas espécies *P. angulata*, *P. peruviana*, *P. ixocarpa* e *P. philadelphia*. Após a germinação e emergência, cerca de 21 dias, ocorreu o transplântio das mudas que sobreviveram para vasos com capacidade de 10L, contendo solo e substrato vegetal na proporção de 3:1. No momento do transplântio foi realizada a adubação nitrogenada, fosfatada e potássica, com base em recomendação estabelecida para *Physalis peruviana* (ANGULO, 2000).

Ao perceber que a maioria das plantas que sobreviveram eram de *P. ixocarpa*, o experimento foi conduzido apenas com esta espécie. A irrigação foi realizada de forma manual, a manutenção da área consistiu de revisões periódicas para o controle efetivo de ervas daninhas, pragas e doenças

Foram avaliados nove descritores: cor de cálice imaturo (CCI), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = verde sem antocianina; 2 = verde com antocianina leve; 3 = verde com antocianina forte; comprimento da lâmina foliar (CLF), em cm usando paquímetro digital, medindo o eixo longitudinal de cinco folhas ao acaso por planta; eixo longitudinal do fruto (ELF), em mm usando paquímetro digital, medindo a parte central do fruto; eixo transversal do fruto (ETF), em mm usando paquímetro digital, medindo da base ao ápice do fruto; forma do cálice (FC), associando as notas de 1 a 3, sendo: 1 = alongado; 2 = levemente achatado; 3 = achatado; forma do fruto (FF), associando as notas de 1 a 4, sendo: 1 = redondo; 2 = ligeiramente achatado; 3 = achatado; 4 = em forma de coração; longitude do entrenó (LE), em cm usando fita métrica, medindo a longitude de três entrenós e dividida por três; largura da lâmina foliar (LLF), em cm usando paquímetro digital, medindo o eixo transversal de cinco folhas ao acaso por planta; número de frutos por planta (NFP), fazendo uma contagem da quantidade total de frutos por planta.

Os dados foram submetidos a análise de variância, a fim de se verificar a existência de variabilidade genética entre as progênies. Foram estimadas as médias dos tratamentos pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade de erro. Realizou-se a análise de dissimilaridade genética entre os acessos, pelo método de agrupamento UPGMA. Os dados foram analisados utilizando o programa Genes (Cruz, 2016).

RESULTADOS E/OU DISCUSSÃO (ou Análise e discussão dos resultados)

Dos nove descritores avaliados, apenas o eixo longitudinal (ELF) e transversal do fruto (ETF) apresentaram diferença significativa para o teste F. Em relação ao coeficiente de variação (CV%), observou-se que o NPF apresentou maior variabilidade (97,26%), LE, CCI, FC, FF, CLF, LLF, com variação de entre 20 a 42%, consideradas então como uma variação média a alta, e por fim ETF (11,97%) e ELF (7,76%) consideradas com valor baixo para CV (%). O CV expressa variação e precisão dos resultados.

Com relação ao teste de Skott-Knott, como esperado, todos os descritores que não apresentaram resultados significativos pelo teste F, também não demonstraram divergência entre as médias. Para o descritor ELF houve a formação de três grupos: o primeiro com as progênes PIV01, PIV05 e PIV06; o segundo com PIV02 e PIV03; o terceiro formado apenas pela progênie PIV04 (Tabela 01).

Já para o descritor ETF foi possível observar a formação de apenas dois grupos: o primeiro com as progênes PIV01, PIV05 e PIV06; o segundo com as progênes PIV02, PIV03 e PIV04. A seleção das progênes que apresentaram as maiores médias para os descritores ELF e ETF, é de interesse do programa de melhoramento genético.

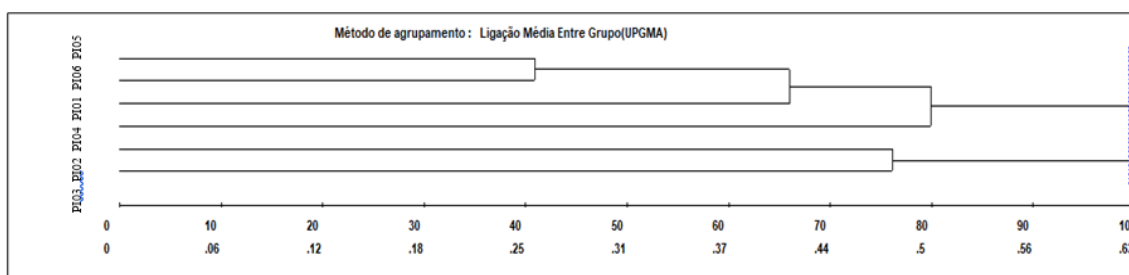
Tabela 01. Médias aritméticas das seis progênes de *Physalis ixocarpa*.

Genótipos	Descritores	
	ELF	ETF
PIV01	27.97a	32.3a
PIV02	24.60b	27.63b
PIV03	24.40b	24.40b
PIV04	20.67c	28.30b
PIV05	29.37a	33.43a
PIV06	29.10a	33.83a

ELF: eixo longitudinal do fruto, ETF: eixo transversal do fruto. Médias que tem a mesma letra na coluna são do mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

O método da Ligação Média Entre Grupo (UPGMA) possibilitou a visualização de dois grandes grupos, já que a finalidade deste teste é unir em grupos as médias mais homogêneas (Figura 01). O que foi observado no teste de Skott-Knott foi confirmado neste método também, ou seja, a formação de dois grupos, sendo que a progênie PIV 04 foi agrupado juntamente com o PIV01, PIV05 e PIV06.

Figura 01: Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis progênes de *Physalis ixocarpa*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA.



Legenda: A= PIV01; B= PIV02; C=PIV03; D=PIV04; E= PIV05; F=PIV06

No trabalho sobre a "avaliação e seleção em progênes de meios-irmãos de *Physalis ixocarpa* Brot. com o objetivo de aumentar a produtividade" de Orellana *et al.*

2021, também foi possível perceber resultados semelhantes, nos quais os genótipos estudados também foram agrupados pelo método UPGMA. Esse resultado indicou maior similaridade dentro do grupo, o que implica que seu possível cruzamento reduz a possibilidade de obtenção de genótipos superiores e, portanto, cruzamentos entre progênies de grupos diferentes favorecem a seleção.

CONSIDERAÇÕES FINAIS (ou Conclusão)

Os testes Skott-Nott e UPGMA confirmaram a formação de dois grupos: o primeiro com as progênies PIV01, PIV05 e PIV06; o segundo com as progênies PIV02, PIV03 e PIV04. A seleção de progênies que apresentam as maiores médias para os descritores ELF e ETF, é de interesse do programa de melhoramento genético das espécies do gênero *Physalis*.

REFERÊNCIAS

- ARAMENDIZ-TATIS, H.; SUDRÉ C. P.; GONÇALVES L. S. A.; RODRIGUES R. Potencial agrônomo e divergência genética entre genótipos de berinjela nas condições do Caribe Colombiano. **Horticultura Brasileira**, v. 29, p. 174-180, 2011.
- BEZERRA NETO, F. V. B. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 02, p. 294-299, 2010.
- CHAVIRA, M. M. G.; MALDONADO, S. H. G.; HERNÁNDEZ, J. L. P.; REYES, S. V.; PÉREZ, E. G. 2019. Caracterización genética, química y agronómica de líneas avanzadas de tomate de cáscara. **Agronomía Mesoamericana**, v.30, p.1-5.
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiae** 38: 547-552, 2016.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFVp. 585, 2003.
- FERREIRA, M. A. J. F. et al. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira** V.21, p. 438-441, 2003.
- LIMA, C. S.; SEVERO, J.; MANICA-BERTO, R.; SILVA, J.A.; RUFATO, L.; RUFATO, A. de R. Características físico-químicas de *Physalis* em diferentes colorações do cálice e sistemas de condução. *Revista Brasileira Fruticultura*. Jaboticabal, v. 31, n. 4, p. 1060-1068, 2009.
- MORALES, R. G. F. et al. Divergência genética em cultivares de morangueiro, baseada em caracteres morfoagronômicos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n.3, p. 323-329, 2011.
- OLIVEIRA, N. T. et al. Caracterização e identificação de clones de mandioca produzidos em Roraima para consumo in natura. **Revista Agro@ mbiente On-line**, v.5, p.188-193, 2011.
- RUFATO, A. R.; RUFATO, L.; LIMA, C. S. M.; MUNIZ, J. A CULTURA DA PHYSALIS. Disponível em:<<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/995307/1/RUFATOCulturaPhysalis.pdf>>. Acesso em: 31 de março de 2022
- STEEL, R. G. D; TORRIE, J. H. **Principles and Procedures of Statistics**. 2nd ed. New York: McGraw-Hill, 1980.