



**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO  
CARLOS ALBERTO REYES MALDONADO - UNEMAT  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E  
MELHORAMENTO DE PLANTAS**



LIVIA DE MOURA PIO

**Caracterização genético-molecular em acessos de abacaxizeiro: uma  
abordagem via marcadores de DNA**

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO - BRASIL  
2025



**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO  
CARLOS ALBERTO REYES MALDONADO - UNEMAT  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E  
MELHORAMENTO DE PLANTAS**



LIVIA DE MOURA PIO

**Caracterização genético-molecular em acessos de abacaxizeiro: uma  
abordagem via marcadores de DNA**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Vegetal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador  
Prof. Dr. Willian Krause

TANGARÁ DA SERRA  
MATO GROSSO - BRASIL  
2025

Ficha catalográfica elaborada pela Supervisão de Bibliotecas da UNEMAT Catalogação de  
Publicação na Fonte. UNEMAT - Unidade padrão

P662c Pio, Livia de Moura.

Caracterização genético-molecular em acessos de  
abacaxizeiro: uma abordagem via marcadores de DNA / Livia de  
Moura Pio. - Cáceres, 2025.

51f.: il.

Universidade do Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto  
Reyes Maldonado", Genética e Melhoramento de Plantas/CAC-PGMP  
- Alta Floresta - Mestrado Academico, Campus Universitário De  
Cáceres "Jane Vanini".

Orientador: Willian Krause.

Coorientador: Dayane Castro Silva.

Coorientador: Eileen Azevedo Santos.

1. Ananas comosus var. comosus. 2. marcadores moleculares.  
3. melhoramento genético. 4. diversidade genética. I. Krause,  
Willian. II. Silva, Dayane Castro. III. Santos, Eileen  
Azevedo. IV. Título.

**Caracterização genético-molecular em acessos de abacaxizeiro: uma abordagem via marcadores de DNA**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Vegetal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador  
Prof. Dr. Willian Krause

Aprovada em 10 de julho de 2025.

Comissão examinadora:

---

Dr. DAYANE CASTRO SILVA, UFMT  
Examinadora Externa à Instituição

---

Dr. MARCELO VIVAS, UENF  
Examinador Externa à Instituição

---

Dr. EILEEN AZEVEDO SANTOS, UNEMAT  
Examinadora Interna

---

WILLIAN KRAUSE, UNEMAT  
Presidente

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus a presença constante em cada passo da minha jornada, as conquistas alcançadas, a força e a saúde que me permitiram seguir em frente e lutar pelos meus objetivos.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP), agradeço a oportunidade de realizar este curso e contribuir para minha formação acadêmica e profissional.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Agradeço ao Prof. Dr. Willian Krause a orientação dedicada, apoio constante, confiança depositada em mim e o acolhimento no Laboratório de Biologia Molecular de Plantas e Fitopatógenos. Seus ensinamentos foram fundamentais para minha formação acadêmica.

À Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Eileen Azevedo Santos, por me acolher com generosidade e empatia, acreditar em meu potencial e contribuir significativamente para meu aprendizado, o meu muito obrigada. Sua paciência, atenção e incentivo foram essenciais em minha trajetória.

Meus agradecimentos também à Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Dayane Castro Silva, que me apoiou desde os primeiros dias em que cheguei à cidade. Sou-lhe imensamente grata por sua companhia em todas as etapas do meu percurso, tanto no âmbito acadêmico quanto pessoal, especialmente na minha adaptação à nova vida. Sou imensamente grata por tê-la em toda essa trajetória.

Aos meus pais, Luiza Neta de Moura e Neildo Pio Feitosa, que são meus pilares e maiores incentivadores, agradeço todos os sacrifícios, o amor incondicional, a segurança e o suporte inabalável. Mesmo diante das maiores dificuldades, sendo a distância a maior delas, eles sempre foram minha maior inspiração.

A toda a minha família, pelo apoio constante, palavras de encorajamento e torcida em cada etapa dessa caminhada, a minha imensa gratidão. Em especial, aos meus avós paternos, Salomão da Costa Feitosa e Francisca Pio da Costa Feitosa, cujo carinho e apoio foram fundamentais. Igualmente grata ao meu amado irmão, Rony de Moura Pio, que amo incondicionalmente e cuja presença alegre e inocente me deu forças nos momentos difíceis. A cada um desses, meu sincero obrigada.

Sinto-me agradecida também a todos os colegas do Laboratório de Biologia Molecular de Plantas e Fitopatógenos, sem exceção, pela amizade, colaboração e pelo ambiente acolhedor durante os dias intensos de análises e estudos. Em especial, às doutorandas Rayla Nemis de Souza, pelas conversas e risadas, e Daniele Birck Moreira, pelos momentos de descontração,

passeios e desabafos. Sempre estiveram dispostas a ajudar, e foram essenciais para tornar o processo mais leve.

Cito ainda todos os professores do curso, com os quais tive o privilégio de aprender. Cada um contribuiu de maneira única para minha formação, não apenas com conhecimento técnico, mas também com sensibilidade e compromisso com o ensino. Todos foram fundamentais na construção da minha trajetória profissional.

E, por fim, a todos que, de alguma forma, fizeram parte desta conquista, minha mais profunda gratidão.

Muito obrigada!

## **BIOGRAFIA**

Livia de Moura Pio, nasceu dia 21 de fevereiro de 2003, em Picos – PI, Brasil. Filha de Luiza Neta de Moura e Neildo Pio Feitosa. Concluiu o Ensino Médio na Unidade Escolar Álvaro Rodrigues de Araujo, município de Itainópolis – PI, no ano de 2019. No Primeiro semestre de 2020, iniciou o curso de graduação em Licenciatura em Educação do Campo / Ciências da Natureza, pela Universidade Federal do Piauí – UFPI, campus Senador Helvídio Nunes de Barros - CSHNB, Picos – PI, concluindo em janeiro de 2024. Logo em seguida, em fevereiro do mesmo ano, iniciou o curso de pós-graduação *stricto sensu* em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado - UNEMAT, Campus Professor Eugenio Carlos Stieler, Tangará da Serra – MT, concluindo em julho de 2025.

## Sumário

|                                                                                                               |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>RESUMO GERAL</b> .....                                                                                     | 6  |
| <b>ABSTRACT</b> .....                                                                                         | 8  |
| <b>1. INTRODUÇÃO</b> .....                                                                                    | 10 |
| <b>2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....                                                                         | 12 |
| <b>2.1 Importância econômica do abacaxizeiro</b> .....                                                        | 12 |
| <b>2.2 Origem e domesticação</b> .....                                                                        | 13 |
| <b>2.3 Melhoramento genético do abacaxizeiro no mundo e no Brasil</b> .....                                   | 14 |
| <b>2.4 Marcadores moleculares aplicados a estudo de variabilidade genética e estrutura populacional</b> ..... | 16 |
| <b>3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....                                                                            | 18 |
| <b><i>I. Materiais utilizados</i></b> .....                                                                   | 18 |
| <b><i>II. Extração do DNA genômico e reação em cadeia da polimerase (PCR)</i></b> .....                       | 20 |
| <b><i>III. Análises estatísticas</i></b> .....                                                                | 23 |
| <b><i>IV. Análise da estrutura genética da população</i></b> .....                                            | 25 |
| <b>4. RESULTADOS</b> .....                                                                                    | 27 |
| <b><i>I. Parâmetros de diversidade via SSR</i></b> .....                                                      | 27 |
| <b><i>II. Estimativas de dissimilaridade genética</i></b> .....                                               | 30 |
| <b><i>III. Análise de Estrutura</i></b> .....                                                                 | 31 |
| <b><i>IV. Estimativa de parentesco</i></b> .....                                                              | 33 |
| <b>5. DISCUSSÃO</b> .....                                                                                     | 34 |
| <b>6. CONCLUSÃO</b> .....                                                                                     | 39 |
| <b>7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....                                                                    | 40 |

## RESUMO GERAL

PIO, Livia de Moura; M. Sc; Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, junho de 2025; **Caracterização genético-molecular em acessos de abacaxizeiro: uma abordagem via marcadores de DNA**; Professor orientador: Willian Krause; Coorientador(a): Dayane Castro Silva e Eileen Azevedo Santos.

O abacaxi (*Ananas comosus* var. *comosus*) é uma das frutas tropicais mais valorizadas comercialmente, com o Brasil se destacando como um dos principais produtores mundiais. Apesar de sua importância econômica, os cultivos enfrentam desafios devido às limitações na identificação e caracterização precisa dos materiais. Essa carência de informações compromete o desenvolvimento ágil e eficiente de novas cultivares. Dessa forma, esse estudo teve como objetivo realizar uma caracterização genético-molecular em acessos de abacaxizeiro da coleção de germoplasma da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), campus de Tangará da Serra – MT, utilizando marcadores de Repetição de Sequência Simples (SSR) para monitorar a variabilidade genética, estrutura populacional e relações de parentesco. Foram utilizados 18 acessos incluindo cultivares comerciais e híbridos derivados de cruzamentos controlados, visando identificar materiais divergentes para o programa de melhoramento genético. Foram coletadas folhas jovens dos acessos para a extração do DNA genômico, utilizando-se o protocolo padrão de extração proposto por Doyle e Doyle, com modificações. As concentrações e a integridade do DNA foram verificadas por fluorímetro e eletroforese em gel de agarose a 1%. Inicialmente 210 iniciadores SSR descritos para *Ananas comosus* foram testados em gradiente térmico e 50 pares de primers informativos foram selecionados para as análises. Os perfis de bandas foram convertidos em matriz numérica para cada alelo por loco e empregados em análises de diversidade, estrutura populacional e relações de parentesco. A análise revelou um total de 100 alelos, com uma média de 2,00 alelos por locus. A heterozigosidade observada (média de 0,495) foi consistentemente superior à esperada (média de 0,367) em 44 dos 50 loci (88%). Este excesso de heterozigotos é validado pelo índice de fixação (média de -0,28), que apresentou valores predominantemente negativos (90% dos loci). Tais resultados são consistentes com a biologia reprodutiva do abacaxi. O índice de informação (média de 0,541) e o conteúdo de informação polimórfica (PIC, média de 0,34) confirmaram a informatividade dos marcadores. A maioria dos loci (70%) foram classificados como altamente informativos com base no índice de informação, enquanto o PIC classificou os SSRs como razoavelmente informativos. A análise de agrupamento Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Mean (UPGMA), validada por uma correlação cofenética de 0,74 e valores de bootstrap acima de 70, dividiu os acessos em três grupos, com destaque para a cultivar Cabeça de Onça como a

mais divergente. A análise bayesiana identificou dois grupos genéticos ( $K=2$ ), porém com elevada mistura alélica, refletindo a ausência de estrutura populacional e evidenciando uma base genética estreita entre os acessos avaliados. A análise de parentesco revelou que 64,71% dos pares apresentaram relação de meios-irmãos. Apenas 13,07% dos pares não apresentaram parentesco significativo. Esses resultados apontam a necessidade de introduzir novos materiais genéticos para ampliar a variabilidade no programa de melhoramento. Conclui-se que os marcadores SSR foram eficientes para caracterizar a diversidade genética dos acessos, destacando a cultivar Cabeça de Onça como a mais divergente. Este estudo fornece, portanto, dados essenciais para o manejo eficiente do germoplasma e para o direcionamento estratégico no programa de melhoramento genético do abacaxi na UNEMAT.

**Palavras-chaves:** *Ananas comosus* var. *comosus*; marcadores moleculares; melhoramento genético; diversidade genética.

## ABSTRACT

PIO, Livia de Moura; M. Sc; Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, June 2025; **Genetic and molecular characterization of pineapple accessions using DNA markers**; Supervisor: Willian Krause; Co-supervisor: Dayane Castro Silva and Eileen Azevedo Santos.

Pineapple (*Ananas comosus* var. *comosus*) is among the most commercially valuable tropical fruits, with Brazil standing out as one of the world's leading producers. Despite its economic importance, crops face challenges due to limitations in the accurate identification and characterization of materials. This lack of information compromises the timely and efficient development of new cultivars. Therefore, this study aimed to perform a genetic and molecular characterization of pineapple accessions from the germplasm collection of the Mato Grosso State University (UNEMAT), Tangará da Serra campus, using Simple Sequence Repeat (SSR) markers to monitor genetic variability, population structure, and kinship. Eighteen accessions, including commercial cultivars and hybrids derived from controlled crosses, were analyzed to identify divergent materials for the breeding program. Young leaves were collected for genomic DNA extraction using the standard protocol proposed by Doyle and Doyle, with modifications. DNA concentrations and integrity were verified by fluorimetry and 1% agarose gel electrophoresis. Initially, 210 SSR primers described for *Ananas comosus* were tested under a thermal gradient, and 50 informative primer pairs were selected for analysis. Band profiles were converted into a numerical matrix for each allele per locus and used in diversity, population structure, and kinship analyses. The analysis revealed a total of 100 alleles, with an average of 2.00 alleles per locus. The observed heterozygosity (mean 0.495) was consistently higher than the expected (mean 0.367) at 44 of the 50 loci (88%). This excess of heterozygotes was validated by the fixation index (mean -0.28), which showed predominantly negative values (90% of loci), consistent with the reproductive biology of pineapple. The information index (mean 0.541) and polymorphic information content (PIC, mean 0.34) confirmed the informativeness of the markers. Most loci (70%) were classified as highly informative based on the information index, while the PIC classified the SSRs as reasonably informative. The Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) cluster analysis, validated by a cophenetic correlation of 0.74 and bootstrap values greater than 70, divided the accessions into three groups, with the cultivar Cabeça de Onça standing out as the most divergent. Bayesian analysis identified two genetic groups (K=2), but with high allelic admixture, reflecting the absence of population structure and evidencing a narrow genetic base among the evaluated accessions. Kinship analysis revealed that 64.71% of the pairs were half-sibs, while only

13.07% showed no significant kinship. These results highlight the need to introduce new genetic material to increase variability in the breeding program. In conclusion, SSR markers proved effective in characterizing the genetic diversity of the accessions, with Cabeça de Onça being the most divergent cultivar. This study therefore provides essential data for efficient germplasm management and strategic direction in UNEMAT's pineapple breeding program.

**Keywords:** *Ananas comosus* var. *comosus*; molecular markers; genetic improvement; genetic diversity.

## 1. INTRODUÇÃO

O abacaxi (*Ananas comosus* var. *comosus* (L.) Merrill) é uma das frutas tropicais de grande importância econômica global, devido ao seu valor comercial e elevado volume de produção. Com base nas quantidades de produção, o cultivo do abacaxizeiro destaca-se ocupando a décima posição no ranking mundial de frutas. No Brasil a cultura apresenta grande representatividade, sendo o quarto maior produtor e o abacaxi, a quinta fruta tropical mais cultivada (FAO, 2023). Essa produção impulsiona tanto a comercialização nos mercados nacionais como internacionais, contribuindo para estimativas recentes, que indicam um crescimento de 1,9% ao ano, almejando alcançar 31 milhões de toneladas em 2028 (Fávero *et al.*, 2024).

Essa relevância econômica impulsiona constantes esforços no melhoramento genético do abacaxizeiro, promovendo avanços significativos em relação à produtividade, qualidade dos frutos, resistência e tolerância a doenças e pragas que afetam a cultura, já que são as características mais desejadas em uma cultivar de abacaxi (Brito *et al.*, 2008; Ogata *et al.*, 2016). No entanto, o potencial produtivo da cultura ainda é limitado, devido à existência de lacunas na identificação de acessos e na caracterização precisa dos materiais, sendo algo que compromete o desenvolvimento de novas cultivares de maneira mais rápida e eficiente.

Em culturas perenes como o abacaxizeiro, a multiplicação é realizada por propagação vegetativa, utilizando estruturas como coroas, mudas, rebentos ou por meio da cultura *in vitro*. Esse método favorece a propagação, facilitando a disseminação da cultura entre diferentes regiões geográficas. Contudo, a troca frequente de materiais entre produtores e pesquisadores tem contribuído para divergências nos sistemas de nomenclatura. Como consequência, muitos acessos apresentam registros imprecisos e informações limitadas quanto à sua real identidade, dificultando seu aproveitamento nos programas de melhoramento genético do abacaxi (Zhou *et al.*, 2015).

Tradicionalmente, a caracterização de acessos em abacaxizeiro tem se apoiado em marcadores morfológicos, geralmente baseados em características como a presença ou ausência de espinhos nas folhas, cor de polpa, formato do fruto e resistência a doenças, sendo aplicados inclusive em análises de diversidade (Silva *et al.*, 2025). Embora marcadores morfológicos sejam frequentemente usados na seleção de plantas, sua eficácia pode ser limitada devido à influência de fatores ambientais, além de efeitos epistáticos e pleiotrópicos, comprometendo a precisão das análises realizadas (Duval *et al.*, 1997; Ismail *et al.*, 2020).

O desenvolvimento de técnicas de biologia molecular, no entanto, proporcionou avanços na seleção de plantas superiores, permitindo o uso de marcadores moleculares que identifiquem polimorfismos diretamente em nível de DNA (Kumar *et al.*, 2009). Até o momento, diversos marcadores de DNA foram aplicados para avaliar a diversidade genética e a relação entre acessos de abacaxi (Paz *et al.*, 2012; Lin *et al.*, 2015; Hayati; kasiamdari, 2024). Entre eles, os marcadores SSR se destacam por sua natureza codominante e alta abundância no genoma, sendo ideais para técnicas de alto rendimento. Além disso, apresentam elevado polimorfismo devido à sua natureza multialélica (Kalia *et al.*, 2011; Shoda *et al.*, 2012).

Nesse contexto, estudos de caracterização molecular torna-se estratégicos nos programas de melhoramento genético, pois quantificam a variabilidade genética, detectam duplicatas e evitam redundâncias, contribuindo para o uso eficiente dos recursos genéticos. Quando combinados à análise de estrutura populacional que revela os padrões de distribuição alélica e grau de diferenciação entre acessos, esses estudos orientam uma escolha mais eficiente de genótipos geneticamente divergentes para cruzamentos (Hamrick, 1982; Bezerra *et al.*, 2020).

Considerando que parte dos acessos analisados neste estudo é derivado de cruzamentos entre indivíduos pertencentes à própria população em avaliação, levantam-se questões fundamentais sobre o nível de variabilidade genética existente, a estrutura genética atual desses materiais, assim como as possíveis relações de parentesco ainda não documentadas entre os acessos. Dessa forma, este trabalho propõe como hipóteses: (i) que os acessos avaliados apresentam baixa variabilidade genética, reflexo de uma base genética estreita, e (ii) que existe um elevado grau de parentesco entre parte significativa dos indivíduos analisados.

Este é o primeiro estudo a caracterizar molecularmente o germoplasma de abacaxi mantido pela Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), representando uma melhor compreensão da base genética desse acervo, o que possibilitará fornecer subsídios técnicos para a tomada de decisões mais eficazes no direcionamento de cruzamentos.

O estudo teve como objetivos: (i) estimação de parâmetros de diversidade genética; (ii) análise da estruturação genética entre os acessos e (iii) investigação acerca das relações de parentesco entre os materiais. Espera-se, com isso, potencializar o desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às condições locais, ampliar a base genética cultivada, assim como promover o uso mais racional e estratégico dos recursos genéticos disponíveis no programa de melhoramento genético da instituição.

## 2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Importância econômica do abacaxizeiro

A fruticultura tem apresentado crescimento significativo nas últimas décadas. Entre os anos de 2010 e 2023, a produção mundial de frutas registrou um crescimento de 30%, com um volume total de 952 milhões de toneladas no último ano. Nesse cenário, o Brasil se destaca como o terceiro maior produtor mundial, com uma produção anual de 40 milhões de toneladas, ficando atrás apenas da China, que lidera esse setor cultivando uma grande variedade de frutas como melão, pera, melancia, maçã e citros, e em seguida, a Índia, com ênfase na produção de laranja, banana e manga (FAO, 2024).

Dentre as principais frutas que contribuem no volume total da produção mundial e brasileira, está o abacaxi. Amplamente cultivado, sua produção foi estimada em aproximadamente 29,96 milhões de toneladas em 2023, com Indonésia, Filipinas, Costa Rica e Brasil como os maiores produtores (FAO, 2024). No Brasil, a cultura se destacou com uma produção total de 2,3 milhões de toneladas em mais de 63 mil ha distribuídos nas cinco regiões do território nacional. O rendimento médio da produção alcançou 24.891 frutos por hectare, sendo os estados do Pará, Paraíba e Minas Gerais os principais produtores (IBGE, 2023).

Além do consumo interno, o Brasil exporta uma parte significativa da sua produção de abacaxi, sendo a cultivar *Smooth Cayenne*, que possui polpa amarela, a preferida para a indústria e exportação. Isso se deve ao fato de que no mercado internacional, ainda há preferência por abacaxis de polpa amarela, o que coloca a *Smooth Cayenne* em destaque nesse cenário, já que durante muitos anos o mercado internacional foi dominado pelo abacaxi em conserva feito com essa cultivar (Coppens d'Eeckenbrugge *et al.*, 2011).

Entre as principais cultivares plantadas no mundo, MD-2, Pérola, Queen, Singapore Canning, Española Roja, Perolera e a própria *Smooth Cayenne*, ainda representam boa parte da produção mundial (Sanewski *et al.*, 2018). Cada tipo de abacaxi tem suas particularidades, mas sua estrutura padrão morfológica é formada por: casca, polpa, coroa, eixo central e folhas, representada na Figura 1. Essas características influenciam tanto o uso comercial quanto a preferência do consumidor em diferentes regiões do mundo.

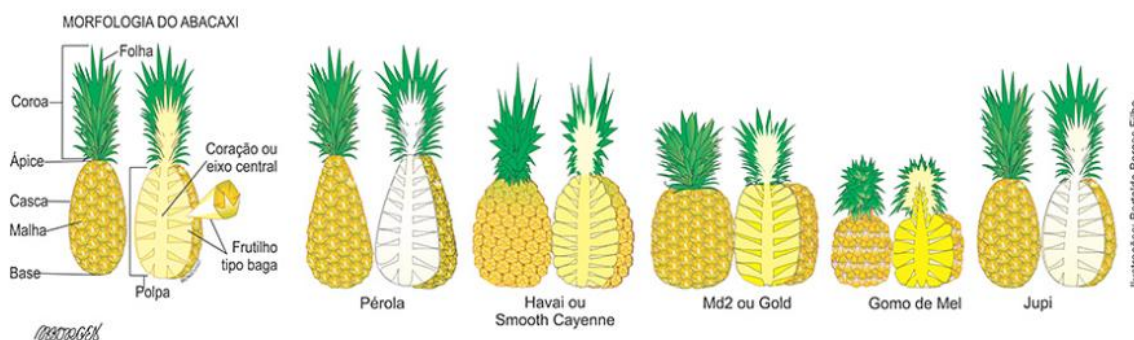


Figura 1: Estrutura morfológica das principais variedades de abacaxi comercializadas no mundo. Fonte: (CEAGESP).

O abacaxi é uma fruta popular no mercado nacional e é utilizado em diversas formas, como sucos, compotas, pedaços em conserva e consumido *in natura*. No setor industrial sua aplicação envolve a produção de vários produtos, como frutas em calda, geleias, sucos, licor, vinho e outras bebidas (Teixeira, 2020). Além desses produtos, a fruta é amplamente utilizada na fabricação de produtos de beleza, sobremesas diversas, probióticos, chás e extratos, valorizado por seu sabor característico e propriedades nutritivas e químicas.

Assim, essa cultura é amplamente importante no cenário socioeconômico nacional, contribuindo de maneira significativa na geração de emprego e renda (Franco *et al.*, 2014), culminando com um cultivo economicamente viável (Galeano; Ventura, 2018). A importância econômica da cultura do abacaxizeiro requer destaque, justamente por ser provedor de mão de obra no campo e em indústria, gerando fonte de renda tanto no meio rural, como urbano.

## 2.2 Origem e domesticação

O abacaxizeiro é uma monocotiledônea pertencente à família *Bromeliaceae*, apresentando aproximadamente 2700 espécies, herbáceas, epífitas ou terrestres, distribuídas em 56 gêneros, originárias das Américas, predominantemente das regiões neotropicais, com exceção apenas da espécie *Pitcarnia feliciana* (A. Chevalier) Harms & Mildbraed, nativa da Guiné (Benzing *et al.*, 2000). Dentre as espécies da família *Bromeliaceae*, o abacaxizeiro (*A. comosus* var. *comosus*) é o membro mais importante do ponto de vista econômico.

Essa espécie é cultivada principalmente em regiões tropicais e subtropicais, devido à sua boa adaptabilidade a diferentes condições de solo e clima. O fruto é caracterizado por um aglomerado de uma ou duas centenas de pequenos frutos (gomos) em torno de um mesmo eixo central, onde cada “olho” ou “escama” da casca do abacaxi corresponde a um fruto originado

de uma flor hermafrodita, que se unem para formar uma estrutura mais conhecida como infrutescência (Silva; Tassara, 2001).

Originário da América do Sul, o abacaxi foi avistado pela primeira vez por europeus quando Cristóvão Colombo chegou à ilha que chamou de Guadalupe, em 4 de novembro de 1493, em sua segunda viagem ao Novo Mundo, sendo Colombo o primeiro europeu a encontrar a fruta, embora a planta já estivesse amplamente disseminada nas regiões tropicais das Américas (Collins, 1949). Já frequentemente encontrada pelas regiões tropicais americanas, o abacaxi foi valorizado por sua beleza e qualidade alimentar (Crestani *et al.*, 2010).

A disseminação global da cultura foi intensificada durante o século XVI, com a expansão das rotas marítimas promovida por portugueses e espanhóis. Os navegadores levavam frutos para consumo a bordo e, ao descartar as coroas nos portos de desembarque, contribuíam para a propagação da espécie em continentes como África e Ásia (Medina, 1978). Essa prática favoreceu o enraizamento do abacaxizeiro em novas regiões tropicais, permitindo sua adaptação em diferentes locais.

Comercialmente, o abacaxizeiro não é propagado via sementes, uma vez que estas, na maioria das vezes, são vestigiais (abortadas), devido à alta autoincompatibilidade. Dessa forma, a propagação se dá através de estruturas vegetativas tais como a coroa do fruto, mudas do tipo filhote e rebentão. Apesar de as sementes não serem utilizadas comercialmente, possuem importância no contexto da variabilidade genética e são fundamentais para programas de melhoramento, sendo obtidas principalmente por meio de cruzamentos controlados (Cabral *et al.*, 1999; Cabral *et al.*, 2003).

A tendência do aumento na produção de mudas das variedades de abacaxizeiro no mercado está associada ao aumento do consumo da fruta. Em resposta a essa demanda, novas cultivares vêm sendo desenvolvidas e disponibilizadas, com o objetivo de oferecer frutos de melhor qualidade e plantas com maior resistência a pragas e doenças comuns à cultura (Matos *et al.*, 2009; Ventura *et al.*, 2009), buscando atender as exigências do mercado interno e externo, contribuindo para a produção da cultura.

### **2.3 Melhoramento genético do abacaxizeiro no mundo e no Brasil**

O maior programa de melhoramento genético do abacaxizeiro foi conduzido pelo Instituto de Pesquisa de Abacaxi (Pineapple Research Institute - PRI) no Havaí, onde foram desenvolvidas extensas pesquisas sobre a biologia floral, citologia, citogenética, autoincompatibilidade, além do desenvolvimento de técnicas para avaliar a resistência ao fungo

*Phytophthora*, nematoides, cochonilha, herança de caracteres, coleta e avaliação de germoplasma (Coppens d'Eeckenbrugge *et al.*, 1997; Paull, Bartholomew; Chen, 2017).

No Brasil, país em que a cultivar Pérola, de origem pré-colombiana é a mais cultivada, os primeiros estudos com o abacaxizeiro tiveram como foco principal a avaliação do germoplasma disponível. As primeiras pesquisas foram conduzidas pela Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (Pesagro) e pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), entre 1978 e 1997. Além da caracterização do germoplasma, os trabalhos também abordaram a resistência à fusariose, sendo o primeiro registro de resistência a essa doença feito com base em observações de campo realizadas no IAC, em 1969 (Giacomelli; Teófilo Sobrinho, 1983). Como resultado desses esforços, em janeiro de 2010 foi lançada a primeira cultivar brasileira resistente à fusariose, denominada IAC Fantástico.

Atualmente o programa mais abrangente de melhoramento genético do abacaxi no Brasil é conduzido pela Embrapa Mandioca e Fruticultura desde 1978. Esse programa tem como principais objetivos o desenvolvimento de cultivares de abacaxi que sejam resistentes à fusariose, a principal doença que afeta essa cultura no país, além de buscar frutas de alta qualidade e folhas sem espinhos. As pesquisas realizadas possibilitaram a criação e conservação do Banco de Germoplasma Ativo de Abacaxi, que atualmente reúne 764 acessos cultivados em campo, 680 conservados em telado e 300 conservados *in vitro* (Souza *et al.*, 2021).

Como decorrência desse programa, nos últimos vinte anos a Embrapa desenvolveu e lançou três cultivares de abacaxi, todas com resistência à fusariose. A primeira, BRS Imperial, seguida de BRS Vitória e BRS Ajubá. Embora essas cultivares apresentem resistência ao fungo *Fusarium guttiforme*, ainda possuem algumas limitações agronômicas, como frutos de tamanho reduzido (Freitas *et al.*, 2024). Com isso, a Embrapa vem gerando novos genótipos (BRS Diamante, BRS Sol Bahia e BRS Real) híbridos resistentes a fusariose, com diferentes características de plantas e frutos (Oliveira *et al.*, 2024).

Em 2012 a Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) também deu início ao programa de melhoramento genético do abacaxizeiro, com vistas a obter cultivares com maior qualidade de fruto, resistência à fusariose e ausência de espinhos, além de variedades mais adaptadas às condições de solo e clima da região Centro-Oeste, seu principal objetivo é desenvolver cultivares de abacaxi que superem as existentes no mercado brasileiro, principalmente a Pérola (Silva, 2023).

Como resultado, em 2024 o programa realizou o lançamento das cultivares “Unemat Esmeralda”, derivadas do cruzamento entre BRS Vitória e Smooth Cayenne, destacando-se pelo

elevado peso dos frutos, resistência a fusariose, folhas sem espinhos e características semelhantes às da cultivar Pérola, ideal para consumo *in natura*, e a “Unemat Rubi”, resultado do cruzamento entre BRS Imperial e Pérola, combinando resistência à fusariose, formato cilíndrico do fruto, polpa amarela e ausência de espinhos foliares, uma cultivar promissora para expansão comercial, principalmente no mercado internacional (Krause *et al.*, 2025; Silva *et al.*, 2025).

## **2.4 Marcadores moleculares aplicados a estudo de variabilidade genética e estrutura populacional**

O estudo da variabilidade genética em populações de uma espécie abrange dois aspectos principais, como a quantificação dos níveis de variabilidade dentro das populações e a caracterização do grau de estruturação genética entre elas (Hamrick, 1982). Esses fatores são essenciais para entender a diversidade genética disponível, uma vez que o sucesso do melhoramento genético depende diretamente da variabilidade presente nos acessos existentes.

Nesse contexto, estudos de caracterização e avaliação de germoplasma desempenham um papel estratégico para a conservação e uso eficiente da variabilidade genética. Tais estudos permitem a identificação de materiais duplicados ou genótipos geneticamente distintos, assim como uma criação de bancos de dados com diferentes finalidades. Dessa forma, a pesquisa sobre diversidade genética fornece informações valiosas, além de direcionar cruzamentos mais eficientes (Souza *et al.*, 2021).

Embora os descritores morfológicos sejam amplamente utilizados na caracterização de acessos, esses apresentam limitações quanto à estabilidade e influência de fatores ambientais. Com isso, os marcadores moleculares surgem como ferramentas que complementam os descritores morfológicos convencionais, permitindo aos pesquisadores analisarem a variabilidade genética tanto dentro de espécies quanto entre elas (Burner; Pan; Webster, 1997; Parida *et al.*, 2010). Esses marcadores permitem identificar padrões exclusivos de polimorfismo ao comparar diferentes genótipos, facilitando a caracterização de variedades e cultivares.

Com base nas aplicações dos diferentes tipos de marcadores moleculares em estudos com o gênero *Ananas*, é possível observar que tais ferramentas têm contribuído significativamente para ampliar o conhecimento sobre a variabilidade genética. Técnicas como AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), SNPs (Single Nucleotide Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) têm se mostrado eficazes na diferenciação de cultivares, na detecção de duplicatas e na organização de

bancos de germoplasma (Paz *et al.*, 2005; Zhou *et al.*, 2015; Rosmaina *et al.*, 2022; Hayati; Kasiamdari, 2024). A escolha de marcadores adequados depende do objetivo do estudo, do custo envolvido, do nível de polimorfismo esperado e da precisão requerida na análise.

Com isso, dentre os marcadores moleculares, os microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats), têm se destacado nos estudos de diversidade genética devido à sua alta reprodutibilidade, herança codominante e permitem a distinção entre indivíduos heterozigotos e homozigotos. Além de serem altamente polimórficos e amplamente distribuídos pelo genoma. Outro aspecto vantajoso é que para as análises são necessárias apenas pequenas quantidades de DNA (Kumar *et al.*, 2009; Ince; karaca; Onus, 2010).

Esses avanços na aplicação dos marcadores moleculares permitem não apenas uma caracterização genética mais precisa, mas também o direcionamento de estratégias de conservação e melhoramento. Tais marcadores são utilizados para fingerprinting de genótipos, estudos de diversidade genética, mapeamento, avaliação da estrutura populacional e seleção de genótipos promissores para o melhoramento de plantas (Rauscher; Simko, 2013). A integração dessas informações genômicas aos programas de melhoramento potencializa a identificação de genótipos superiores e a exploração da variabilidade disponível, otimizando cruzamentos e favorecendo o desenvolvimento de cultivares.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### I. Materiais utilizados

Dezoito acessos foram coletados da coleção de estudo do programa de melhoramento genético do abacaxizeiro na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), localizado no município de Tangará da Serra, região sudoeste do estado do Mato Grosso, Brasil. Os clones foram obtidos de cruzamentos (Tabela 1) que serviram para a seleção de materiais superiores (Silva *et al.*, 2024).

O estudo foi desenvolvido no Laboratório de Genética Molecular de Plantas e Fitopatógenos (LGMPF) no Centro integrado de pesquisas, pós-graduação e inovação (CIPI) da UNEMAT.

Tabela 1: Origem, identificação e características dos 18 acessos de abacaxizeiro utilizados no estudo

| Identificação | Indivíduos          | Origem e características                                                                                                                                                                                             | Referências                         |
|---------------|---------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------|
| 1             | Pérola              | Natural da América do sul, possui parentais de origem desconhecida; apresenta forma cônica, polpa branca, espinhos nas bordas das folhas e é suscetível a fusariose.                                                 | Sanewski; Bartholomew; Paull, 2018. |
| 2             | Jupi                | Uma variação clonal da cultivar Pérola, com formato de fruto cilíndrico.                                                                                                                                             | Sanewski; Bartholomew; Paull, 2018. |
| 3             | Gigante de Tarauacá | Nativo da região de Tarauacá, no estado do Acre, é uma planta triploide, robusta, com polpa branca, espinhos nas folhas e suscetível a fusariose.                                                                    | Scherer <i>et al.</i> , 2015.       |
| 4             | Smooth Cayenne      | Coletado pela primeira vez na Guiana Francesa, seu fruto possui forma cilíndrica, casca de cor amarelo-alaranjado – quando maduro –, folhas com espinhos apenas na extremidade apical e suscetibilidade a fusariose. | Sanewski; Bartholomew; Paull, 2018. |
| 5             | Cabeça de Onça      | Nativo da região amazônica, é uma cultivar de fruto cilíndrico, suscetível a fusariose e não possui espinhos em suas folhas.                                                                                         | Lemos <i>et al.</i> , 1998.         |
| 6             | BRS Imperial        | Híbrido resultante do cruzamento da cv. Perolera com Smooth Cayenne (PE x SC-56), é resistente a fusariose, possui polpa de cor “amarelo ouro” e não tem espinhos nas bordas das folhas.                             | Cabral; Matos, 2009.                |
| 7             | BRS Vitória         | Híbrido originado do cruzamento entre a cv. Primavera e Smooth Cayenne (PRI x                                                                                                                                        | Ventura <i>et al.</i> , 2009.       |

|    |                  |                                                                                                                                                                                                                                                                          |                                     |
|----|------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-------------------------------------|
|    |                  | SC-08), apresenta características agronômicas semelhantes às da cultivar Pérola; sem espinhos nas folhas; possui frutos cilíndricos, casca de cor amarela na maturação e polpa branca, além de resistência a fusariose.                                                  |                                     |
| 8  | BRS Ajubá        | Híbrido identificado como (PE x SC-14) resultante do cruzamento entre Perolera com Smooth Cayenne, é resistente a fusariose, sem espinhos nas bordas das folhas, possui fruto cilíndrico, casca de cor amarela na maturação e polpa amarelada.                           | Reinhardt <i>et al.</i> , 2012.     |
| 9  | IAC Fantástico   | Híbrido obtido através de polinização aberta, tendo como mãe o híbrido (TP x SC nº2) originado do cruzamento entre a variedade brasileira Tapiracanga e Smooth Cayenne; é resistente a fusariose; possui espinhos apenas na extremidade da borda foliar e polpa amarela. | Spironello <i>et al.</i> , 2010.    |
| 10 | IAC Gomo de Mel  | Introduzido da china em 1991, possui folhas espinhosas, coloração de polpa amarelo-ouro, suscetível a fusariose, mas com frutinhos menos soldados entre si, em comparação as demais cultivares.                                                                          | Usberti Filho <i>et al.</i> , 1999. |
| 11 | MD-2             | Selecionado em 1973 como “73-114”, após o cruzamento dos híbridos 58-1184 x 59-443 em 1970, possui folhas com espinhos apenas na parte apical, frutos cilíndricos, polpa amarela e é suscetível a fusariose.                                                             | Sanewski; Bartholomew; Paull, 2018. |
|    | Clones           | Genitores                                                                                                                                                                                                                                                                |                                     |
| 12 | Unemat-10        | BRS Imperial X Smooth Cayenne                                                                                                                                                                                                                                            | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |
| 13 | Unemat-21        | BRS Imperial X Smooth Cayenne                                                                                                                                                                                                                                            | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |
| 14 | Unemat Esmeralda | BRS Vitoria X Smooth Cayenne                                                                                                                                                                                                                                             | Krause <i>et al.</i> , 2025.        |
| 15 | Unemat-42        | BRS Vitoria X Smooth Cayenne                                                                                                                                                                                                                                             | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |
| 16 | Unemat-Rubi      | BRS Imperial X Pérola                                                                                                                                                                                                                                                    | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |
| 17 | Unemat-123       | BRS Imperial X Pérola                                                                                                                                                                                                                                                    | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |
| 18 | Unemat-125       | BRS Imperial X Pérola                                                                                                                                                                                                                                                    | Silva <i>et al.</i> , 2025.         |

## II. Extração do DNA genômico e reação em cadeia da polimerase (PCR)

Foram coletadas folhas jovens dos genótipos para a extração de DNA genômico utilizando o protocolo padrão de extração proposto por Doyle e Doyle (1990), com pequenas alterações. Utilizando apenas a parte aclorofilada, as amostras foram maceradas com nitrogênio líquido e tratadas com 800µl de tampão de extração [CTAB 5%; NaCL 1,4M; EDTA 20mM; Tris-HCL pH 8,0, 1M; PVP 2%; β-mercaptoetanol 2%] seguidas com agitação no vórtex e colocadas em banho maria a 65°C por 40 minutos e homogeneizados suavemente por inversão a cada 10 minutos, depois foram centrifugados a 14000 rpm por 10 minutos e vertidos em tubos de 2,0 mL.

Para a realização da desproteinização, foi adicionado 600µl de CIA [clorofórmio: álcool isoamílico 24:1] e centrifugado a 14000 rpm por 8 minutos, duas vezes, sempre transferindo a fase superior (aquosa) para um novo tubo. Os ácidos nucleicos foram precipitados com a adição de 500µl de isopropanol frio (-16°C), ficando *overnight* em freezer a (-20 °C); o precipitado foi sedimentado por centrifugação a 14000 rpm durante 10 minutos, sendo o sobrenadante eliminado por inversão, restando apenas o *pellet*, que foi lavado duas vezes em álcool 70% e duas vezes em álcool 95%. A cada lavagem, as amostras foram centrifugadas por 8 minutos a 14000 rpm.

Após o último descarte do sobrenadante, o DNA precipitado ficou em estufa de secagem para a remoção dos resquícios de álcool. Em seguida o material foi ressuspensionado com TE [Tris-HCL pH 8,0, 1M; EDTA 0,5M pH 8,0] + RNase a (10 mg/mL) em banho maria por 90 minutos a 40° C e, em seguida, armazenados em geladeira. Após 12 horas, foram congelados em freezer a (-16° C). As concentrações de DNA das amostras foram estimadas por meio de quantificação, utilizando-se o equipamento fluorímetro (Qubit® 4) e a integridade observada em gel de agarose a 1% com tampão TAE 1X (Tris, Acetato de Sódio, EDTA dihidratado, 0,5M pH 8,0), utilizando-se o marcador Lambda (λ) de 100 pb (100 ng/µL-1) (Invitrogen, USA).

Para avaliar as condições da reação em cadeia da polimerase (PCR), foram utilizados 210 iniciadores SSR descritos para *Ananas comosus* (Kinsuat and Kumar, 2007; Rodríguez *et al.*, 2013; Makaranga *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2017; Feng *et al.*, 2013 e Nashima *et al.*, 2020) inicialmente testados em três genótipos diferentes (BRS Ajubá, Jupi e híbrido 131), com gradiente de temperatura variando de 52° C a 68° C. Após o *screening*, foram selecionados 86 primers que melhor se estabeleceram nos testes, para as reações de amplificação.

As reações de PCR foram realizadas em termocicladores da Applied Biosystems/VeritiPro Thermal Cycler 96 well, em um programa de 38 ciclos. O volume final foi de 13 µL

para cada amostra, sendo: 3 µL de DNA (5 ng/µl), 1,3 µL de Tampão 10X (NH<sub>4</sub>SO<sub>4</sub>), 1,5 µL de MgCl<sub>2</sub> (25 mM), 1,3 µL de dNTPs (2 mM), 0,5 µL de iniciador (R+F) (5 µM) e 0,2 µL de Platus Taq DNA polimerase (5 U/µL) (Sinapse Inc), 5,2 µL de água deionizada autoclavada.

A separação dos fragmentos de PCR foi realizada em gel de agarose MetaPhor 4%, imerso em tampão TAE 1X (Tris, Acetato de Sódio, EDTA dihidratado, 0,5M pH 8,0)], o produto de PCR foi corado com Gel Red® e GelPilot® DNA Loading Dye, 4 µL na proporção de (3:1), visualizados pelo sistema de fotodocumentação da Loccus L-PIX EX e comparados com o marcador DNA Ladder de 100pb (0,5 ng. µL<sup>-1</sup>) ( Sinapse Inc) durante as corridas para determinar o tamanho dos fragmentos amplificados. Dos 86 primers testados, 50 apresentaram melhor desempenho nas reações de amplificação e foram selecionados para as análises (Tabela 2).

Tabela 2: Sequência de 50 pares de primers microssatélites utilizados na análise de 18 acessos de abacaxizeiro

| Locus    | Sequência                                                                        | GL | TA   | TF<br>(pb) | Referência                   |
|----------|----------------------------------------------------------------------------------|----|------|------------|------------------------------|
| AJ845060 | F: TGTAGGCATATGGTGGGTCTG<br>R: ATCTCTTAATCCAAGGGCCG                              | -  | 64°C | -          | Wang <i>et al.</i> , 2017    |
| CO731629 | F: AGAAGCGGAAGCGTGTTG<br>R: GCGGAGATCGAAGCACTC                                   | -  | 64°C | -          | Wang <i>et al.</i> , 2017    |
| TsuAc280 | F: gctacggactgacctcggacCCGCTGATCTTCCCACTAAG<br>R: gtttcttTCATGCAATTGGGGACATAG    | 21 | 64°C | 209        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc283 | F: gctacggactgacctcggacAACTTGGTTTCGTCCATACCC<br>R: gtttcttCAACCCAAATAACATCTCCAAC | 10 | 64°C | 225        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc285 | F: gctacggactgacctcggacGGCTCAATCTGATCCGTGATT<br>R: gtttcttGGCAATAGGCGTGAGAAAAAT  | 5  | 64°C | 190        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc302 | F: gctacggactgacctcggacCAAGGGAGCAAAGTGTAGGTTT<br>R: gtttcttGGACCTTTTTCTTATGTTTG  | 6  | 64°C | 189        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc309 | F: gctacggactgacctcggacCGCCAGGAAGTATTAAAGGA<br>R: gtttcttTGGTGCTGGTGCTGGTACT     | 22 | 64°C | 177        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc334 | F: gctacggactgacctcggacCTCGCCTTACATGACTGAAGC<br>R: gtttcttTGTCTCGTTCCGATCTCAATC  | 15 | 64°C | 217        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc335 | F: gctacggactgacctcggacAATTCCCAGTTGAGAAATCGAG<br>R: gtttcttTGTTTACGGTGTGTTTGTTCG | 6  | 64°C | 238        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| DT336954 | F: CATCCATCCATCCATCCAAT<br>R: GTCGTTGATCATTCGCAAAA                               | -  | 60°C | -          | Wang <i>et al.</i> , 2017    |
| EP-06    | F: CGACTCGAGGATTACATTACG<br>R: GAGCACAAAGAACCACACAG                              | -  | 60°C | 270        | Feng <i>et al.</i> , 2013    |
| EP-24    | F: GCTGCTCTTGCTGCCAT<br>R: AAGCCATAGGACCACCAC                                    | -  | 60°C | 166        | Feng <i>et al.</i> , 2013    |
| TsuAc337 | F: gctacggactgacctcggacATTTGGAGGTGGAAGGTGGA<br>R: gtttcttCAGAGAAAGTATGGCGGATCA   | 3  | 64°C | 191        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc339 | F: gctacggactgacctcggacTGGGTTTCGGTATTGGTTATGA<br>R: gtttcttTCTCATTTAGCGACAACAACG | 12 | 64°C | 203        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| TsuAc329 | F: gctacggactgacctcggacTGGGCTTCTTCTCTGTTTCAG<br>R: gtttcttGGAGGAGGAATGCTCTAAAGG  | 2  | 64°C | 179        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |
| EP-13    | F: GCCAATAACAACCTCAAGC<br>R: TCCATACACACAGTACGTCG                                | -  | 60°C | 263        | Feng <i>et al.</i> , 2013    |
| TsuAc207 | F: gctacggactgacctcggacGCGCAGAACCAGGAAAATAA                                      | 10 | 60°C | 350        | Nashima <i>et al.</i> , 2020 |

|          |                                                                                    |    |      |     |                                |
|----------|------------------------------------------------------------------------------------|----|------|-----|--------------------------------|
|          | R: gtttcttGAGAGCGAAAAGCAAAGGTG                                                     |    |      |     |                                |
| TsuAc315 | F: gctacggactgacctcggacGTACGGAGAAGAGTCGTCGTG<br>R: gtttcttGCTCGCATTACACGACAGTAA    | 16 | 60°C | 187 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc319 | F: gctacggactgacctcggacTACAGGGCCAGAAGAGTTGTC<br>R: gtttcttGCTTCGCATATCTCTCTCGTG    | 18 | 60°C | 188 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc332 | F: gctacggactgacctcggacAGGTCCTCGACCCTCGTAGTA<br>R: gtttcttCGCTCAAAAACCTCATTTTCC    | 3  | 60°C | 178 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| ANBR81   | F: TTAATCAAGTTCTTTAAAGGTT<br>R: CTAGTAAAGTCTCTTTCCATTG                             | -  | 58°C | 268 | Rodriguez <i>et al.</i> , 2013 |
| TsuAc313 | F: gctacggactgacctcggacAGGGGAATTAGGGTTTTAGGG<br>R: gtttcttCAATCCCATGCATAGTGAACC    | 4  | 58°C | 182 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc323 | F: gctacggactgacctcggacCACCGCTGAATCTCTGCTAAC<br>R: gtttcttGTTCAACGAGAGCGATAAAAG    | 8  | 58°C | 215 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc242 | F: gctacggactgacctcggacGGCTCCATCTTTTGCTTTTTTC<br>R: gtttcttTACGTACCAAGGCAACCTCAG   | 8  | 62°C | 225 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc235 | F: gctacggactgacctcggacGACACCGTAATCCGTTGTAAA<br>R: gtttcttCTACGGCCAATACAAACTCCA    | 7  | 64°C | 212 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc237 | F: gctacggactgacctcggacTTGCTCTGAGAATGTGCCTCT<br>R: gtttcttCATTTACCCCTTCTTTTCTGAC   | 14 | 64°C | 180 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc246 | F: gctacggactgacctcggacGAGGCTGAGGAGGAGGAAGAT<br>R: gtttcttAGGGCCCACTAAGAAGATCAA    | 1  | 64°C | 180 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc221 | F: gctacggactgacctcggacCCCAAGGGCATAAAAGCTTAC<br>R: gtttcttGTAAATGAAATGGGGACCAAG    | 9  | 64°C | 199 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc203 | F: gctacggactgacctcggacCCCAATCGAAACGCAATACT<br>R: gtttcttGCTCACGGTATGGTGGAGAT      | 23 | 60°C | 134 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc238 | F: gctacggactgacctcggacTGCCCTAGATATCACACCACA<br>R: gtttcttAGAAAGCGTTAGTGCCACAAT    | 1  | 60°C | 191 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc247 | F: gctacggactgacctcggacCCAATGGTGTCTTCAGCTTGT<br>R: gtttcttTCCTCTATTGCCATTGTTTGC    | 12 | 60°C | 193 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc263 | F: gctacggactgacctcggacGCACATGCGGTAATAAAAGC<br>R: gtttcttCCGAGAGTCCCAGAAAAGTCT     | 3  | 64°C | 198 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc289 | F: gctacggactgacctcggacTTTCCTTCCAATCGATCCTCT<br>R: gtttcttGATCATAACGGAACGACCCTTT   | 2  | 64°C | 200 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc198 | F: gctacggactgacctcggacTTATACACGGGCATGCACAC<br>R: gtttcttCTTGCTTGGGAAAGGTGAAC      | 17 | 60°C | 186 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc258 | F: gctacggactgacctcggacTGTAAGAGTCGGACCGAATAAG<br>R: gtttcttTCTCTCTCTTTCTGTCTCTCTCA | 13 | 64°C | 230 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc239 | F: gctacggactgacctcggacCTTTGCCACCTGAAGAATTG<br>R: gtttcttTGGAGTGTAGCTGATCCAAGT     | 5  | 66°C | 195 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc241 | F: gctacggactgacctcggacGGGGGATTGGTGAGTTTCATA<br>R: gtttcttAAGCACACACTTCTCTCTCT     | 4  | 66°C | 181 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc243 | F: gctacggactgacctcggacACTCGGCCTCCCTGATACTAA<br>R: gtttcttGCCTCCCAGGGTTCTATTGTA    | 3  | 66°C | 190 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc308 | F: gctacggactgacctcggacCCAGGAACCATCTTAGAACGA<br>R: gtttcttGGTACAGCCGACAATCAGATG    | 8  | 60°C | 199 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc259 | F: gctacggactgacctcggacATTTCGAAACCAATCTCCTTCG<br>R: gtttcttCCCCCTCTACTTTTCTTTTCC   | 18 | 64°C | 180 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc260 | F: gctacggactgacctcggacGCAACAGTTTTGAGAAGCTTGA<br>R: gtttcttTGCCTTCTCTTCGACATTTTC   | 6  | 60°C | 195 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc269 | F: gctacggactgacctcggacCCCTTGTTCTTTGCCACAAT<br>R: gtttcttCAGTCGCGTTCATGATTTGT      | 17 | 60°C | 317 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc272 | F: gctacggactgacctcggacCTTGGTCATGCATGGCTTATT<br>R: gtttcttGCGGGACTTCTAATTCCTTCTT   | 23 | 60°C | 227 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc322 | F: gctacggactgacctcggacTGGCTGAAATAGGTCTAACTTCC<br>R: gtttcttCACGGGATTTCAATCTGACTC  | 15 | 60°C | 204 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc271 | F: gctacggactgacctcggacATTGATGACGTGGTGCAAGT<br>R: gtttcttACGGCGAATATATGGCTGAC      | 15 | 66°C | 189 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc192 | F: gctacggactgacctcggacTGGAACCTTGAGCAGCAGAA<br>R: gtttcttGGTGTAGGGGAAGGGTGTTC      | 9  | 66°C | 297 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc284 | F: gctacggactgacctcggacGGCCCCAGAAATAGTGTGAT                                        | 1  | 64°C | 180 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |

|          |                                                                                                                  |    |      |     |                                |
|----------|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|------|-----|--------------------------------|
| TsuAc343 | R: gtttcttCCATAAATTGTGGCCTGTGAA<br>F: gctacggactgacctggacTCTTGCCAGAGTAAAACAGC<br>R: gtttcttACCACCGACTATGCCGACTAT | 18 | 64°C | 177 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| TsuAc348 | F: gctacggactgacctggacCAGCAGCTGCAATAACAGACA<br>R: gtttcttTATTTTGTTCAGGACCAACC                                    | 1  | 64°C | 191 | Nashima <i>et al.</i> , 2020   |
| ANBR58   | F: ATATGATAGGACTTACTTTTGG<br>R: AAGGCTACAGATAGTTAAAGAG                                                           | -  | 60°C | 243 | Rodriguez <i>et al.</i> , 2013 |

Notas: GL = grupo de ligação; TA = temperatura de anelamento; TF = tamanho do fragmento.

### III. Análises estatísticas

Os dados obtidos a partir da amplificação dos 50 marcadores SSR foram convertidos em código numérico para cada alelo por loco. A matriz numérica foi desenvolvida atribuindo-se valores de 1 até o máximo de alelos por loco, como descrito a seguir: para um loco que apresenta três alelos, tem-se a representação 11, 22 e 33 para as formas homozigotas (A1A1, A2A2 e A3A3) e 12, 13 e 23 para as heterozigotas (A1A2, A1A3 e A2A3). A partir dessa matriz numérica, a distância genética entre os genótipos analisados foi determinada mediante a aplicação de três índices diferentes: índice não ponderado, índice ponderado e o índice de Smouse e Peakall (Cruz *et al.* 2011), com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

O Índice Ponderado foi escolhido por apresentar uma maior correlação cofenética, estimada por (Eq. 1):

$$S_{ii=\frac{1}{2}} = \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

Em que (Eq. 2):

$$p_j = \frac{a_j}{A}$$

é o peso associado ao *loco* j, determinado por:  $a_j$  = número total de alelos no *loco* j; A = número total de alelos estudados, sendo (Eq. 3):

$$\sum_{j=1}^L p_j = 1$$

$c_j$  = número de alelos comuns entre os pares de acessos i e i'.

Após a obtenção da matriz de distância, o agrupamento de acessos foi realizado com base na matriz de dissimilaridade, sendo construído um dendrograma por análise de agrupamentos do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages), com o auxílio do software estatístico R. A consistência dos agrupamentos foi verificada com

base em reamostragem por bootstrap, feito pelo pacote Pvcust (Suzuki; Shimodaira, 2006) do software R, empregando-se 1000 permutações.

Os índices de diversidade dos acessos foram estimados para cada marcador considerando-se toda a população, com o auxílio do programa GenAIEx 6.5 (Peakall; Smouse, 2012), tendo por base os seguintes parâmetros: número de alelos por locus polimórfico (Na), heterozigosidade observada (Ho), heterozigosidade esperada (He), índice de informação ou índice de Shannon (I) e coeficiente de endogamia (F).

O índice de informação, conhecido como Índice de Shannon (I) é usado para indicar a diversidade e pode ser calculado por (Eq. 4):

$$I = -1. \sum [P_i. \ln(P_i)]$$

Em que:  $P_i$  = frequência alélica para cada um dos alelos em questão.

A  $H_o$  é a proporção de indivíduos heterozigotos observados em uma população estudada, sendo calculado por (Eq. 5):

$$H_o = \frac{N_x}{N}$$

Onde:  $H_o$  = heterozigosidade observada;  $N_x$  = número de heterozigotos;  $N$  = número total de indivíduos da amostra.

A  $H_e$  pode ser definida como um somatório estimado de todos os indivíduos que poderiam ser heterozigóticos em um locus (Eq. 6).

$$H_e = 1 - \sum P_i^2$$

Em que:  $H_e$  = heterozigosidade esperada;  $P_i$  = frequência do i-ésimo alelo.

O coeficiente de endogamia (F) exibe valores que variam de -1 a +1 e estima o coeficiente médio de endogamia por meio de (Eq. 7):

$$F = \frac{H_e - H_o}{H_e}$$

Onde:  $H_o$  = heterozigosidade observada, que é a proporção de N amostras que são heterozigotas em um dado locus;  $H_e$  = proporção de heterozigosidade esperada sob acasalamento aleatório.

Os índices de diversidade também foram estimados para cada acesso individualmente, considerando-se todos os locos analisados, tendo a heterozigosidade (H), índice de fixação (F)

e o conteúdo de informação polimórfica (PIC) como principais parâmetros. A análise foi realizada utilizando o software PowerMarker (Liu, 2005).

O valor do PIC oferece uma estimativa do poder discriminatório de cada locus, variando de 0 (monomórfico) a 1 (altamente informativo), de acordo com (Eq. 8)

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n F_i^2$$

Em que:  $F_i$  é a frequência do  $i$  - ésimo alelo em um locus.

O índice de fixação estima o coeficiente médio de endogamia e pode ser determinado por (Eq. 9)

$$F = 1 - \frac{He}{Ho}$$

Em que:

$He$ : frequência de indivíduos heterozigotos;

$Ho$ : frequência de indivíduos homozigotos.

O número ótimo de marcadores foi estimado pelo software GENES (Cruz, 2013). O parentesco relativo ( $K$ ) entre as amostras foi calculado usando 50 marcadores SSR pelo software SPAGeDi (Hardy; Vekemans, 2002), utilizando-se o coeficiente de Loiselle (Loiselle; Nason; Graham, 1995) para criar a matriz de parentesco em pares ( $18 \times 18$ ).

#### ***IV. Análise da estrutura genética da população***

De forma a acessar a estrutura populacional dos 18 acessos, foi realizada a análise com o método Bayesiano, por meio do software STRUCTURE, versão 2.3.4 (Pritchard; Stephens; Donnelly, 2000). Considerando-se que o presente estudo possui materiais provenientes de cruzamentos controlados, foi utilizado o modelo de mistura e frequências alélicas independentes, com o período de burn-in e os números de replicação definidos em 25.000 e 75.000, respectivamente, para cada execução. O número de grupos ( $K$ ) variou sistematicamente de 1 a 5 com 10 simulações para estimar cada  $K$ .

O método ad hoc  $\Delta K$  descrito por Evanno, Regnaut e Goudet, (2005) foi utilizado para estimar o  $K$  mais provável para a população, assim como a saída da tabela de Evanno com a média de  $\text{LnP}(K)$ ; foram extraídas empregando a web *server* StructureSelector (Li; Liu, 2018).

Foi adotado um limite de probabilidade de associação de 0,60 entre os subgrupos. Com base na probabilidade posterior ( $q$ ) de um genótipo pertencer a um determinado grupo em relação ao número total de grupos ( $K$ ), os indivíduos com  $q > 0,60$  foram classificados como membros de um *cluster* específico. Já aqueles com  $q \leq 0,60$  foram considerados mistos (Cerqueira-Silva *et al.*, 2014).

## 4. RESULTADOS

### *I. Parâmetros de diversidade via SSR*

A genotipagem dos acessos de abacaxi (Figura 2), identificou um total de 100 alelos para os 50 loci analisados. Mesmo sendo todos os loci polimórficos, o número de alelos diferentes ( $N_a$ ) observados por locus foi constante, com o valor de 2,00 para cada (Tabela 3).

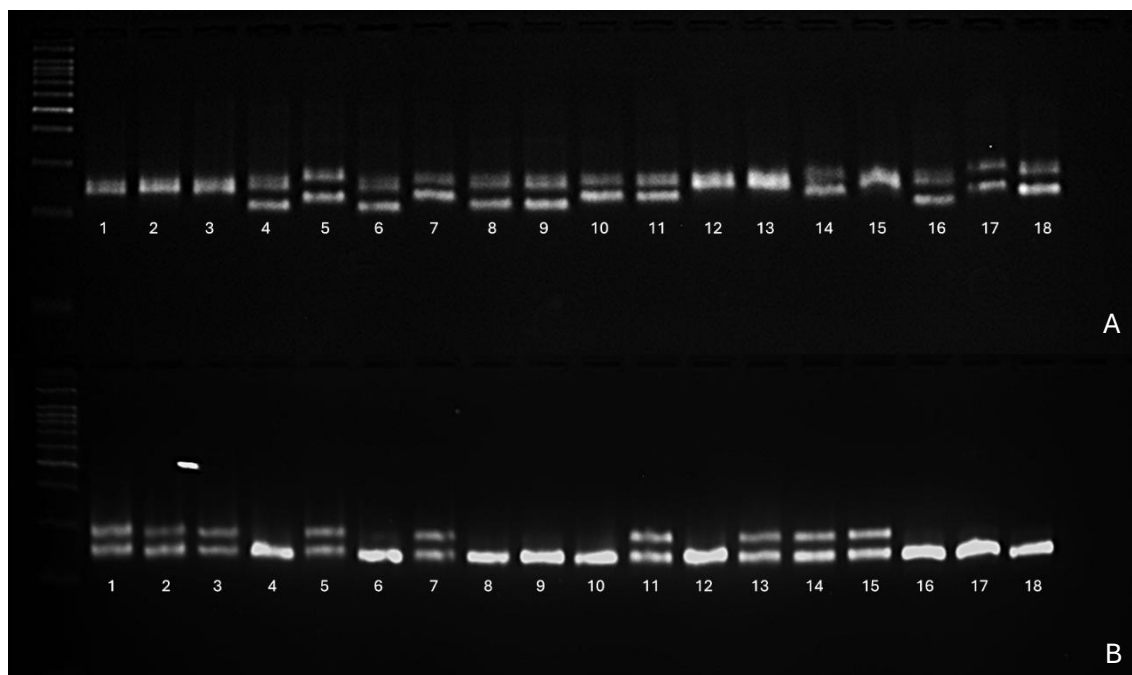


Figura 2: Amostra representativa de gel de agarose Metaphor a 4%. Fragmentos de DNA amplificados, utilizando-se os loci microssatélites TsuAc235 e TsuAc272, figura A e B respectivamente.

A heterozigosidade observada ( $H_o$ ) variou de 0,056 (TsuAc246) a 0,941 (TsuAc221 e TsuAc198) com uma média de 0,495, valor maior do que a heterozigosidade esperada ( $H_e$ ) que variou de 0,054 (TsuAc246) a 0,498 (TsuAc221 e TsuAc198) com uma média de 0,367, indicando uma maior quantidade de heterozigotos. O índice de informação ( $I$ ) variou de 0,127 (TsuAc246) a 0,691 (TsuAc221, TsuAc198 e TsuAc308) com média de 0,541 (Tabela 3). Em contraste, o índice de fixação ou coeficiente de endogamia ( $F$ ) variou de -0,889 (TsuAc221 e TsuAc198) a 0,866 (TsuAc259), com uma média geral de -0,28, reafirmando a alta proporção de heterozigotos.

Tabela 3: Parâmetros de diversidade para 50 marcadores microssatélites avaliados em 18 acessos de abacaxi

| Lócus    | Na    | I     | Ho    | He    | F      |
|----------|-------|-------|-------|-------|--------|
| AJ845060 | 2,000 | 0,687 | 0,667 | 0,494 | -0,350 |
| CO731629 | 2,000 | 0,615 | 0,500 | 0,424 | -0,178 |
| TsuAc280 | 2,000 | 0,530 | 0,444 | 0,346 | -0,286 |
| TsuAc283 | 2,000 | 0,349 | 0,222 | 0,198 | -0,125 |
| TsuAc285 | 2,000 | 0,562 | 0,500 | 0,375 | -0,333 |
| TsuAc302 | 2,000 | 0,133 | 0,059 | 0,057 | -0,030 |
| TsuAc309 | 2,000 | 0,466 | 0,353 | 0,291 | -0,214 |
| TsuAc334 | 2,000 | 0,679 | 0,722 | 0,486 | -0,486 |
| TsuAc335 | 2,000 | 0,685 | 0,875 | 0,492 | -0,778 |
| DT336954 | 2,000 | 0,679 | 0,833 | 0,486 | -0,714 |
| EP-06    | 2,000 | 0,687 | 0,333 | 0,494 | 0,325  |
| EP-24    | 2,000 | 0,668 | 0,444 | 0,475 | 0,065  |
| TsuAc337 | 2,000 | 0,530 | 0,444 | 0,346 | -0,286 |
| TsuAc339 | 2,000 | 0,654 | 0,722 | 0,461 | -0,565 |
| TsuAc329 | 2,000 | 0,215 | 0,111 | 0,105 | -0,059 |
| EP-13    | 2,000 | 0,679 | 0,833 | 0,486 | -0,714 |
| TsuAc207 | 2,000 | 0,687 | 0,667 | 0,494 | -0,350 |
| TsuAc315 | 2,000 | 0,679 | 0,833 | 0,486 | -0,714 |
| TsuAc319 | 2,000 | 0,133 | 0,059 | 0,057 | -0,030 |
| TsuAc332 | 2,000 | 0,654 | 0,722 | 0,461 | -0,565 |
| ANBR81   | 2,000 | 0,649 | 0,706 | 0,457 | -0,545 |
| TsuAc313 | 2,000 | 0,578 | 0,529 | 0,389 | -0,360 |
| TsuAc323 | 2,000 | 0,403 | 0,278 | 0,239 | -0,161 |
| TsuAc242 | 2,000 | 0,562 | 0,500 | 0,375 | -0,333 |
| TsuAc235 | 2,000 | 0,637 | 0,667 | 0,444 | -0,500 |
| TsuAc237 | 2,000 | 0,298 | 0,059 | 0,161 | 0,634  |
| TsuAc246 | 2,000 | 0,127 | 0,056 | 0,054 | -0,029 |
| TsuAc221 | 2,000 | 0,691 | 0,941 | 0,498 | -0,889 |
| TsuAc203 | 2,000 | 0,668 | 0,778 | 0,475 | -0,636 |
| TsuAc238 | 2,000 | 0,403 | 0,278 | 0,239 | -0,161 |
| TsuAc247 | 2,000 | 0,493 | 0,389 | 0,313 | -0,241 |
| TsuAc263 | 2,000 | 0,466 | 0,353 | 0,291 | -0,214 |
| TsuAc289 | 2,000 | 0,687 | 0,889 | 0,494 | -0,800 |
| TsuAc198 | 2,000 | 0,691 | 0,941 | 0,498 | -0,889 |
| TsuAc258 | 2,000 | 0,686 | 0,294 | 0,493 | 0,404  |
| TsuAc239 | 2,000 | 0,687 | 0,889 | 0,494 | -0,800 |
| TsuAc241 | 2,000 | 0,403 | 0,278 | 0,239 | -0,161 |
| TsuAc243 | 2,000 | 0,615 | 0,611 | 0,424 | -0,440 |
| TsuAc308 | 2,000 | 0,691 | 0,563 | 0,498 | -0,129 |
| TsuAc259 | 2,000 | 0,630 | 0,059 | 0,438 | 0,866  |
| TsuAc260 | 2,000 | 0,215 | 0,111 | 0,105 | -0,059 |
| TsuAc269 | 2,000 | 0,578 | 0,529 | 0,389 | -0,360 |
| TsuAc272 | 2,000 | 0,562 | 0,500 | 0,375 | -0,333 |
| TsuAc322 | 2,000 | 0,677 | 0,588 | 0,484 | -0,214 |

|          |       |       |       |       |        |
|----------|-------|-------|-------|-------|--------|
| TsuAc271 | 2,000 | 0,215 | 0,111 | 0,105 | -0,059 |
| TsuAc192 | 2,000 | 0,615 | 0,611 | 0,424 | -0,440 |
| TsuAc284 | 2,000 | 0,493 | 0,389 | 0,313 | -0,241 |
| TsuAc343 | 2,000 | 0,679 | 0,833 | 0,486 | -0,714 |
| TsuAc348 | 2,000 | 0,562 | 0,500 | 0,375 | -0,333 |
| ANBR58   | 2,000 | 0,418 | 0,176 | 0,251 | 0,297  |

Notas: Na = N° de alelos diferentes; I = Índice de informação de Shannon; Ho = Heterozigosidade observada; He = Heterozigosidade esperada; F = Índice de fixação.

O poder discriminatório dos marcadores estimados para cada indivíduo (Tabela 4), mostrou que a heterozigosidade observada (Ho) variou de 0,40 a 0,62, sendo o maior valor observado em BRS Imperial (0,62) e o menor em Cabeça de Onça (0,40), com uma média de 0,50. Os valores de PIC variaram entre 0,32 e 0,36, com uma média de 0,34. O índice de fixação (F) apresentou valores quase predominantemente negativos nos genótipos analisados, variando de -0,35 (BRS Imperial) a 0,11 (Cabeça de Onça) com uma média de -0,11 comportamento esperado, tendo em vista que a maioria dos acessos analisados são híbridos. Dos 50 loci utilizados para as estimativas de diversidade, apenas 30 seriam suficientes para aferir a diversidade genética da população estudada (Figura 3).

Tabela 4: Parâmetros de diversidade dos 50 marcadores microsatélites avaliados para cada um dos 18 acessos de abacaxi

| Genótipo            | Ho   | PIC  | F     |
|---------------------|------|------|-------|
| Pérula              | 0,47 | 0,36 | 0,01  |
| Jupi                | 0,46 | 0,35 | 0,02  |
| Gigante de Tarauacá | 0,49 | 0,34 | -0,10 |
| Smooth Cayenne      | 0,52 | 0,33 | -0,23 |
| Cabeça de Onça      | 0,40 | 0,34 | 0,11  |
| BRS Imperial        | 0,62 | 0,35 | -0,35 |
| BRS Vitória         | 0,61 | 0,36 | -0,31 |
| BRS Ajubá           | 0,52 | 0,34 | -0,19 |
| IAC Fantástico      | 0,50 | 0,33 | -0,20 |
| IAC Gomo de Mel     | 0,55 | 0,35 | -0,22 |
| MD-2                | 0,48 | 0,35 | -0,06 |
| Unemat-10           | 0,46 | 0,35 | 0,01  |
| Unemat-21           | 0,44 | 0,34 | 0,00  |
| Unemat Esmeralda    | 0,52 | 0,33 | -0,23 |
| Unemat-42           | 0,48 | 0,35 | -0,06 |
| Unemat Rubi         | 0,45 | 0,32 | -0,09 |
| Unemat 123          | 0,49 | 0,35 | -0,07 |
| Unemat-125          | 0,46 | 0,34 | -0,07 |

Notas: Ho = Heterozigosidade observada; PIC = Conteúdo de Informação Polimórfica; F = Índice de fixação.

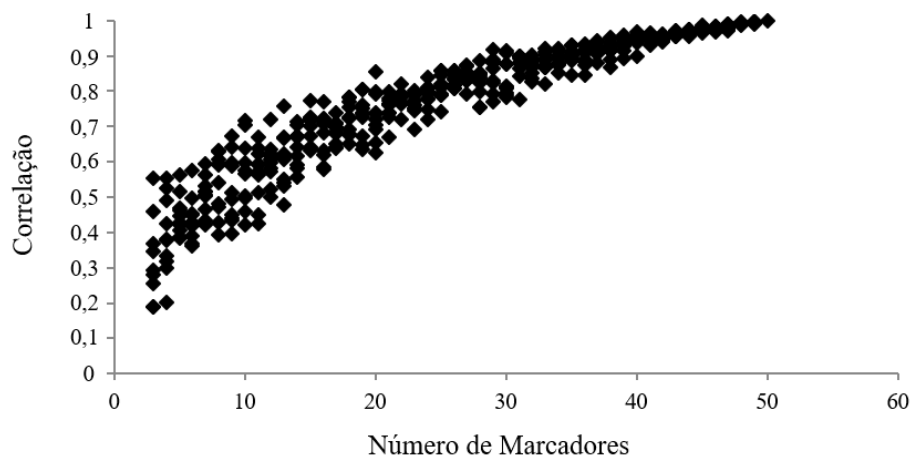


Figura 3: Número ótimo de marcadores microsatélites analisados em 18 acessos de abacaxizeiro.

## II. *Estimativas de dissimilaridade genética*

O resultado da análise de correlação cofenética indicou uma associação de 0,74 entre a matriz de distância e a matriz de dissimilaridade. O resultado da correlação cofenética e os valores de bootstrap mostrados no dendrograma indicam quão robustos são os diferentes agrupamentos (Figura 4).

De acordo com o dendrograma, utilizando o método UPGMA, os 18 acessos de abacaxi foram claramente agrupados em dois grupos principais e um grupo individual, sendo o grupo I composto pela cultivar Cabeça de Onça, destacado pela cor azul. O grupo II, em verde, é composto pelos acessos Gigante de Tarauacá, Pérola, Jupi, Unemat 10, 21 e 42. O grupo III, em vermelho, contém o maior número de indivíduos, sendo formado por MD-2, BRS Ajubá, BRS Imperial, BRS Vitória, Smooth Cayenne, IAC Fantástico, IAC Gomo de Mel, Unemat Rubi, Unemat Esmeralda, Unemat 123 e 125.

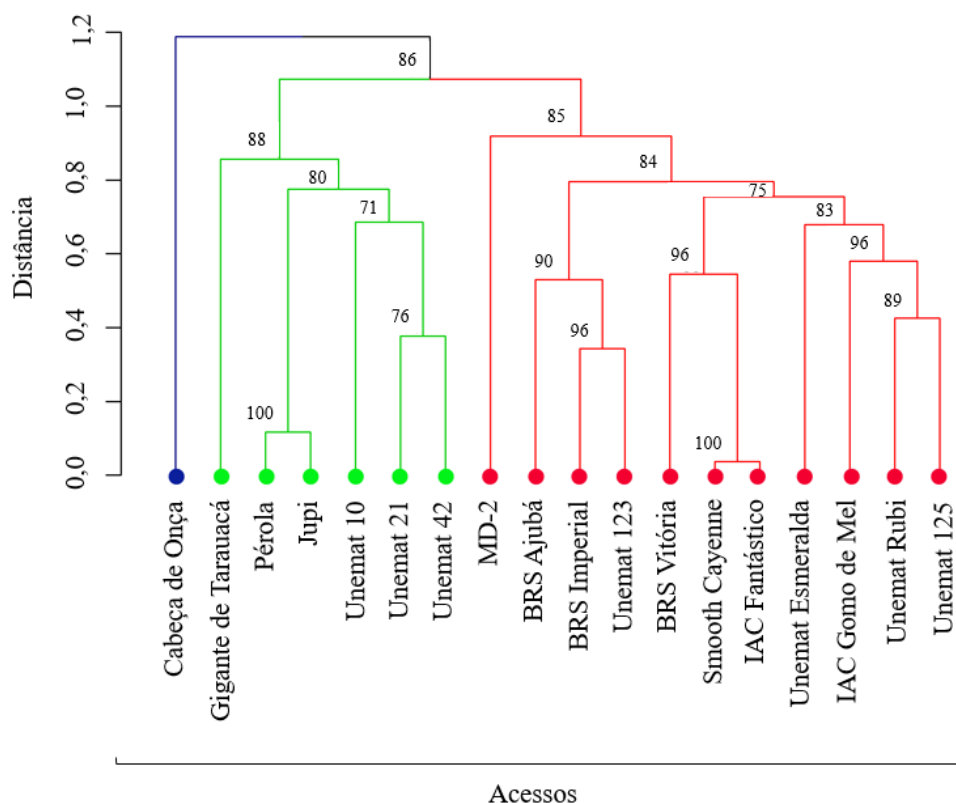


Figura 4: Dendrograma de agrupamento dos acessos de abacaxi usando o método UPGMA com base na matriz de distância pelo índice ponderado. Os números acima de cada nó no dendrograma correspondem aos valores para formação de agrupamentos com base em amostragem por bootstrap, feito pelo pacote Pvcust do software R.

### III. Análise de Estrutura

A análise bayesiana, realizada com 10 execuções para cada valor de K variando de 1 a 5, determinou  $K = 2$  como o número ótimo de grupos genéticos. Esse resultado foi validado pelo pico de  $\Delta K = 1.76$  (Tabela 5), seguindo o método de Evanno. Apesar da divisão em dois grupos, a separação genética entre eles foi pouco marcada, demonstrando não haver estruturação genética evidente entre eles, conforme ilustrado pelo gráfico de dispersão (Figura 5). Da mesma forma, na distribuição das probabilidades de associação, a maioria dos indivíduos exibiu proporções similares de pertencimento aos dois grupos, sugerindo mistura genética (Figura 6 e Tabela 1 do material suplementar).

Tabela 5: Saída da tabela Evanno gerada por STRUCTURE SELECTOR da análise de agrupamento para cada K mostrando o número de populações mais provável em 18 acessos de abacaxizeiro

| K | Reps | Mean LnP(K) | Stdev LnP(K) | Ln'(K)   | Ln'(K)  | Delta K |
|---|------|-------------|--------------|----------|---------|---------|
| 1 | 10   | -990.35000  | 1.08141      | -        | -       | -       |
| 2 | 10   | -991.34000  | 1.08546      | -0.99000 | 1.92000 | 1.76884 |
| 3 | 10   | -990.41000  | 2.18095      | 0.93000  | 1.36000 | 0.62358 |
| 4 | 10   | -990.84000  | 1.43388      | -0.43000 | 0.40000 | 0.27896 |
| 5 | 10   | -990.87000  | 0.83407      | -0.03000 | -       | -       |

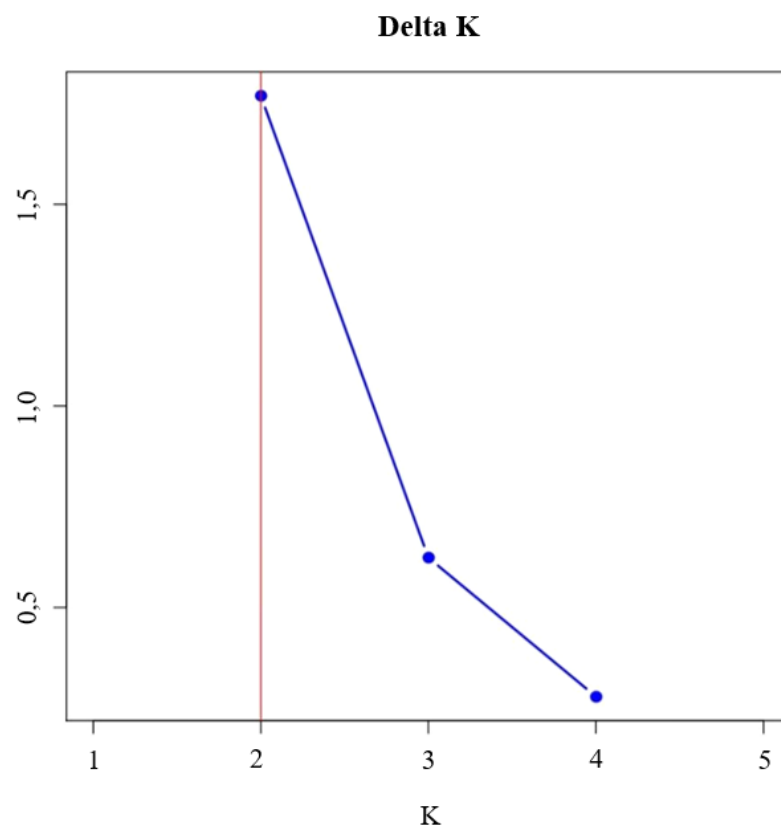


Figura 5: Representação gráfica de dispersão para determinar o valor verdadeiro de K de acordo com as informações dos 50 loci SSR utilizados em 18 acessos de abacaxizeiro.

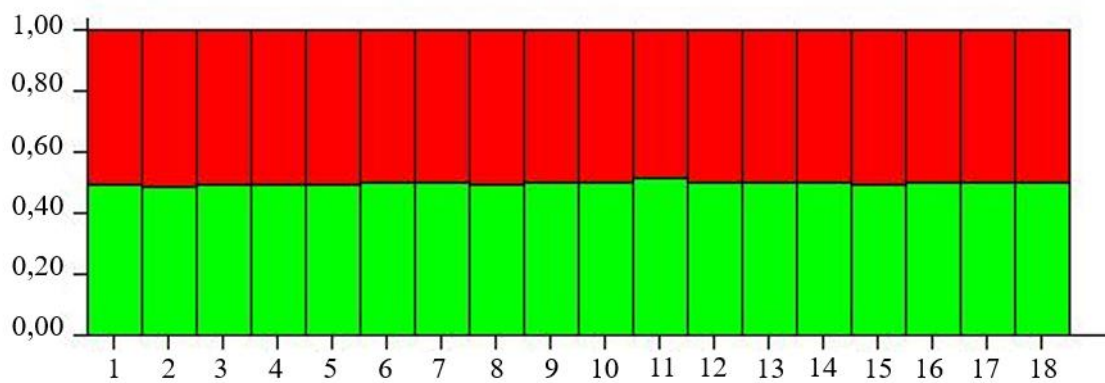


Figura 6: Estruturação genética do gráfico de barras de  $K = 2$  dos 18 acessos de abacaxizeiro obtida pelo software STRUCTURE versão 2.3.4.

#### ***IV. Estimativa de parentesco***

As estimativas de parentesco relativo em pares, baseadas nos dados microssatélites, mostraram que aproximadamente 64,71% dos acessos apresentaram relações de parentesco iguais a 0,2, e 22,22% deles mostraram valor de 0,3. Apenas 13,07% das relações ficaram entre os valores 0 e 0,1, representando uma baixa porcentagem de indivíduos não aparentados ou que possuem parentesco distante. (Figura 7)

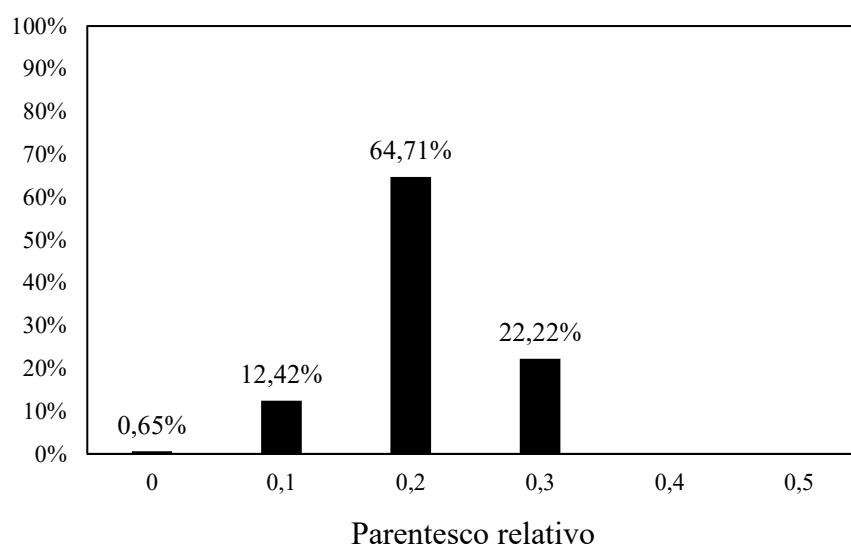


Figura 7: Distribuição dos coeficientes de parentesco em pares para os acessos de abacaxizeiro.

## 5. DISCUSSÃO

A escolha de estratégias eficientes para o melhoramento de plantas está intimamente ligada ao conhecimento prévio da distribuição de sua variabilidade genética. O potencial de identificar um genótipo superior eleva a estimativa adequada da diversidade em um determinado conjunto populacional (Singh *et al.*, 2022). Portanto, este estudo fornece resultados úteis para a conservação e gestão dos recursos genéticos de abacaxi, assim como a exploração para o programa de melhoramento genético da Unemat.

A genotipagem realizada nos acessos de abacaxi do presente estudo confirmou a eficácia dos primers utilizados, que se mostraram informativos para a análise da diversidade genética. Ainda que o valor médio de alelos por locus não tenha variado, estudos semelhantes a esse, como o de Kinsuat e Kumar (2007), ao analisarem 70 acessos de abacaxi com 20 loci polimórficos, observaram uma média de 2,18 alelos por locus. Adjé *et al.*, (2024) utilizaram 57 acessos e 10 loci polimórficos, encontrando uma média de 2,3 alelos por locus.

Essa baixa variabilidade de alelos por locus pode ser uma característica tanto dos genótipos analisados, indicando uma base genética estreita, ou devido ao seu pequeno tamanho populacional, já que a frequência estimada do alelo é bastante influenciada pelo número de plantas presentes na população, tendendo a se elevar com o aumento do tamanho da amostra (Sousa *et al.*, 2022). Com isso, os resultados observados podem sugerir que a variabilidade alélica utilizando loci SSR em cultivares de abacaxi é relativamente baixa, podendo refletir a estreita base genética entre os acessos avaliados, já que, mesmo com estudos utilizando um maior número de acessos em comparação a esse, a variação na quantidade alélica manteve-se limitada em todos os casos.

O índice de fixação é um dos parâmetros mais importantes na genética populacional, pois mede o equilíbrio entre homozigotos e heterozigotos em populações, podendo haver uma variação de -1 a 1. Valores próximos a zero sugerem acasalamento aleatório; valores negativos indicam excesso de heterozigosidade e ausência de endogamia para aquele locus na população analisada; enquanto valores positivos altos apontam endogamia (Peakall; Smouse, 2012).

Conforme nossos resultados, 45 loci (90%) apresentaram valores negativos de fixação, indicando excesso de heterozigotos, o que condiz com a heterozigosidade observada ( $H_o$ ), que foi superior à esperada em 44 loci (88%). Quando o valor da  $H_o$  é superior ao esperado, isso pode indicar um excesso de heterozigotos na população em comparação ao modelo de equilíbrio de Hardy-Weinberg (De Moura *et al.*, 2009). Esse excesso de heterozigotos é consistente com a biologia reprodutiva do abacaxi (*Ananas comosus*), já que é uma espécie alógama e

autoincompatível, na qual se espera naturalmente maior frequência de heterozigotos devido à sua necessidade de cruzamento (Sanewski; Bartholomew; Paull, 2018).

No entanto, uma exceção foi observada para o locus ANBR58, que apresentou a heterozigosidade observada significativamente inferior à esperada, resultado semelhante ao encontrado no trabalho de Adjé *et al.*, (2023) e Rodriguez *et al.*, (2013), que utilizaram o mesmo loco microssatélite em uma abordagem equivalente à realizada nesse estudo, sugerindo que a consistência desse padrão em diferentes estudos seja uma característica do próprio marcador. Essa repetição sugere que o marcador pode estar sujeito a artefatos técnicos, como a presença de alelos nulos decorrentes de mutações nos sítios de ligação dos primers. Caso confirmado, sua exclusão em análises futuras evitaria distorção nas estimativas de diversidade e estrutura populacional.

O índice de informação é considerado o estimador mais apropriado para descrever variação em loci multialélicos, como os microssatélites (Konopiyski, 2020). Para os 50 pares de primers analisados nesse estudo, 35 loci (70%) excederam 0,5. Segundo os estudos de Botstein *et al.* (1980), um locus é classificado como altamente informativo quando o índice de informação ultrapassa 0,5, moderadamente informativo quando está entre 0,5 e 0,25, e não informativo quando apresenta um valor inferior a 0,25. Essa análise reflete a informatividade de cada locus individualmente, considerando-se todas as cultivares em conjunto, fornecendo uma visão da utilidade geral de cada marcador para estudos de diversidade genética.

Por outro lado, o conteúdo de informação polimórfica (PIC) está intimamente ligado ao número de alelos polimórficos presentes e à frequência com que esses alelos aparecem. Botstein *et al.* (1980) definiram esse parâmetro como altamente informativo quando o valor de PIC é superior a 0,5, razoavelmente informativo quando varia entre 0,25 e 0,50, e pouco informativo quando apresenta valores menores que 0,24. No geral, os SSRs foram classificados como razoavelmente informativos para todas as cultivares avaliadas.

A diferença na classificação entre os dois parâmetros pode ser explicada pela perspectiva da análise. Enquanto o índice de informação avalia o potencial de cada locus considerando toda a população, o PIC é estimado para cada acesso individualmente, considerando todos os loci analisados, podendo ser influenciado pelo número de alelos encontrados. Um número limitado de alelos pode restringir a observação da diversidade alélica completa, resultando em valores de PIC mais baixos. Portanto, mesmo que os loci sejam informativos para analisar a diversidade na população, a aplicação do PIC a um número menor de amostras pode limitar a extensão do polimorfismo observado, levando a uma classificação geral mais conservadora.

As análises de dissimilaridade genética, utilizando-se a distância estimada pelo índice ponderado e o método de agrupamento hierárquico UPGMA, revelaram padrões importantes na variabilidade dos acessos estudados. A maior dissimilaridade foi observada entre os acessos Cabeça de Onça e Gigante de Tarauacá, com um valor de 0,37. Esse resultado, combinado com o fato de compartilharem 63 de 100 alelos nos 50 loci analisados, evidencia que esses dois materiais são geneticamente os mais distantes entre si. Contudo, é importante ressaltar que, apesar de ser o maior valor observado neste estudo, 0,37 ainda é considerado um valor relativamente baixo para uma dissimilaridade marcante, sugerindo que mesmo os acessos mais distantes, ainda apresentam um grau considerável de similaridade em termos de alelos compartilhados.

Em contrapartida, a maior similaridade genética foi entre os acessos Smooth Cayenne e IAC Fantástico, com o valor de 0,94, tendo o compartilhamento de 94 dos 100 alelos em comum encontrados nos 50 loci analisados, indicando que esses dois acessos são geneticamente próximos, o que sugere que eles compartilham uma maior quantidade de características genéticas. No geral, a maioria das comparações apresentou valores de similaridade entre 0,7 e 0,9, o que sugere também que a população analisada é relativamente homogênea em termos genéticos.

A análise de parentesco, através do Parentesco Óbvio (K), complementa os resultados de dissimilaridade e contribui de maneira significativa para orientar estratégias de manejo em bancos de germoplasma, visando evitar a perda de variabilidade genética devido a cruzamentos entre indivíduos aparentados.

Neste estudo, uma proporção significativa dos pares de indivíduos (64,71%) apresentou um valor de 0,2. Esse valor é típico de relações de meios-irmãos (Goudet; Kay; Weir, 2018), indicando que os indivíduos nesses pares compartilham em média um genitor em comum. Além disso, cerca de 22,22% dos pares exibiram um parentesco de 0,3, valor característico de irmãos completos ou relações entre pais e filhos. Nesses casos, espera-se um compartilhamento genético ainda maior, uma vez que valores de K mais próximos de 0,5 refletem relações de parentesco mais estreitas.

Por outro lado, apenas 13,07% dos pares mostraram valores entre 0 e 0,1, caracterizando indivíduos com baixa relação de parentesco ou não aparentados. Essa pequena proporção de indivíduos não aparentados é um reflexo do perfil genético do material estudado. A predominância de relações de parentesco de meios-irmãos e irmãos completos, juntamente com

a alta similaridade observada na análise de dissimilaridade, reforça a ideia de que a população analisada possui uma base genética relativamente estreita.

As relações genéticas entre os acessos, utilizando o agrupamento UPGMA possui uma confiabilidade e robustez dos agrupamentos verificadas por duas frentes: a análise de correlação cofenética e os valores de bootstrap. O resultado da análise de correlação cofenética indicou uma associação de 0,74 o que é considerado bom, indicando que o dendrograma gerado pelo método UPGMA representa de forma fiel as distâncias genéticas originais entre os acessos.

Em complementariedade, a confiabilidade da formação dos grupos é apoiada pelos valores de bootstrap. De acordo com Paz *et al.* (2005), valores de bootstrap mais altos indicam que os nós do dendrograma foram consistentemente encontrados na maioria das amostras reamostradas, conferindo maior suporte estatístico a essas divisões. Nós com valores de 100 foram vistos em alguns ramos, o que indica um suporte muito forte para essas divisões específicas. Em contrapartida, todos apresentaram um valor acima de 70, indicando uma boa consistência.

Dentre os agrupamentos formados, o acesso Cabeça de Onça se destacou como o genótipo mais divergente, apresentando uma dissimilaridade tão acentuada que não se agrupou com nenhum dos outros acessos analisados. Isso sugere que Cabeça de Onça possui uma constituição genética singular dentro do conjunto de materiais estudados.

Os acessos Gigante de Tarauacá, Pérola, Jupi, Unemat 10, 21 e 42 se alocaram no Grupo II. Essa alocação conjunta sugere que esses acessos compartilham uma maior similaridade genética entre si, em comparação com os membros de outros grupos. Semelhante a isso, os que compõem o grupo III também se mostraram geneticamente similares, evidenciando um certo padrão entre a maioria deles. Como mencionado acima, boa parte dos materiais apresentaram um grau de semelhança genética significativa, e no caso do grupo III, que contém 11 dos 18 acessos analisados, é algo esperado, tendo em vista que a maioria dos genótipos da coleção de germoplasma do programa de melhoramento da Unemat, são derivados de cruzamentos com a cultivar Smooth Cayenne.

Já a abordagem bayesiana indicou que a população foi subdividida em dois grupos genéticos. De acordo com o critério de Evanno, Regaut e Goudet (2005), o valor ótimo de K foi determinado quando  $k = 2$ , correspondendo ao ponto de maior variação da taxa de verossimilhança entre valores consecutivos de K. Além disso, a análise também demonstrou que não houve estruturação clara entre os acessos, o que sugere que os indivíduos compartilham os mesmos alelos com uma pequena variação em sua frequência para alguns genótipos.

A maioria dos genótipos apresentou valores de adesão muito próximos entre os dois clusters, com probabilidades na faixa de 49% – 51% ou 50% – 50%. A mistura genética observada está alinhada à história de melhoramento genético da espécie, uma vez que híbridos são frequentemente desenvolvidos a partir de cruzamentos entre cultivares, e a ausência de uma estruturação genética clara na abordagem Bayesiana dialoga diretamente com os resultados da análise de parentesco. O gráfico de barras de estrutura (Figura 6) ilustra essa divisão, mostrando a composição de cada genótipo em relação aos dois grupos.

Esses resultados reforçam a noção de uma base genética estreita entre as cultivares de abacaxi utilizadas nesse trabalho e para o conjunto de loci analisados, podendo limitar o potencial de obtenção de novas variedades com características superiores, como resistência a doenças, tolerância a estresses ambientais e melhorias na qualidade dos frutos e produtividade, implicando a necessidade de introduzir novos materiais genéticos no programa de melhoramento da Unemat.

A obtenção de dois grupos é suficiente para ajudar a direcionar os próximos cruzamentos entre genótipos. Considerando os diferentes tipos de análise, os cruzamentos preferenciais são indicados para genótipos que estejam em grupos diferentes, pois são mais distantes geneticamente, o que aumentará o vigor. Além disso, deve-se observar também o número de alelos avaliados e compartilhados entre eles, selecionando os mais divergentes.

## **6. CONCLUSÃO**

Houve variabilidade na população, que se estruturou em três grupos distintos pelo agrupamento UPGMA e em dois grupos pela análise bayesiana.

O índice de Shannon confirmou a eficiência dos primers utilizados, demonstrando sua capacidade informativa para estimar a divergência genética na população.

O acesso Cabeça de Onça se destacou como o mais divergente, sendo indicado para cruzamentos feitos com o intuito de manter a variabilidade genética. A análise de parentesco revelou elevada incidência de indivíduos aparentados e nenhuma duplicidade.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADJE, Charlotte et al. Genetic diversity and structure of Benin pineapple (*Ananas comosus* (L) Merr.) germplasm collection using Simple Sequence Repeat (SSR) markers. **Journal of Plant Molecular Breeding**, v. 11, n. 2, p. 94-106, 2023. <https://doi.org/10.22058/JPMB.2024.2024521.1297>
- BENZING, David H. et al. **Bromeliaceae: profile of an adaptive radiation**. New York: Cambridge University, 2000. 690p.
- BERNARDES, Paula Mauri et al. Vegetative and reproductive performance of species of the genus *Passiflora*. **Scientia Horticulturae**, v. 265, p. 109193, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109193>
- BEZERRA, Carlos Misael et al. Guava breeding via full-sib family selection: conducting selection cycle and divergence between parents and families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, p. e256520112, 2020.
- BOTSTEIN, David et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American journal of human genetics**, v. 32, n. 3, p. 314, 1980. PMCID: PMC1686077 PMID: [6247908](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6247908/)
- BRITO, Carlos Alexandre Koguishi et al. Caracterização físico-química, enzimática e aceitação sensorial de três cultivares de abacaxi. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, v. 2, n. 2, 2008. [doi.org/10.3895/S1981-36862008000200001](https://doi.org/10.3895/S1981-36862008000200001)
- BURNER, David M.; PAN, Yong-Bao.; WEBSTER, Robert D. Genetic diversity of North American and Old World *Saccharum* assessed by RAPD analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 44, p. 235–240, 1997.
- CABRAL JRS, MATOS AP, JUNGHANS DT e SOUZA FVD (2009) Melhoramento genético do abacaxi no Brasil. **Acta Horticulturae** 822: 39-46.
- CABRAL, J. R. S.; MATOS, A. P. **BRS Ajubá, nova cultivar de abacaxi**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2008. 4p. (Comunicado Técnico, 126).
- CABRAL, J. R. S.; MATOS, A. P. de ; COPPENS D' EECKENBRUGGE, G. Segregation for resistance to fusariose, leaf margin type, and leaf colour from the EMBRAPA pineapple hybridization programme. **Acta Horticulturae**, Wageningen, v.425, p. 193-200, 1997.
- CABRAL, J. R. S.; MATOS, AP de. **Imperial, nova cultivar de abacaxi**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2005. 4p. (Comunicado Técnico, 114).
- CABRAL, J.R.S.; MATOS, A.P.; JUNGHANS, D.T.; SOUZA, F.V.D. Pineapple genetic improvement in Brazil. In: **VI International Pineapple Symposium**, 2007, João Pessoa. Anais do VI International Pineapple Symposium, 2007. p. 44-45
- CERQUEIRA-SILVA, Carlos Bernard M. et al. Genetic breeding and diversity of the genus *Passiflora*: progress and perspectives in molecular and genetic

studies. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 15, n. 8, p. 14122-14152, 2014. doi:[10.3390/ijms150814122](https://doi.org/10.3390/ijms150814122)

COLLINS, Julius Lloyd. History, taxonomy and culture of the pineapple. **Econ. Bot.** 3: 335–359, 1949.

COLLINS, Julius Lloyd. The pineapple. Botany, cultivation and utilization. New York, Interscience Publishers, 1960.

COPPENS D'EECKENBRUGGE, G.; LEAL, Freddy.; DUVAL, Marie-France. Germplasm resources of pineapple. **Hort. Rev.** 21: 133–175, 1997.

CRESTANI, Maraisa et al. Das Américas para o Mundo: origem, domesticação e dispersão do abacaxizeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1473-1483, 2010.

CRUZ, Cosme Damião. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 35(3):271-276.

CRUZ, Cosme Damião.; REGAZZI, Adair. José; CARNEIRO, Pedro. Crescêncio. Souza. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p

CRUZ, Cosme Damião.; FERREIRA, Fábio Medeiros.; PESSONI, Luiz Alberto. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. 2ª. Ed. **Visconde do Rio Branco: Suprema**, 2020. 626p.

CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. **Visconde do Rio Branco: Suprema**, v. 620, 2011.

CRUZ, Cosme Damião. **Princípios de Genética Quantitativa**. 1. ed. 2. reimpressão. Viçosa: UFV, 2012

D'EECKENBRUGGE, Geo Coppens et al. Ananas. In: **Wild crop relatives: genomic and breeding resources: tropical and subtropical fruits**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2011. p. 21-41.

DE MOURA, Tânia Maria. et al. Diversidade e estrutura genética espacial em populações fragmentadas de *Solanum* spp do Cerrado, estimadas por meio de locos microsatélites. In: **Sci. Forum**. 2009. p. 143-150.

DOYLE, Jeff; DOYLE, Jessica Leigh. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Aurora, v.12, p.13-15, 1990.

DUVAL, Marie-France et al. (1997). *FIRST RESULTS FROM JOINT EMBRAPA-CIRAD ANANAS GERMPLASM COLLECTING IN BRAZIL AND FRENCH GUYANA*. **Acta Horticulturae**, (425), 137–144. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1997.425.14>

DUVAL, Marie-France.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G. Genetic variability in the genus *Ananas*. In: **I International Pineapple Symposium 334**. 1993. p. 27-32. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1993.334.2>

DUVAL, Marie-France et al. 1996. First results from joint EMBRAPA – CIRAD Ananas germplasm collecting in Brazil and French Guyana. **Acta Hort.** 425:137–144.

EVANNO, Guillaume; REGNAUT, Sebastien; GOUDET, Jérôme. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>

FAO. 2024. **Estatísticas de produção agrícola 2010–2023**. FAOSTAT Analytical Brief 96. Roma. Disponível em: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/df90e6cf-4178-4361-97d4-5154a9213877/content>. Acesso em: 17 mar. de 2025.

FAO. **Faostat: Crosp and livestock products**. Roma: FAO, 2023. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 09 jun. 2024.

FÁVERO, Carolinne. S. et al. DETECÇÃO DE BEAUVERICINA EM FRUTOS DE ABACAXI INFECTADOS POR *Fusarium guttiforme* POR HPLC-DAD E MALDI-FT-ICR MS. **Química Nova**, v. 47, n. 5, p. e-20230136, 2024.

FENG, Suping et al. Development of pineapple microsatellite markers and germplasm genetic diversity analysis. **BioMed Research International**, v. 2013, n. 1, p. 317912, 2013. <https://doi.org/10.1155/2013/317912>

FERREIRA, Crystianne Bentes Barbosa et al. Diversidade genética molecular de progênes de dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, p. 378-384, 2012.

FRANCO, Lidiane Rodrigues Londe et al. Crescimento, produção e qualidade do abacaxizeiro ‘Pérola’ sob diferentes lâminas de irrigação. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 2, p. 132-140, 2014.

FREITAS, Angelica Padilha et al. Agronomic performance and fruit sensory and quality analyses of pineapple cultivars. **Comunicata Scientiae**, [S. l.], v. 15, p. e4193, 2024. DOI: 10.14295/cs.v15.4193. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/4193>. Acesso em: 7 may. 2025.

GALEANO, Edileuza Aparecida Vital.; VENTURA, José Aires. Análise comparativa de custos de produção e avaliação econômica dos abacaxis ‘Vitória’, ‘Pérola’ e ‘Smooth Cayenne’. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 61, p. 1-7, 2018.

GIACOMELLI, E. J.; TEÓFILO SOBRINHO, J. Seleção preliminar de algumas cultivares de abacaxizeiro resistente à fusariose. In: **Congresso Brasileiro de Fruticultura**. 1983. p. 145-161.

GOUDET, Jérôme; KAY, Tomas; WEIR, Bruce S. How to estimate kinship. **Molecular ecology**, v. 27, n. 20, p. 4121-4135, 2018.

HAMRICK, J. L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, v. 69, n. 10, p. 1685-1693, 1982. <https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1982.tb13421.x>

HARDY, OJ; VEKEMANS, X. spagedi: Um programa de computador versátil para analisar a estrutura genética espacial nos níveis individual ou populacional. *Mol. Ecol. Notas* 2002, 2, 618–620.

HAYATI, Risyda; KASIAMDARI, Rina Sri. Genetic Diversity of Indonesian Pineapple (*Ananas comosus* (L.) Merr.) Cultivars Based on ISSR Markers. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science**, v. 47, n. 4, 2024.

HOFFMANN, Lúcia Vieira.; BARROSO, Paulo Augusto Vianna. **Marcadores moleculares como ferramentas para estudos de genética de plantas**. 2006.

**IBGE**. *Produção Agropecuária: Abacaxi*. Rio de Janeiro: IBGE, [2025]. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/abacaxi/br>. Acesso em: 27 maio 2025.

INCE, Ayse Gul; KARACA, Mehmet; ONUS, Ahmet Naci. Polymorphic microsatellite markers transferable across Capsicum species. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 28, p. 285-291, 2010.

ISMAIL, Siti Norhayati. et al. Diversidade genética do germoplasma de abacaxi (*Ananas comosus*) na Malásia usando marcadores de repetição de sequência simples (SSR). **Tropical life sciences research** , v. 31, n. 3, p. 15, 2020. <https://doi.org/10.21315/tlsr2020.31.3.2>

KALIA, Rajwant K. et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, v. 177, n. 3, p. 309-334, 2011. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0286-9>

KINSUAT, M. J.; KUMAR, S. V. Polymorphic microsatellite and cryptic simple repeat sequence markers in pineapples (*Ananas comosus* var. *comosus*). **Molecular Ecology Notes**, v. 7, n. 6, p. 1032-1035, 2007. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01764.x>

KONOPÍŃSKI, Maciej K. Shannon diversity index: a call to replace the original Shannon's fórmula with unbiased estimator in the population genetics studies. **PeerJ**, v. 8, p. e9391, 2020. <https://10.7717/peerj.9391>

KRAUSE, Willian et al. Unemat Esmeralda: A new fusariosis-resistant spineless pineapple cultivar. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 25, n. 1, p. e503925111, 2025.

KUMAR, P. et al. Potential of molecular markers in plant biotechnology. **Plant omics**, v. 2, n. 4, p. 141-162, 2009. <https://search.informit.org/doi/10.3316/informit.090706285698938>

LEMOES, O. F. et al. Efeito de reguladores de crescimento na multiplicação in vitro de brotos de abacaxizeiro. 1998.

Li YL, Liu JX (2018) StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, 18:176–177.

LIN, Y. S. et al. Cultivar identification and genetic relationship of pineapple (*Ananas comosus*) cultivars using SSR markers. *Genet Mol Res*, v. 14, n. 4, p. 15035-43, 2015.

LIU, K. (2005). PowerMarker: new genetic data analysis software. Version 3.0. <http://www.powermarker.net>.

LOISELLE, Bette A; NASON, John.; GRAHAM, Catherine. Estrutura genética espacial de um arbusto de sub-bosque tropical. *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *Sou. J. Bot.* 1995, 82, 1420–1425.

MAKARANGA, Abdalah et al. Diversity and genetic identity of pineapple [*Ananas comosus* (L.) Merr.] in Tanzania based on microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology*, v. 17, n. 26, p. 811-817, 2018.

MALHEIROS, Angélica Costa. **Análise da diversidade e estrutura genética em uma população de melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 25 f. 2024. (Dissertação - Mestra em genética e melhoramento de plantas).

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F1 hybrids. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto: v.3, p.453-460, 1983.

MATOS, Aristóteles Pires et al.. **Monitoramento da fusariose em plantios de abacaxi 'Pérola' conduzidos em sistema de produção integrada no Estado do Tocantins.** Embrapa Mandioca e Fruticultura-Documents (INFOTEC-A-E), 2009.

MATOS, Aristoteles Pires; CABRAL, José Renato Santos. Evaluation of pineapple genotypes for resistance to *Fusarium subglutinans*. In: **V International Pineapple Symposium 702**. 2005. p. 73-77.

MEDINA, J. C. A cultura do abacaxi. **MEDINA, JC et al. Frutas tropicais**, v. 2, p. 06-68, 1978.

NASHIMA, Kenji et al. SSR markers developed using next-generation sequencing technology in pineapple, *Ananas comosus* (L.) Merr. *Breeding Science*, v. 70, n. 3, p. 415-421, 2020. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.19158>

NUNES, Leila Moura Soares; DE SOUZA ABUD, Ana Karla. Propriedade intelectual de cultivares frutícolas e olerícolas no Brasil. *Research, Society and Development*, v. 11, n. 2, p. e59011226162-e59011226162, 2022.

OLIVEIRA, A.M.G.; JUNGHANS, D.T.; SASAKI, F.F.C.; REINHARDT, D.H.R.C.; LEDO, C.A. da S. Behavior of *fusarium* resistant pineapple hybrids in the extreme south of the state of Bahia, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.59, e03735, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2024.v59.03735>.

OGATA, Tatsushi et al. Current status of tropical fruit breeding and genetics for three tropical fruit species cultivated in Japan: pineapple, mango, and papaya. **Breeding Science**, v. 66, n. 1, p. 69-81, 2016. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.66.69>

PARIDA, Swarup. K. et al. Functionally relevant microsatellites in sugarcane unigenes. **BMC plant biology**, v. 10, n. 1, p. 251, jan. 2010.

PAULL, Robert E.; BARTHOLOMEW, Duane P.; CHEN, Ching-Cheng. Pineapple breeding and production practices. **Handbook of Pineapple Technology: Production, Postharvest Science, Processing and Nutrition**, p. 16-38, 2017.

PAZ, Ermis Yanes et al. AFLP characterization of the Mexican pineapple germplasm collection. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 130, n. 4, p. 575-579, 2005.

PAZ, Ermis Yanes et al. Genetic diversity of Cuban pineapple germplasm assessed by AFLP Markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 104-110, 2012.

PEAKALL, R. and SMOUSE P.E. (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics** 28, 2537-2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>. Número de identificação pessoal: 22820204

PEREIRA, CÍCERO DONIZETE; KERR, WARWICK ESTEVAM. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE DOZE GENÓTIPOS DE ABACAXIZEIRO (Ananas comosus L, Merrill.) ESTIMADA POR ANÁLISE DE MARCADORES RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, p. 335-338, 2001.

PEREIRA, E. M. et al. Elaboração e qualidade de geleia e compota de abacaxi “pérola”. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 10, n. 1, p. 23, 2015.

PRITCHARD, Jonathan K.; STEPHENS, Matthew; DONNELLY, Peter. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>

R Core Team (2024). **\_R: A Language and Environment for Statistical Computing\_**. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>

RAO, NK Srinivasa; SWAMY, R. Dore; CHACKO, E. K. Differentiation of plantlets in hybrid embryo callus of pineapple. **Scientia Horticulturae**, v. 15, n. 3, p. 235-238, 1981.

RAUSCHER, Gilda; SIMKO, Ivan. Development of genomic SSR markers for fingerprinting lettuce (Lactuca sativa L.) cultivars and mapping genes. **BMC plant biology**, v. 13, p. 1-11, 2013.

RODRÍGUEZ, D. et al. Polymorphic microsatellite markers in pineapple (Ananas comosus (L.) Merrill). **Scientia Horticulturae**, v. 156, p. 127-130, 2013. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2013.03.026>

ROSMANIA et al. Pineapple genetic diversity in Riau peat land assessed by random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker. **IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci.** **1114** 012020 2022. DOI 10.1088/1755-1315/1114/1/012020

SANEWSKI, G. M.; D'EECKENBRUGGE, G. C.; JUNGHANS, D. T. Varieties and breeding. In: SANEWSKI G. M.; BARTHOLOMEW D. P.; PAULL R. E. (Eds) **The Pineapple: Botany, Production and Uses**, 2nd Ed. p. 42-84, 2018. doi:10.1079/9781786393302.0000

SCHERER, R. F. et al. Gigante de Tarauacá: A triploid pineapple from Brazilian Amazonia. **Scientia Horticulturae**, v. 181, p. 1-3, 2015.

SHARMA, Pradeep et al. Development and validation of heat-responsive candidate gene and miRNA gene based SSR markers to analysis genetic diversity in wheat for heat tolerance breeding. **Molecular Biology Reports**, v. 48, n. 1, p. 381-393, 2021. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-06059-1>

SHODA, Moriyuki et al. DNA profiling of pineapple cultivars in Japan discriminated by SSR markers. **Breeding Science**, v. 62, n. 4, p. 352-359, 2012. <https://doi.org/10.1270/jsbbs.62.352>

SILVA, Dayane Castro. et al. Genetic divergence in Brazilian varietal pineapple hybrids. **CEP**, v. 14090, p. 190. 2023.

SILVA, Dayane Castro et al. Pineapple breeding: development of new pineapple cultivars without leaf spines and resistant to fusariosis. **Euphytica**, v. 220, n. 8, p. 135, 2024. <https://doi.org/10.1007/s10681-024-03363-w>

SILVA, Dayane Castro. **Divergência genética em progênies de abacaxizeiro e seleção de clones superiores resistentes a fusariose**. 112 f. 2023. (Tese - Doutorado em Biotecnologia e Biodiversidade).

SILVA, S.; TASSARA, H. Abacaxi. **Silva, S., & Tassara, H. Frutas no Brasil. São Paulo: Nobel**, p. 25-27, 2001.

SILVA, Dayane Castro et al. 'Unemat Rubi', a new spineless pineapple cultivar and resistant to fusariosis for the international market. **Scientific Reports**, v. 15, n. 1, p. 1-15, 2025.

SINGH, K. H. et al. Molecular characterization and genetic diversity analysis in Indian mustard (*Brassica juncea* L. Czern & Coss.) varieties using SSR markers. **Plos one**, v. 17, n. 8, p. e0272914, 2022. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0272914>

SOUSA, Priscila et al. Coffea canephora: Heterotic Crosses Indicated by Molecular Approach. **Plants**, v. 11, n. 22, p. 3023, 2022. <https://doi.org/10.3390/plants11223023>

SOUZA, Fernanda Vidigal Duarte et al. Manual de gestão do banco ativo de germoplasma de abacaxi. 2021.

SUZUKI, Ryota; SHIMODAIRA, Hidetoshi. Pvcust: an R package for assessing the uncertainty in hierarchical clustering. **Bioinformatics**, v. 22, n. 12, p. 1540-1542, 2006. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl117>

TEIXEIRA, C. A. D. **Sistema de produção para a cultura do abacaxi no estado de Rondônia**. 2020.

VENTURA, J. A.; CABRAL, J. R. S.; MATOS, A. P.; COSTA, H. 'Vitoria': new pineapple cultivar resistant to fusariose. **Acta Horti**, v. 882, p. 51–56, 2009.

VENTURA, JA et al. 'Vitória': nova cultivar de abacaxi resistente à fusariose. In: **VI Simpósio Internacional do Abacaxi 822** . 2007. p. 51-56.

WANG, Jian-sheng et al. Genetic diversity in various accessions of pineapple [*Ananas comosus* (L.) Merr.] using ISSR and SSR markers. **Biochemical genetics**, v. 55, p. 347-366, 2017.

ZHAO, Heming; QIN, Yuan. Genetic diversity of pineapple. **Genetics and genomics of pineapple**, p. 51-59, 2018.

ZHOU, Lin et al. Developing single nucleotide polymorphism markers for the identification of pineapple (*Ananas comosus*) germplasm. **Horticulture research**, v. 2, 2015.

## APÊNDICE

Resumo dos principais padrões de estrutura genética identificados pelo CLUMPAK (Main Pipeline) a partir dos dados de abacaxizeiros analisados:

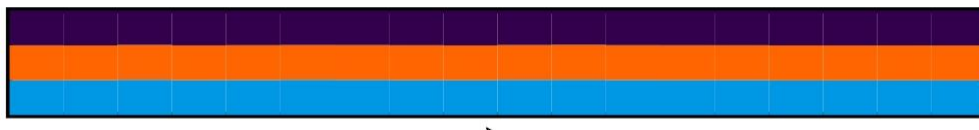
K=1 - 10/10, média (LnProb) = -990.350, média (pontuação de similaridade) = 1.000



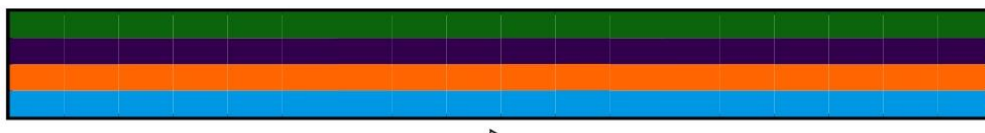
K=2 - 10/10, média (LnProb) = -991.340, média (pontuação de similaridade) = 0.995



K=3 - 10/10, média (LnProb) = -990.410 média (pontuação de similaridade) = 0.996



K=4 - 10/10, média (LnProb) = -990.840 média (pontuação de similaridade) = 0.998



K=5 - 10/10, média (LnProb) = -990.870 média (pontuação de similaridade) = 0.997



Divisão de corridas por modo:

K=1 10/10

K=2 10/10

K=3 10/10

K=4 10/10

K=5 10/10

Tabela 1: A média em porcentagem dos coeficientes de adesão estimados de cada indivíduo ao cluster K inferido para os 18 acessos de abacaxi.

| Indivíduo | Identificação       | Conjunto 1<br>Vermelho | Conjunto 2<br>Verde |
|-----------|---------------------|------------------------|---------------------|
| 1         | Pérola              | 0.50%                  | 0.50%               |
| 2         | Jupi                | 0.50%                  | 0.50%               |
| 3         | Gigante de Tarauacá | 0.49%                  | 0.51%               |
| 4         | Smooth Cayenne      | 0.50%                  | 0.50%               |
| 5         | Cabeça de Onça      | 0.49%                  | 0.51%               |
| 6         | BRS Imperial        | 0.49%                  | 0.51%               |
| 7         | BRS Vitória         | 0.49%                  | 0.51%               |
| 8         | BRS Ajubá           | 0.49%                  | 0.51%               |
| 9         | IAC Fantástico      | 0.50%                  | 0.50%               |
| 10        | IAC Gomo de Mel     | 0.49%                  | 0.51%               |
| 11        | MD-2                | 0.48%                  | 0.52%               |
| 12        | Unemat - 10         | 0.49%                  | 0.51%               |
| 13        | Unemat - 21         | 0.50%                  | 0.50%               |
| 14        | Unemat Esmeralda    | 0.49%                  | 0.51%               |
| 15        | Unemat - 42         | 0.50%                  | 0.50%               |
| 16        | Unemat Rubi         | 0.50%                  | 0.50%               |
| 17        | Unemat - 123        | 0.49%                  | 0.51%               |
| 18        | Unemat -125         | 0.50%                  | 0.50%               |