

## CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE *Psidium guajava* L. POR DESCRITORES FOLIARES

**WAGNER BASTOS DOS SANTOS OLIVEIRA<sup>1</sup>, JOSÉ HENRIQUE SOLER GUILHEN<sup>1</sup>, TIAGO DE SOUZA MARÇAL<sup>1</sup>, MARCIA FLORES FERREIRA<sup>1</sup>, ADESIO FERREIRA<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal do Espírito Santo – Centro de Ciências Agrárias /Departamento de Produção Vegetal, CP 16, 29500-000 Alegre-ES, e-mail: wobastos@yahoo.com.br, zehsg@hotmail.com, tiagosouzamarçal@hotmail.com, mfloressf@gmail.com, adesioferreira@gmail.com.

**Resumo-** O presente estudo visou verificar a diversidade genética entre goiabeiras de propagação espontânea dos municípios de Arco-Íris, Herculândia, Juliânia e Tupã todos de São Paulo com a cultivar comercial Paluma. Foram avaliados 23 genótipos de goiabeiras, sendo 10 da Var. Paluma e 13 de propagação espontânea, os descritores estudados foram: comprimento da folha jovem e da folha adulta; largura da folha jovem e da folha adulta. Os dados dos caracteres morfológicos foram submetidos à análise de variância e avaliada a significância pelo teste F a 1% de probabilidade. Posteriormente, com base nas médias dos caracteres avaliados, foi estimada a distância euclidiana média padronizada entre todos os pares de genótipos, e posteriormente utilizado o agrupamento pelo método de Tocher (método aplicado novamente para o grupo 1 composto de 14 acessos) e UPGMA, todas as análises foram realizadas por meio do programa computacional Genes (Cruz 2001). Evidenciou-se através dos descritores estudados variabilidade genética com genótipos de propagação espontânea agrupando-se com acessos de Paluma e a variação de acessos de Paluma, agrupando-se em diferentes grupos.

**Palavras-chave:** goiabeira, fruticultura, melhoramento genético de plantas.

**Área do Conhecimento:** Ciências Agrárias

### Introdução

A goiabeira (*Psidium guajava*, L.) originária da região tropical do continente americano, encontra-se amplamente difundida por todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo (Medina 1988). Apresenta caule com 3 a 5 m de altura, com folhas adultas apresentando pecíolo arredondado, cor verde-amarelada, tem de 5 a 18 cm de comprimento e de 3,5 a 6,5 cm de largura, são de forma oval, oblonga ou elíptica. Os brotos iniciam seu crescimento no período das chuvas, os mesmos contêm gemas floríferas e vegetativas. Floresce a partir de outubro e suas flores são brancas, os frutos é uma baga de forma variável chegando a pesar de 42 a 280g, porém quando realizado poda e raleio pode chegar a 720g (MANICA, 2000).

A área cultivada com goiabeira em 2009 foi de 887 hectares, com uma produtividade de 23,5 ton/ha (PEREIRA, 2010), estima-se uma área de 1.000 hectares em 2010 e 3.850 hectares em 2025 com uma produtividade de 34.00 ton/ha (ESPÍRITO SANTO, 2008).

A maioria dos pomares comerciais de goiabeira no Brasil foi propagada por mudas obtidas de sementes retiradas de frutos oriundos de polinização aberta, fato que originou pomares com grande variabilidade genética nas características

dos frutos e das plantas (PEREIRA; NACHTIGAL, 2002). A variedade Paluma por ser a principal cultivar do Brasil é um destes exemplos e sua grande implantação no Brasil é devido seus frutos serem destinados à industrialização, em razão da qualidade e por poderem ser consumidos in natura, o que a torna uma opção para a cultura mista (PEREIRA; NACHTIGAL, 2002).

A goiabeira é uma das frutíferas de considerável diversidade genética, porém necessita de mais trabalhos de melhoramento a fim de se obter materiais mais competitivos e promissores aos agricultores. Verifica-se que estudos relatando a diversidade e caracterização de germoplasma de goiabeira ainda são raros e restritos à caracterização morfológica.

O Brasil, portanto, apresenta a necessidade de programas de pré-melhoramento na área de frutíferas no caso das goiabeiras, com a necessidade de estudar a variabilidade das espécies em busca de materiais promissores. A utilização da distância genética por meio de caracteres fenotípicos representa uma técnica auxiliar de grande importância nos programas de melhoramento genético de plantas, fornecendo informações úteis na caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos disponíveis (BERTAN *et al.*, 2006).

O emprego de caracteres morfológicos em associação a técnicas multivariadas tem sido amplamente utilizado na quantificação da distância genética, sendo encontrado em frutíferas (MATTOS JUNIOR *et al.*, 1999).

A análise de divergência genética em qualquer espécie vegetal no caso a goiabeira pode ser dividida de forma simplificada em seis fases: i) escolha dos genótipos a serem analisados; ii) obtenção e sistematização dos dados; iii) definição da medida de similaridade ou dissimilaridade a ser estimada; iv) escolha do método de agrupamento e/ou de dispersão gráfica a ser aplicado; v) verificação do grau de distorção provocado pelo método de agrupamento ou dispersão gráfica empregado e vi) interpretação dos resultados (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas. Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos (BERTAN *et al.*, 2006).

Através destas técnicas, a presente proposta visa dar incentivo, estímulo e subsídios para os programas de melhoramento de goiaba no país, objetivando avaliar a diversidade genética entre goiabeiras de propagação espontânea dos municípios de Arco-Iris, Herculândia, Juliânia e Tupã todos de São Paulo com a cultivar comercial Paluma por descritores foliares.

### Metodologia

No presente estudo foram avaliados 23 genótipos de goiabeiras, sendo 10 da Var. Paluma (PA) 1,2,3,4,5,6,7,8,9,10 oriundas do ES e 13 de propagação espontânea oriundas da mesma microrregião em São Paulo (Arco-Íris (A) 1, 2, 3 e 4, Herculândia (H) 1 e 2, Juliânia (J) 1, Tupã (T) 1,2,3,4,5 e 6). Para a mensuração dos descritores morfológicos foram coletadas 5 folhas jovens e 10 adultas de cada genótipo.

Foram avaliados quatro descritores morfológicos: comprimento da folha jovem;

comprimento da folha adulta; largura da folha jovem; e largura da folha adulta. Os dados dos caracteres morfológicos foram submetidos à análise de variância e testada a significância pelo teste F a 1% de probabilidade ( $P < 0,01$ ), considerando os efeitos de genótipos como fixos.

Posteriormente, com base nas médias dos caracteres avaliados, foi estimada a distância euclidiana média padronizada entre todos os pares de genótipos, por meio do programa computacional Genes (Cruz 2001).

Com base na matriz de distância genética, foi empregado: i) o método de agrupamento de Tocher; ii) construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento da distância média de UPGMA.

### Resultados

Os acessos reunidos, conforme o método de otimização de Tocher (Tabela 1), formaram um grande grupo (grupo 1) composto por 14 acessos e pequenos grupos de até 2 acessos.

Tabela 1. Acessos de 23 genótipos de goiaba (*Psidium guajava*, L.), avaliação de descritores morfológicos, agrupados pelo método de otimização de Tocher.

GRUPO	ACESSOS
1	PA3 PA5 PA9 PA6 PA1 PA4 PA8 T5 T1 A4 T2 H1 H2 A1
2	T4 T6
3	A3 PA2
4	PA10
5	PA7
6	J1
7	A2
8	T3

Em seguida aplicou-se o método de agrupamento hierárquico UPGMA que a partir da matriz de distâncias entre as variáveis multicategóricas, os acessos foram agrupados em 10 grupos (Figura 1).

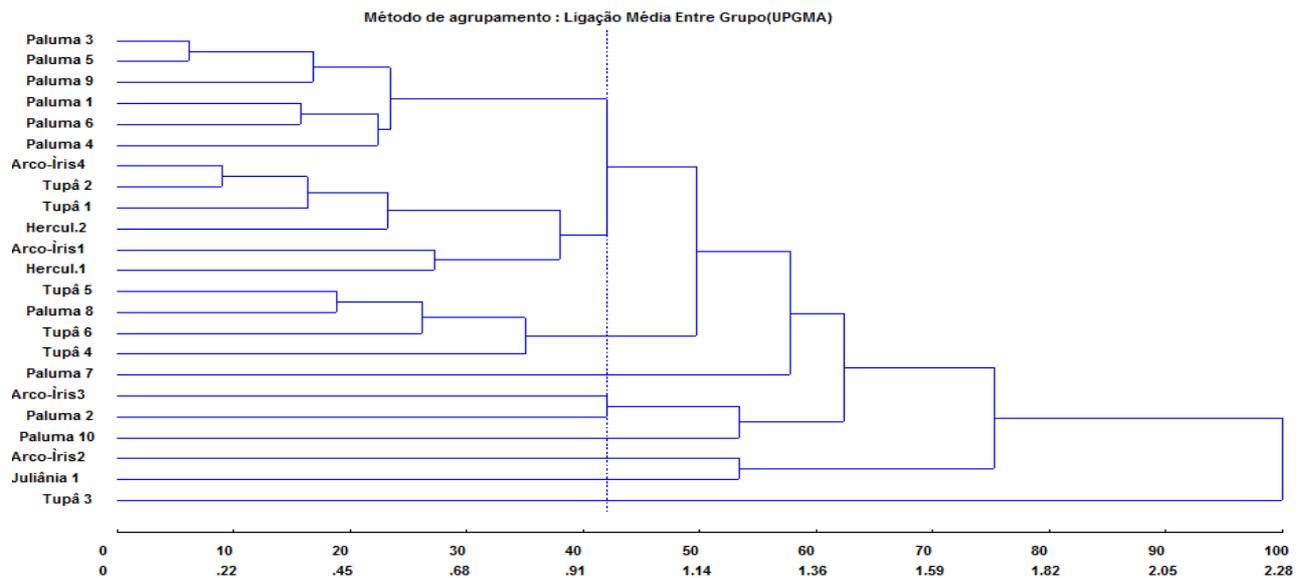


Figura 1. Dendrograma resultante da análise de 23 genótipos de goiabeiras (com base em quatro descritores morfológicos), obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância euclidiana média padronizada como medida de distância genética.

A partir dos 8 grupos gerados agrupados pelo método de otimização de Tocher, resolve-se aplicar novamente o método de otimização de Tocher apenas no grupo 1 composto de 14 acessos, originando 5 grupos distintos.

Tabela 2. Acessos de 14 genótipos de goiaba (*Psidium guajava*, L.), avaliação de descritores morfológicos, agrupados pelo método de otimização de Tocher.

GRUPO	ACESSOS
1	H2 PA1
2	A4 T2 PA4 PA9
3	A1 T1 PA3 PA8
4	H1 T5 PA5
5	PA6

A partir da matriz de distâncias entre as variáveis multicategóricas, os acessos foram agrupados em 4 grupos pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA (Figura 2).

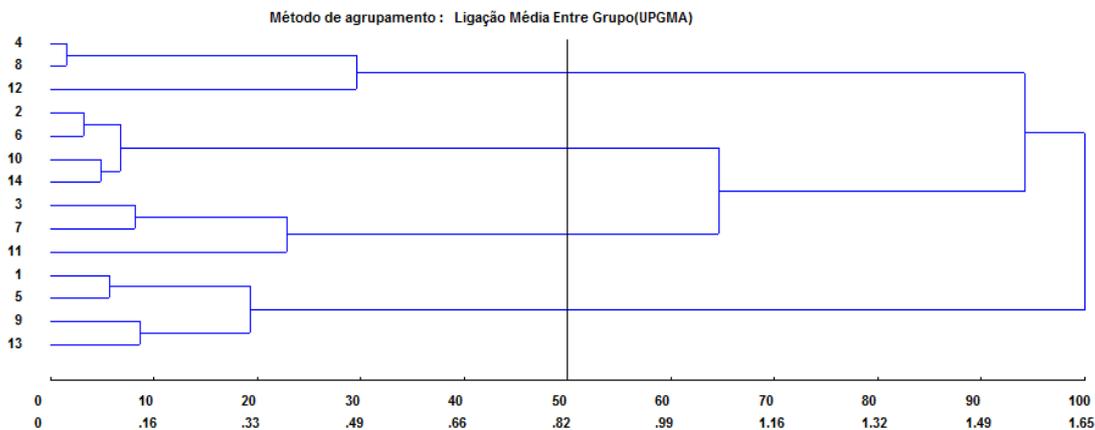


Figura 2. Dendrograma resultante da análise de 14 genótipos de goiabeiras (com base em quatro descritores morfológicos), obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância euclidiana média padronizada como medida de distância genética.

Em seguida foi gerada a Tabela 3, relacionada a correlação cofenética dos 14 acessos do grupo 1, além de conter a distorção e o estresse.

Tabela 3. Correlação cofenética em 14 genótipos de goiaba (*Psidium guajava*, L.), pelo método de agrupamento UPGMA.

ESTATÍSTICA	VALOR
Correlação cofenética (CCC)	91,8
Distorção	2,92
Estresse	17,09

## Discussão

Na avaliação de descritores morfológicos, agrupados pelo método de otimização de Tocher (Tabela 1), pode-se perceber que sete acessos de goiabeira de propagação espontânea que se enquadraram ao grupo com sete acessos da variedade Paluma (grupo 1) demonstraram a semelhança dos genótipos espontâneos com a variedade comercial Paluma. O grupo 2, formado exclusivamente por dois genótipos de propagação espontânea do município de Tupã, corresponde ao esperado, por serem estes da mesma localidade. No entanto, esperava-se que todos os demais genótipos da região de Tupã estivessem nesse mesmo agrupamento, o que não ocorreu. Observou-se dispersão dos genótipos Tupã no

grupo 1 e um dos genótipos de forma isolada no grupo 8. O grupo 3 foi formado exclusivamente por um acesso de propagação espontânea da localidade de Arco-Íris e um genótipo Paluma. A observação de genótipos de Paluma no grupo 3, no grupo 4 e no grupo 5 é um resultado não esperado demonstrando heterogeneidade para os descritores multicategóricos segundo UPOV (1987). Nos três grupos seguintes (6, 7 e 8) houve a independência dos acessos e formação de apenas um acesso por grupo.

No dendrograma resultante da análise de 23 genótipos de goiabeiras obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância euclidiana média padronizada como medida de distância genética (Figura 1). O primeiro grupo composto apenas de acessos da variedade Paluma (3,5,9,1,6,4), demonstrou a homogeneidade das características esperada para a cultivar comercial Paluma, o mesmo que ocorreu com Tocher, embora nem todos os acessos de Paluma foram agrupados em um mesmo grupo, conforme o esperado, por esta ser uma variedade comercial e todos acessos serem coletados em um mesmo pomar.

O segundo grupo foi composto dos acessos de geração espontânea Arco-Íris 4, Tupã 2 e 1, Herculândia 1, Arco-Íris 1 e Herculândia 2 demonstrando homogeneidade entre os acessos de Herculândia e semelhanças a acessos de Arco-Íris e de Tupã. O não agrupamento de acessos de uma única localidade em grupos específicos

demonstrou a variabilidade dos genótipos independente dos locais evidenciando que fatores edafoclimáticos e topográficos não foram determinantes para a formação dos grupos.

O terceiro grupo ficou composto dos acessos Tupã 5, Paluma 8, Tupã 6 e 4. A similaridade desses três acessos de Tupã com um acesso de Paluma não evidencia similaridade desses com a variedade Paluma, pois o acesso de Paluma deste grupo diverge dos demais acessos da variedade.

Os sete acessos demais não se agruparam, ficando isolados e desses, uma observação interessante é a presença de dois acessos de Paluma, resultado não esperado.

Na avaliação de descritores morfológicos, agrupados pelo método de otimização de Tocher para os 14 acessos (Tabela 2), formou-se cinco grupos distintos, o grupo 1 composto de dois acessos um de goiabeira de propagação espontânea e outro acesso da variedade Paluma, demonstrando a semelhança dos genótipos espontâneos com a variedade comercial Paluma.

O grupo 2 e 3 foram formados por quatro genótipos sendo dois de propagação espontânea (A4 e T2, A1 e T1) e municípios distintos (Arco-Íris e Tupã) se agrupando com dois acessos de Paluma (PA4 e 9, PA3 e 8), confirmando novamente a semelhança das características estudadas dos genótipos espontâneos com a variedade comercial Paluma.

No grupo 4 ocorreu novamente a junção de acessos de goiabeira de propagação espontânea com um acesso de Paluma (variedade comercial).

No grupo 5 houve a independência dos acessos e formação de apenas um acesso por grupo (PA6), o que era de esperar porém que estes acessos ficassem todos juntos já que pertencem a variedade comercial Paluma.

No dendrograma resultante da análise de 14 genótipos de goiabeiras obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância euclidiana média padronizada como medida de distância genética (Figura 2) ocorreu a formação de quatro grupos. O primeiro grupo composto de três acessos sendo dois da variedade Paluma e um de propagação espontânea, demonstrando que o acesso H2 se aproxima das características estudadas com a variedade comercial Paluma.

O segundo grupo foi composto de quatro acessos, dois de propagação espontânea Arco-Íris 4, Tupã 2 demonstrando semelhanças entre os acessos de Arco-Íris e de Tupã que são municípios diferentes e dois acessos da variedade Paluma (PA4 e 9) o mesmo ocorreu com Tocher.

O terceiro grupo foi composto dos acessos de propagação espontânea Herculândia 1 e Tupã 5 agrupado com um acesso da variedade Paluma (PA5). A similaridade desses dois acessos (H1 e

T5) com um acesso de Paluma não evidencia similaridade desses com a variedade Paluma, pois o acesso de Paluma deste grupo diverge dos demais acessos da variedade.

O quarto grupo foi composto de quatro acessos sendo dois de propagação espontânea e dois correspondentes a variedade Paluma o mesmo que ocorreu com o método de Tocher.

Na tabela 3, podemos perceber que a correlação cofenética apresentou um índice de 91,8 % o que mostrou um ótimo ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original (ROHLF, 2000).

Entretanto, é necessário ressaltar que o nível de estresse provocado pelo agrupamento foi de 17,09%, valor este que está acima do grau máximo de aceitabilidade da técnica que é de 10% (KRUSKAL, 1964). Desta forma, apesar do valor de estresse pouco acima do aceitável sugere-se a hipótese de que ambos os métodos possuem eficiência similar em preservar as reais distâncias entre os pares de genótipos avaliados.

## Conclusão

Evidenciou-se variabilidade genética entre os acessos com base nos descritores estudados, porém com genótipos de propagação espontânea agrupando-se com acessos de Paluma e com a verificação de um fato importante; a variação de acessos de Paluma, agrupando-se em diferentes grupos.

## Referências

- BERTAN I *et al.* (2006) Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Rev. Bras. Agrobiologia** 3: 279-286.
- CRUZ CD **Programa Genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Editora UFV, 2001, 648p.
- CRUZ CD and CARNEIRO PCS **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa, UFV, 2003, 585p.
- Espírito Santo (Estado). **Plano Estratégico de Desenvolvimento da Agricultura**: novo PEDEAG 2007-2025 / Secretaria de Estado da Agricultura, Abastecimento, Aquicultura e Pesca. Vitória, SEAG, 2008.
- KRUSKAL, J.B. Multidimensional-scaling by optimizing goodness of fit to a non-metric hypothesis. **Psychometrica**, Williamsburg, v.29, n.1, p.1-27, 1964.

- MANICA I *et al.* **Fruticultura tropical**: Goiaba. Porto Alegre, Cinco Continentes, 2000.
- MATTOS JUNIOR D *et al.* (1999) Avaliação de curvas de maturação de laranjas por análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 12: 2203-2209.
- MEDINA JC **Goiaba**. 2. ed. Campinas, ITAL, 1988.
- PEREIRA FM (2010) Rica e Paluma: novas cultivares de goiabeira. In: **Congresso Brasileiro de Fruticultura gera emprego e renda no Espírito Santo**. Vitória, Secretaria de Estado da Agricultura, Abastecimento, Aqüicultura e Pesca (SEAG), Disponível em: <<http://www.seag.es.gov.br/?p=11440>>. Acesso em: 17 maio 2011.
- PEREIRA FM and NACHTIGAL JC **Melhoramento de Fruteiras Tropicais**. Viçosa, UFV, 2002.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 83p.
- UPOV-The international union for the protection of new varieties of plants (1987) **Guidelines for the conduct of tests for distinctness, homogeneity and stability**: Guava (*Psidium guajava* L.). Geneva.