

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
REGIONAL JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**MARCADORES GENÉTICOS ASSOCIADOS A
CARACTERES AGRONÔMICOS DE GENÓTIPOS DA
COLEÇÃO GOIANA DE GERMOPLASMA DE
Campomanesia spp.**

**Cristiane Iracema Monteiro Estevão
Engenheira Florestal**

**JATAÍ – GOIÁS – BRASIL
Maio de 2016
UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS**

**REGIONAL JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**MARCADORES GENÉTICOS ASSOCIADOS A
CARACTERES AGRONÔMICOS DE GENÓTIPOS DA
COLEÇÃO GOIANA DE GERMOPLASMA DE
Campomanesia spp.**

**Cristiane Iracema Monteiro Estevão
Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
Coorientador: Prof. Dr. Danival Vieira de Freitas**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de
Goiás, Regional Jataí, como
parte das exigências para a
obtenção do título de Mestre
em Agronomia (Produção
Vegetal).

**JATAÍ – GOIÁS – BRASIL
Maio de 2016**

valida.php 1 / 1

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Iracema Monteiro Estevão, Cristiane
Marcadores Genéticos Associados a Caracteres Agronômicos de Genótipos da Coleção Goiana de Germoplasma de *Campomanesia spp.* [manuscrito] / Cristiane Iracema Monteiro Estevão. - 2016.
114 f. il.

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis; co-orientador Dr. Darival Veiros de Freitas.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Unidade Acadêmica Especial de Ciências Agrárias, Programa de Pós Graduação em Agronomia, Jataí, 2016.
Bibliografia.

1. Gabribeira. 2. Diversidade genética. 3. Análise multivariada.
4. ISSR. 5. UPGMA. I. Fialho dos Reis, Edésio, orient. II. Título.

CDU 632

file (1).pdf file.pdf ficha CATALOGR...pdf Exibir todos X

11:06 18/10/2016

CRISTIANE IRACEMA MONTEIRO ESTEVÃO

TÍTULO: “Marcadores genéticos associados a caracteres agronômicos de genótipos da coleção goiana de *Campomanesia* spp.”

Dissertação DEFENDIDA e APROVADA em 25 de maio de 2016, pela Banca Examinadora constituída pelos membros:



Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
Presidente – REJ/UFG



Prof. Dr. Daniyal Vieira de Freitas
Membro Interno – REJ/UFG



Prof.ª Dr.ª Danielle Fabíola Pereira da Silva
Membro Interno – REJ/UFG



Prof. Dr. Iderval da Silva Júnior Sobrinho
Membro Externo – REJ/UFG

Jataí - Goiás
Brasil

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

CRISTIANE IRACEMA MONTEIRO ESTEVÃO, filha de Lasára de Oliveira Monteiro Estevão e Luis Renato Estevão Batista, nascida em Jataí – Goiás em 06 de dezembro de 1991. Graduiu-se na UFG – Regional Jataí, na I Turma de Engenharia Florestal no 2º semestre de 2013. Iniciou o curso de Pós-graduação stricto sensu em nível de Mestrado, no Programa de Pós-Graduação em Agronomia março de 2014, concluindo-a em maio 2016.

Aos meus familiares e amigos, mas principalmente aos meu pais, que em todos os momentos de minha vida se fizeram presente me orientando, aconselhando, brigando, e lutando para que eu pudesse me tornar, quem eu me tornei hoje, esse trabalho não é dedicado a vocês, ele foi realizado por vocês.

Com todo o meu amor, Ofereço e Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, e a Nossa Senhora Aparecida, que sempre olhou por mim, acalmou meu coração nos momentos desesperadores e me deu paz.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UFG – Regional Jataí, pela oportunidade e estrutura para realizar todas as etapas deste trabalho.

A minha mãe Lasára de Oliveira Monteiro Estevão, ao meu pai Luis Renato Estevão Batista, ao meu irmão Luis Renato Estevão Batista Júnior, pelo apoio e por sempre acreditarem em mim.

A todos os meus amigos, sábio quem disse que “*Quem tem amigos, tem tudo*”, eu tenho tudo, poucos mas os melhores do mundo.

Ao meu orientador Prof. Dr. Edésrio Fialho dos Reis que me aconselhou e principalmente se dispôs a me orientar neste trabalho, o senhor é um profissional exemplar, dedicado e competente, um exemplo para todos os seus orientados.

Ao meu Coorientador Prof. Dr. Danival Vieira de Freitas que se dispôs a me Coorientar neste trabalho, como em outras ocasiões do caminho até aqui, trilhamos esse caminho juntos.

Ao Jefferson Fernando Naves Pinto, técnico do laboratório de Genética e Biologia Molecular da UFG – Regional Jataí, obrigada pelo acompanhamento em todas as etapas do trabalho.

Meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

1.INTRODUÇÃO.....	10
2.REVISÃO DE LITERATURA.....	10
2.1 Família Myrtaceae.....	10
2.2 Aspectos Gerais do Gênero Campomanesia	10
2.3 A Gabirobeira: C.adamantium e C. pubescens.....	11
2.4 Importância da Domesticação em Frutíferas Nativas.....	11
2.5 Importância da Manutenção e Conservação de Germoplasma	11
2.6 Caracterização da Diversidade Genética.....	12
2.6.1 Caracterização Genética de Frutíferas Nativas, Utilizando-se de Marcadores Morfológicos	12
2.6.2 Caracterização Genética de Frutíferas Nativas Utilizando-se de Marcadores Moleculares.....	12
3.MATERIAL E MÉTODOS.....	13
3.1 Descrição do Banco de Germoplasma de Campomanesia spp.....	13
3.2 Material de Estudo.....	13
3.3 Caracterização Genética Utilizando-se Marcadores Morfológicos.....	22
3.3.1 Estimativa da Divergência Genética com Base nos Descritores Morfológicos.....	22
3.4 Caracterização Genética Utilizando Marcadores Moleculares ISSR (Inter Single Sequence Repeats).....	23
3.3.1 Extração de DNA Genômico.....	23
3.3.3 Seleção de primers para a obtenção dos marcadores ISSR	23
3.3.4 Porcentagem de polimorfismo.....	24
3.3.5 Análise estatística com base nos dados moleculares.....	24
3.3.6 Análise Molecular de Variância.....	24
4.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
4.1 Estimativa da divergência genética com Base nos Descritores Morfológicos.....	25
4.1.1 Descritores Morfológicos.....	25
4.1.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos.....	26
4.1.3 Análise de Componentes Principais.....	26
4.2 Análises Morfológicas – Genótipos F13.....	29
4.2.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – F13.....	29
4.2.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – F13.....	30
4.2.3 Análise de Componentes Principais – F13.....	30
4.3 Análises Morfológicas – Genótipos F14.....	32
4.3.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – F14.....	32
4.3.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – F14.....	32
4.3.4 Análise de Componentes Principais – F14.....	33
4.4 Análises Morfológicas – Genótipos NF.....	34

	10
4.4.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – NF.....	34
4.4.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – NF.....	38
4.4.3 Análise de Componentes Principais – NF.....	38
4.5 Caracterização Genética Utilizando Marcadores Moleculares ISSR's.....	39
4.5.1 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR.....	40
4.5.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – F13.....	42
4.5.3 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – F14.....	43
4.5.4 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – NF.....	45
5.CONCLUSÃO.....	48
6.CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	48
7.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	49

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Identificação dos 93 genótipos estudados dentro da Coleção Goiana de Germoplasma de <i>Campomanesia</i> spp.....	38
Tabela 2. Relação e descrição dos 17 <i>primers</i> ISSR testados para as análises moleculares de 93 genótipos de <i>Campomanesia</i> spp	44

- Tabela 3.** Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para 93 genótipos de *Campomanesia* spp.....48
- Tabela 4.** Agrupamento de 93 genótipos de *Campomanesia* spp, tendo como base 17 descritores morfológicos50
- Tabela 5.** Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos de 93 genótipos de *Campomanesia* spp.....53
- Tabela 6.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade (S.j), pelo método de SINGH (1981), para dados padronizados55
- Tabela 7** Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp.....57
- Tabela 8.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 60 genótipos com florescimento no ano de 2013 (F13), de *Campomanesia* spp, tendo como base 17 descritores morfológicos.....59
- Tabela 9.** Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para genótipos de *Campomanesia* spp com florescimento no ano de 2013.....62
- Tabela 10.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade (S.j.) pelo método de SINGH (1981), para os 60 genótipos (F13) de *Campomanesia* spp. para dados padronizados.....64
- Tabela 11.** Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp.....65
- Tabela 12.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 17 genótipos de *Campomanesia* spp. com florescimento no ano de 2014 tendo como base 17 descritores morfológicos67
- Tabela 13.** Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp. com florescimento no ano de 2014.....68

- Tabela 14.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade, pelo método proposto por SINGH (1981), para 17 genótipos (F14) de *Campomanesia* spp para dados padronizados.....70
- Tabela 15.** Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para 16 genótipos de *Campomanesia* spp. que não apresentaram florescimento nos anos de 2013 e 2014 (NF).....71
- Tabela 16.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 17 genótipos de *Campomanesia* spp, que não floresceram em 2013 e 2014 (NF), tendo como base 17 descritores morfológicos73
- Tabela 17.** Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para 16 genótipos de *Campomanesia* spp. que não floresceram em 2013 e 2014.....74
- Tabela 18.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade, pelo método proposto por SINGH (1981), para 16 genótipos de *Campomanesia* spp que não floresceram em 2013 e 2014 para dados padronizados.....76
- Tabela 19.** Marcadores ISSR utilizados na amplificação de genótipos de *Campomanesia* spp, com suas respectivas sequências78
- Tabela 20.** Análise de variância molecular (AMOVA) entre e dentro dos grupos F13, F14 e NF de genótipos de *Campomanesia* spp, da Coleção Goiana de germoplasma de *Campomanesia* spp.....78
- Tabela 21.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 93 genótipos de *Campomanesia* spp, com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard com base em marcador molecular ISSR.....80
- Tabela 22.** Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp..... 84
- Tabela 23.** Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp, com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard utilizando marcador ISSR.....85

Tabela 24. Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para os 17 genótipos F14 de <i>Campomanesia</i> spp.....	89
Tabela 25. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 17 acessos F14 de <i>Campomanesia</i> spp, com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard utilizando marcador ISSR.....	90
Tabela 26. Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para 16 genótipos NF de <i>Campomanesia</i> spp.....	93
Tabela 27. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 16 acessos NF de <i>Campomanesia</i> spp, com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard utilizando marcador ISSR.....	94

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os	
--	--

- 93 genótipos de *Campomanesia* spp. a partir de 17 descritores morfológicos.....52
- Figura 2.** Dispersão gráfica de escores dos 93 genótipos de *Campomanesia* spp em relação aos três primeiros componentes principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.....54
- Figura 3.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp. a partir de 17 descritores morfológicos.....61
- Figura 4.** Dispersão gráfica de escores dos 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp. em relação aos três primeiros componentes principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.....63
- Figura 5.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os 17 genótipos F14, a partir de 17 descritores morfológicos.....68
- Figura 6.** Dispersão gráfica de escores De 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp. em relação aos três primeiros componentes principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.....69
- Figura 7.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média entre os 16 genótipos de *Campomanesia* spp. que não floresceram nos de 2013 e 2014 (NF), a partir de 17 descritores morfológicos.....74
- Figura 8.** Dispersão gráfica de escores de 17 genótipos NF (não florescimento nos anos de 2013 e 2014) de *Campomanesia* spp em relação aos três primeiros componentes principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.....75
- Figura 9.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 93 genótipos de *Campomanesia* spp. com base em marcador ISSR.....82
- Figura 10.** Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 93 genótipos de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pela matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.....83

- Figura 11.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp com base em marcadores moleculares ISSR.....87
- Figura 12.** Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pela matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.....88
- Figura 13.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp, utilizando marcador molecular ISSR.....91
- Figura 14.** Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pela matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.....92
- Figura 15.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 16 genótipos NF de *Campomanesia* spp, utilizando marcadores moleculares ISSR.....95
- Figura 16.** Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 16 genótipos NF (não florescimento nos anos de 2013 e 2014) de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pela matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.....96

MARCADORES GENÉTICOS ASSOCIADOS A CARACTERES AGRONÔMICOS DE GENÓTIPOS DA COLEÇÃO GOIANA DE GERMOPLASMA DE *Campomanesia* spp

RESUMO - Em decorrência do uso inadequado de áreas nativas e de espécies do bioma Cerrado, o risco de extinção e perda de diversidade genética vem ficando cada vez mais evidente e preocupando a comunidade científica. Estudos referentes a caracterização genética baseada em descritores morfológicos e moleculares podem subsidiar informações que possibilitem a implementação de estratégias de melhoramento e conservação de espécies. O presente estudo objetivou caracterizar geneticamente 93 genótipos de *Campomanesia* spp. da Coleção Goiana de germoplasma de *Campomanesia* spp da UFG – Regional Jataí, com base em 17 descritores morfológicos e 13 *primers* ISSR. Os 93 genótipos foram subdivididos em três grupos: florescimento em 2013 (F13); florescimento em 2014 (F14); e não florescimento durante os períodos de avaliação (NF). Foi verificado um elevado coeficiente de variação para os descritores morfológicos demonstrando a existência de variabilidade genética nos 93 genótipos de *Campomanesia* spp. Nestes casos, a existência de variação indica a possibilidade da utilização da coleção de germoplasma para obtenção de ganhos no melhoramento da

gabirobeira. Os descritores morfológicos: altura da planta no estágio reprodutivo na terceira avaliação (AP R₃) e largura da folha no estágio reprodutivo na segunda avaliação (LF V₂), foram os que mais contribuíram para a explicação a variância total dos genótipos F13 e F14. Os *primers* ISSR amplificaram 105 bandas com 100% de polimorfismo demonstrando a existência de variabilidade genética nos genótipos estudados. A análise molecular de variância (AMOVA), demonstrou que a maior parte da variação está contida dentro dos grupos (genótipos que floresceram em 2013 F13, 2014 F14 e que não floresceram NF) representando 97,82 % da variabilidade total. Isto indica que estratégias de pré-melhoramento devem-se focadas em análise dentro dos grupos.

Palavras- chave: Gabirobeira, Diversidade genética, Análise multivariada, ISSR, UPGMA.

GENETIC MARKERS ASSOCIATED WITH AGRONOMIC CHARACTERS OF OF GENOTYPES FROM COLLECTION GERMOPASM GOIANA AT *Campomanesia* spp

ABSTRACT - Due to the inappropriate use of native areas and species of the Cerrado biome, the risk of extinction and loss of genetic diversity has been becoming more evident and worrying the scientific community. Studies on the genetic characterization based on morphological and molecular descriptors can support information to enable implementation of improvement strategies and species conservation. This study aimed to characterize genetically 93 *Campomanesia* spp genotypes of Goiana collection of *Campomanesia* spp germplasm at UFG - Regional Jataí, based on 17 morphological descriptors and 13 ISSR primers. The 93 genotypes were divided into three groups: flowering in 2013 (F13); flowering in 2014 (F14); and not flowering during the evaluation periods (NF). A high coefficient of variation for the morphological descriptors demonstrating the existence of genetic variability in 93 *Campomanesia* spp genotypes was found. In these cases, the existence of variation indicates the possibility of using germplasm collection to obtain gains in gabirobeira improvement. Morphological descriptors at plant height in the reproductive stage in the third evaluation (AP R₃) and the width of the leaf in the

reproductive stage in the second evaluation (LF V2) were the descriptors that have contributed most to explain the total variance of the F13 and F14 genotypes. The ISSR primers amplified 105 bands with 100% of polymorphism demonstrating the existence of genetic variability in genotypes. Molecular analysis of variance (AMOVA) showed that most of the variation is contained within groups (genotypes that have flourished in 2013 F13, F14 and 2014 that have not flourished NF) representing 97.82% of the total variability. This indicates that pre-improvement strategies should be focused on analysis within groups.

Key words: Gabirobeira, Genetic diversity, multivariate analysis, ISSR, UPGMA.

1. INTRODUÇÃO

O cerrado apresenta-se como o segundo maior ecossistema do Brasil e uma das maiores biodiversidades do mundo, é uma unidade ecológica típica da zona tropical, caracterizado por uma vegetação de fisionomia e flora próprias, classificada dentro dos padrões de vegetação do mundo como savana, ocupa cerca de 21% do território nacional, sendo superado em área apenas pela Amazônia. O Bioma detém 5% da biodiversidade do planeta e ocorrência de espécies endêmicas (KLINK & MACHADO, 2005).

A ocupação do Cerrado se fez às custas da eliminação total de sua vegetação natural que cede seu habitat a plantas exógenas como a soja, que nas duas últimas décadas, predomina como espécie cultivada no Bioma.

O potencial extrativista desse Bioma é enorme. São sementes, flores, frutas, folhas, raízes, cascas, madeiras, látex, óleos e resinas, que contribui para a geração de renda para os agroextrativistas (SCARIOT & RIBEIRO, 2015). Porém, por falta de conhecimento, muito das plantas frutíferas nativas do Cerrado não são de conhecimento de grande parte da população que vive neste bioma (EITEN, 1972 apud CARVALHO et al., 2008).

A ocupação desordenada e a transição da vocação de pecuária à de agricultura intensiva colocam em risco espécies conhecidas e desconhecidas da flora do Cerrado. Aumentando ainda mais o uso inadequado e o sub uso de frutíferas nativas dessa região. Portanto, a realização de estudos sobre a importância econômica, nutricional, farmacêutico e social dessas frutíferas bem como a possibilidade de implementá-las em sistemas de cultivo, podem mostrar novas vias de geração de renda e melhora na qualidade de forma que a mesma se torne atraente.

A maior parte das frutíferas nativas do Cerrado apresentam qualidades e características que indicam potencial para uso sustentável pelos produtores locais e para indústria. Dentre essas frutíferas, destacam-se as espécies do gênero *Campomanesia* (Família Myrtaceae), conhecidas como gabioba, guabioba, guavira, guabioba-do-campo, entre outras. São originárias do

Brasil, com grande abundância nos Cerrados, nas regiões Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, distribuídas nos estados de Bahia, Goiás, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Tocantins, Minas Gerais e São Paulo, seus frutos podem ser consumidos *in natura*, sendo considerados muito saborosos, suculentos, ácido e levemente adocicados (LORENZI et al., 2006).

Na indústria de alimentos podem ser utilizados como flavorizantes de bebidas, na fabricação de licores, sumos, doces e sorvetes (FREITAS et al., 2008).

De acordo com a classificação da domesticação sugerida por Clement (2007), a *Campomnesia* spp pode ser considerada uma espécie incipientemente domesticada, ou seja, o fenótipo médio ainda está dentro da variação encontrada na população silvestre. A implementação de um programa de domesticação e melhoramento, voltado para o aproveitamento das espécies do gênero *Campomanesia* irá permitir o acesso à informação genética, bem como a características agronômicas de interesse (precocidade, arquitetura de planta, teor de sólidos solúveis, suscetibilidade a pragas e doenças) e sistemas de cultivo adequados. Tais estudos facilitam a definição de estratégias para a coleta de propágulos e estudos de progênies (MOURA et al. 2013), no entanto, são raros estudos com este foco em espécies nativas do Bioma Cerrado.

Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética por meio de caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares de genótipos de *Campomanesia* spp da coleção goiana de germoplasma de *Campomanesia* spp, localizada na UFG – Regional Jataí, para subsidiar atividades de conservação, domesticação e melhoramento da espécie.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Família Myrtaceae

A família Myrtaceae está inserida na ordem Myrtales, apresenta cerca de 5600 espécies distribuídas em 132 gêneros (GOVAERTS et al., 2012). Sua ocorrência abrange desde a Austrália, sudeste da Ásia e América, com baixa representatividade na África (WILSON et al., 2001). É composta por duas subfamílias: Psiloxylloideae e Myrtoideae (WILSON, 2005). Esta família de plantas abrange desde arbustos com menos de 2 metros, como é o caso da *Myrcia salzmanni* e *Campomanesia adamantium*, até árvores com mais de 10 metros de altura como algumas espécies de *Eucalyptus* (CRONQUIST, 1981).

No Brasil as espécies da família Myrtaceae mostram-se entre as mais diversas formações vegetais que caracterizam os principais biomas brasileiros, como Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica, e Restinga, contemplando 24 gêneros e 927 espécies, sendo a família com maior número de espécies em diversos gêneros (FORZZA, 2010; SOUZA & LORENZI, 2008). Só no bioma Cerrado apresenta 14 gêneros e 211 espécies (MENDONÇA, 2015).

Quanto a morfologia da planta, uma das características mais marcantes das Myrtaceae é a presença de glândulas translúcidas distribuídas no limbo foliar, contendo terpenóides e outros compostos aromáticos que também se distribuem em outras partes das plantas, as folhas são opostas ou alternas, usualmente com enervação pinada (JUDD et al. 1999).

De acordo com revisão realizada por Gressler et al. (2006), as flores das mirtáceas brasileiras são hermafroditas, geralmente de coloração esbranquiçada, os principais polinizadores são abelhas da família Apidae. Seus frutos são carnosos, de tamanho entre 0,4 a 7,5 cm de largura e 0,4 a 8,0 cm de comprimento, sendo suas sementes envolvidas por uma polpa rica em água e carboidratos.

Os estudos taxonômicos vêm contribuindo para o conhecimento e classificação de novas espécies dentro da família Myrtaceae, bem como a reclassificação a partir da proposta de novas chaves taxonômicas, que visam contribuir para a identificação de novas espécies que surgem a partir de cruzamentos intraespecíficos (MORAIS et al. 2014; AMARAL, 2012).

Segundo Marchiori & Sobral (1997), as mirtáceas brasileiras geralmente não produzem madeiras valiosas, diferentemente das australianas como o *Eucalyptus*, restringindo-se ao fornecimento de lenha, e à utilização em pequenas peças ou objetos e outras formas de uso local.

A pouca utilidade na indústria moveleira é compensada quando se trata dos efeitos medicinais e propriedades alimentícias como o elevado teor de vitaminas e antifúngicos (LEGRAND & KLEIN 1978), como a gabirobeira (*Campomanesia* spp), cambuci (*Campomanesia phae* (O. Berg) Landrum), goiabeira (*Psidium guajava* L.), jabuticabeira (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) O. Berg e outras espécies deste gênero), pitangueira (*Eugenia uniflora* L.), cabeludinha (*Plinia glomerata* (O. Berg) Amshoff), araçazeiro (*Psidium cattleianum* Afzel. ex Sabine) e cerejeira nacional (*Eugenia cerassiflora* Miq.) (SOUZA & LORENZI 2008).

A espécie frutífera mais estudada e difundida dentro dessa família é a goiabeira (*Psidium guajava* L.), mas diversas outras espécies apresentam potencial semelhante, embora dependam de domesticação em maior ou menor grau para que sejam comercializadas de forma economicamente viável. Este é o caso da jabuticabeira (*Myrciaria cauliflora* (Mart.) O. Berg), da pitangueira (*Eugenia uniflora* L.), da cabeludinha (*Plinia glomerata* (O. Berg) Amshoff), do cambuci (*Campomanesia phaea* (O. Berg) Landrum), da guabirobeira (*Campomanesia* spp.), do araçá (*Psidium cattleianum* Sabine) e da cerejeira nacional (*Eugenia cerasiflora* Miq.) (CASTRO & LORENZZI, 2005).

2.2 Aspectos Gerais do Gênero *Campomanesia*

O gênero *Campomanesia*, representado por árvores e arbustos, pode ser encontrado do norte da Argentina até Trinidad, e das costas brasileiras até os Andes ou Peru, Equador e Colômbia (LANDRUM, 1986). Segundo Vallilo, et al. (2006), as plantas desse gênero são plantas pouco exigentes quanto ao tipo de solo.

O levantamento do IBGE, sobre a flora vascular do bioma Cerrado listou 14 espécies de *Campomanesia* spp, dentre elas, algumas apresentam hábito de crescimento arbustivo com altura média variando de 0,80 m a 2 m, sua ocorrência é observada normalmente em moitas, e correspondem as seguintes

espécies: *Campomanesia adamantium* Camb. (= *Campomanesia caerulea* Berg), *Campomanesia lineatifolia* Ruiz & Pavon, *Campomanesia pubescens* (DC.) Berg (= *Campomanesia bracteolata* Kiaersk, *Campomanesia corymbosa* Blume.), *Campomanesia rufa* (Berg) Nied, *Campomanesia sessiliflora* (Berg) Mattos, e outras com hábito de crescimento arborícolas do gênero que podem medindo de 8 m a 15 m, composta pelas seguintes espécies: *Campomanesia eugenioides* Blume var. *eugenioides*, *Campomanesia guaviroba* (DC.) Kiaersk., *Campomanesia guazumaefolia* Blume, *Campomanesia velutina* (Camb.) Berg e *Campomanesia xanthocarpa* Berg (= *Campomanesia aromatica* Griseb) (MENDONÇA et al. 2015). Essas estão dispersas nas diferentes fitofisionomias do cerrado, abrangendo áreas de cerrado campo limpo, cerrado *lato sensu* e mata de galeria. Durante o período do inverno, as plantas apresentam hábito caducifólio e, na primavera (início do mês de setembro), as plantas rebrotam e florescem abundantemente (PEIXOTO et al. 2005; ALMEIDA et al. 2000).

A Flora Integrada da Região Centro-Oeste (FLORESCER, 2015), que disponibiliza dados da flora da região Centro-Oeste e Tocantins, apresentam registros de coletas de sete espécies de *Campomanesia* spp no estado de Goiás: *C. cavalcantina*, *C. eugenioides*, *C. sessiliflora*, *C. velutina* e *C. xanthocarpa*, sendo as espécies *C. adamantium*, *C. pubescens*, as encontradas com mais frequência dentro dessa região.

Os poucos estudos relacionados com características morfológicas e anatômicas de espécies do gênero *Campomanesia*, faz com que estas sejam subutilizadas pela população local, são escassos os estudos sobre a anatomia de madeiras nativas do gênero *Campomanesia*, fato que pode ser explicado, em parte, pelo elevado número de espécies, pela complexidade taxonômica do grupo, pelas dimensões geralmente reduzidas dos troncos, fator que desestimula a utilização dos mesmos para fins mais nobres, bem como pelo uso tradicional de outras madeiras (OVANDO et al. 2010).

Os frutos de *C. adamantium* podem ser consumidos “*in natura*”, bem como aproveitados nas formas de sucos, sorvetes, licores, doces, suas cascas e folhas são preparadas por infusão e utilizadas na medicina popular contra diarreia, problemas com trato urinário e leucorréia (LORENZI et al. 2006), Segundo Vallilo et al. (2006), o teor de óleo essencial encontrado nas folhas

frescas de *Campomanesia adamantium* foi de 0,11%, sendo componentes majoritários o linalol (29%) e o globulol (20%).

2.3 A Gabirobeira: *C.adamantium* e *C. pubescens*

A *Campomanesia spp* (Família Myrtaceae), conhecidas como gabirola, guabirola, guavira, guabirola–do-campo, entre outras, são originárias do Brasil, com grande abundância nos Cerrados, nas regiões Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, distribuídas nos estados de Bahia, Goiás, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Tocantins, Minas Gerais e São Paulo (LORENZI et al. 2006; DURIGAN et al. 2004). São plantas hermafroditas, com hábito arbustivo e sub-arbustivo atingindo até 2 m de altura, muito ramificada e com ramos delgados. O pico de floração ocorre no mês de setembro e frutificação de novembro a dezembro (LORENZI et al. 2006). Apresenta auto-incompatibilidade, sendo polinizada por abelhas do gênero *Bombus* (PROENÇA et al., 1994).

Naturais do ambiente de cerrado são adaptadas a estresse hídrico, algumas delas crescem sob solos naturalmente pobres em nutrientes, como é o caso de *C. adamantium* (VALLILO et al. 2006).

As espécies *C. adamantium* é muito semelhante a *C. pubescens*, da qual se distingue basicamente pelas folhas glabras que frequentemente adquirem uma tonalidade arroxeada depois de herborizadas e pelas sépalas glabras externamente e arredondadas (ARANTES & MONTEIRO, 2002).

Os frutos apresentam baixo teor energético, devido à reduzida concentração de lipídios, contêm uma proporção considerável de micronutrientes, cálcio, zinco, ferro e fibras (SILVA et al. 2008). Podem ser consumidos *in natura*, sendo considerados muito saborosos, suculentos, ácidos e levemente adocicados. Na indústria de alimentos podem ser utilizados como flavorizantes de bebidas, na fabricação de licores, sumos, doces e sorvetes (FREITAS et al. 2008; PIVA, 2002).

A espécie *Campomanesia adamantium* Camb, pode ser considerada recalcitrante, por não suportar dessecação e armazenamento prolongado a baixas temperaturas, os melhores índices de germinação são encontrados quando a sementeira é realizada logo após a colheita, outro fator que delimita o

índice de germinação é o teor de sólidos solúveis da polpa do fruto, sendo indicado 15,75°, para que se tenha uma germinação superior a 95% (DRESCH et al. 2014; MELCHIOR et al. 2006).

A principal forma de multiplicação da espécie e via sexuada por meio de sementes, colhidas em pomares e ambientes naturais (LORENZI et al. 2006). Mas existem estudos que buscam encontrar protocolos para produção de mudas de *Campomanesia* por meio de métodos vegetativos de propagação, (MARTINS et al. 2015).

Devido à falta de conhecimento científico, relacionada a elevada importância social e econômica das espécies do gênero *Campomanesia* spp, vários estudos vem sendo conduzidos utilizando-se de técnicas da biologia molecular e biotecnologia, objetivando tanto diversificar os sistemas de propagação quanto para avaliar a estrutura genética das espécies, (MIRANDA et al. 2016; AMARAL et al. 2015; PASCOAL et al. 2014; ASSIS et al. 2013).

O interesse econômico dentro das espécies desse gênero é demonstrado a partir de trabalhos que buscam subsidiar informações capazes de tornar essa frutífera adaptável a sistemas de cultivo integrado ou monocultivo. De acordo com Oliveira et al. (2011), trabalhando com biometria de frutos das espécies *C. adamantium* e *C. pubescens* verificaram que ambas são morfologicamente semelhantes, entretanto os autores constataram, que de uma maneira geral, os índices de germinação, volume do fruto e acúmulo de massa fresca foram superiores em indivíduos de *C. adamantium*. Dresch et al. (2013), verificaram elevada heterogeneidade na biometria de frutos de *Campomanesia adamantium*, segundo o autor a diferença encontrada nesse sentido se dá devida a elevada variabilidade genética das matrizes, e a fatores ambientais como a disponibilidade hídrica.

Quanto aos aspectos medicinais vários estudos vem comprovando a eficiência no uso de espécies nativas do cerrado. Pavan et al. (2009), em estudo químico, constataram que a espécie *Campomanesia adamantium*, apresenta boa atividade de inibição do *Mycrobacterium tuberculosis*, bactéria causadora da tuberculose.

Coutinho et al., (2008), estudando a determinação de compostos fenólicos e avaliando a capacidade antioxidante da *C. adamantium*, verificaram a existência do sistema α,β insaturado, podendo ser uma fonte natural de

antioxidante, ainda foram encontradas 3 tipos de chalconas variando na concentração de 4,67 mg.g⁻¹ a 232,5 mg.g⁻¹, e 5 tipos de flavonas variando na concentração de 15,62 mg.g⁻¹ a 50,71 mg.g⁻¹, o extrato apresentou elevada atividade antioxidante com variação de DPPH de 52,0 a 92,2% e inibição da oxidação do ácido linoleico de 14,6 a 84,2%, o estudo ainda mostrou que a atividade antimicrobiana foi positiva para o fungo *Candida albicans*.

Adati et al. (2000) investigando as atividades farmacêuticas do óleo essencial e o extrato bruto das folhas de outra espécie, a *Campomanesia phaea* (O. Berg) Landrum, contra bactérias e fungos como o *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa* e *Candida albicans*, verificaram que o óleo teve ação inibitória para *S. aureus*, *C. albicans* e *A. niger*, enquanto o extrato bruto somente inibiu o crescimento de *P. aeruginosa* na concentração entre 62,5 mg e 135 mg de extrato, diluído em meio líquido e testado em microplacas.

2.4 Importância da Domesticação em Frutíferas Nativas

No Bioma Cerrado, existem diversas espécies de fruteiras com potencial para exploração econômica, entretanto devido a ocupação de áreas de ocorrência natural das espécies do Cerrado vem ocasionando fragmentação de populações, ou seja, restam apenas pequenas áreas, denominadas remanescentes, o que pode trazer sérias consequências para a manutenção da variabilidade genética e sobrevivência de várias espécies principalmente as frutíferas nativas (FRANZON, 2016).

A exploração de fruteiras nativas, ocorre na maioria das vezes de forma extrativista, em vista da falta de conhecimento de quem as utiliza, pois muitos não têm o conhecimento técnico da importância desses recursos genéticos e da conservação de germoplasma (CARVALHO et al. 2001).

Dentre os grandes desafios para obtenção de material geneticamente superior de espécies frutíferas nativas além da falta de conhecimento, é a falta de informações relacionadas ao tempo de produção, uma vez que esse fator é considerado crítico devido a perenidade das espécies nativas. A alternativa que contribui para a redução no tempo de produção é a seleção de descritores que possam relacionar-se com a precocidade de produção (KAGEYAMA, 1986).

Normalmente o melhoramento de espécies nativas incluem a demanda por extensas para testes, existem então alternativas que buscam reduzir esse fator limitante, como a seleção precoce intensiva, esse método utilizado para o cajueiro visa aumentar o ganho genético por unidade de área e tempo, essa modalidade de seleção consiste em intensificar o adensamento das plantas na área experimental e avaliar caracteres de alta herdabilidade como altura e diâmetro (CAVALCANTI & RESENDE, 2010).

A seleção precoce é uma alternativa para se obter maior rapidez nos programas de melhoramento, diminuindo o tempo gasto para realizar o ciclo de seleção, de modo a maximizar os ganhos por unidade de tempo, a partir de predição dos parâmetros genéticos, antecipando, assim, as etapas de seleção e recombinação (GONÇALVES et al. 1998; REZENDE et al. 1994).

Resende (2002) cita que a eficiência do método de melhoramento depende do mecanismo genético envolvido na herança do caráter a ser melhorado, como o número de genes que o influenciam, os efeitos e ações gênicas, herdabilidade, repetibilidade e associações com outros caracteres, deste modo, uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos constitui base fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento.

É possível estabelecer estratégias de seleção baseadas na produção precoce, com a definição de épocas que permitam selecionar genótipos superiores com maior probabilidade de acerto, para a característica de maior interesse (PIMENTEL et al. 2008). No caso das nativas seria um menor tempo para a primeira reprodução.

Xavier et al. (2009), cita que a seleção fenotípica é usualmente a mais utilizada no melhoramento vegetal devido a sua plasticidade, baixo custo, rapidez, além de refletir bem a interação “genótipo x ambiente”, que atua fortemente em espécies florestais, em vista de seu ciclo longo. Ainda de acordo com os autores o processo seletivo não deve se basear apenas nos dados observados na avaliação de campo, devido aos vários fatores que podem estar influenciando no comportamento do genótipo, esses dados fenotípicos devem ser transformados em dados genéticos empregando-se funções matemáticas específicas.

A quantificação da variabilidade genética existente em um material que será introduzido a um programa de melhoramento e uma etapa imprescindível,

dentro do melhoramento de espécies frutíferas nativas não é diferente, nesse caso a quantificação e caracterização da diversidade genética pode ser realizada a partir de descritores, esses descritores auxiliam tanto na escolha de um material superior para posteriormente ser trabalhado em um programa de melhoramento, quanto para expor a variabilidade genética contida no material. Portanto quanto maior a variabilidade genética do material maior a possibilidade de se encontrar indivíduos com características agronômicas desejáveis, tanto no que tange a precocidade de produção quanto a estabilidade dessa produção (BORÉM & MIRANDA, 2013; BRANDÃO, 2008).

2.5 Importância da Manutenção e Conservação de Germoplasma

A demanda por maiores áreas de produção principalmente para o aumento da produção agrícola do país, causa elevada perda de diversidade por se perder basicamente em áreas nativas de ocorrência de certas espécies de vegetais, considerando ainda que algumas dessas espécies ocorrem em ambiente endêmicos consegue-se mensurar uma perda ainda mais elevada (RIBEIRO & WALTER, 2008).

Segundo Borém & Miranda (2013), o germoplasma é todo o material hereditário de uma espécie ou, ainda, todo o patrimônio genético de uma espécie. Ainda de acordo com os autores há dois métodos básicos para a conservação de germoplasma: conservação *ex situ* e *in situ*.

As coleções de germoplasma funcionam como conservação *ex situ*, em que uma amostra da variabilidade genética de determinada espécie é conservada em condições específicas fora dos habitats naturais. Na conservação *in situ* as espécies são deixadas em seus habitats naturais, objetivando garantir proteção ao conjunto de genes das espécies e, quando necessário, preservar seu ecossistema inteiro (PAIVA, 1994).

Costa et al. (2011), cita que os Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) são uma alternativa para a conservação dos recursos genéticos vegetais. A avaliação da diversidade genética entre os acessos de um BAG resulta em informações sobre potenciais genitores a serem utilizados em programas de melhoramento; possibilita a identificação de duplicatas e o intercâmbio de germoplasma entre pesquisadores; e de acordo com Nass (2007), é uma forma

de conciliar os esforços de conservação da agrobiodiversidade com o desenvolvimento sustentável.

A caracterização morfológica de um banco de germoplasma é normalmente a forma mais acessível de quantificar sua diversidade genética e é bastante utilizada (RITSCHER & HUAMÁN, 2002).

Marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados na caracterização de germoplasma, principalmente por fornecer informações sobre a variabilidade genética do DNA, ao eliminar possíveis efeitos ambientais (Castro et al. 2004).

Para a obtenção de variedades cultivadas, é necessário que haja diversidade genética suficiente para permitir a seleção de indivíduos que possam ser utilizados em programas de melhoramento, portanto, o estudo dos componentes da variabilidade da espécie é fundamental, especialmente para espécies nativas pouco estudadas, cuja magnitude da diversidade ainda não é totalmente conhecida, o estudo dessa variabilidade pode ser realizado a partir de descritores morfológicos e moleculares (COSTA et al. 2011).

2.6 Caracterização da Diversidade Genética

A diversidade genética ou a variabilidade devida a diferenças nos alelos pode ocorrer a diferentes níveis: a) de espécies dentro de ecossistemas, b) de populações dentro de espécies e c) de indivíduos dentro de populações da espécie. A caracterização desses diferentes níveis de diversidade é imprescindível para o planejamento da caracterização e conservação genética (KAGEYAMA, 1986).

Com isso estudos sobre diversidade genética têm sido de grande importância para fins de melhoramento genético e para avaliar o impacto da atividade humana na biodiversidade, também são fundamentais no entendimento de como as populações se estruturam no tempo e no espaço e quais os efeitos das atividades antrópicas nessa estruturação e, por consequência, nas chances de sobrevivência e/ou extinção das espécies (CRUZ et al. 2013).

De acordo com Costa et al. (2011), informações referentes ao desenvolvimento e a variação genética de espécies nativas são fundamentais,

já que a domesticação e a incorporação dessas espécies nos sistemas produtivos regionais, bem como o desenvolvimento de estratégias de conservação eficientes estão estreitamente relacionadas ao conhecimento da magnitude e da distribuição da variabilidade genética nas populações naturais.

Uma das maneiras para mensurar a diversidade genética é a utilização de descritores morfológicos, caracteres qualitativos e quantitativos de fácil detecção, com alta herdabilidade e que sofram pouca variação ambiental, que são utilizados a fim de diferenciar os acessos (PAIVA et al. 2014).

Uma das ferramentas capazes de discriminar a variabilidade genética presente em um grupo de indivíduos são os marcadores moleculares, esses por sua vez fornecem informações sobre a variabilidade genética a nível de DNA. A existência de variabilidade genética é o que baliza os programas de melhoramento, portanto o estudo dos componentes da variabilidade da espécie é fundamental, especialmente para espécies nativas pouco estudadas, cuja magnitude da diversidade ainda não é totalmente conhecida, (COSTA et al. 2011; CHIORATO et al. 2007; CASTRO et al. 2004).

De acordo com Cruz et al. (2011), a diversidade genética pode ser avaliada a partir de descritores agrônômicos, morfológicos, moleculares, bioquímicos, entre outros e até mesmo em análises conjuntas. Ainda de acordo com os autores os valores adquiridos são convertidos em medidas de dissimilaridade que quantificam o quão distantes os indivíduos encontram-se entre si, de um modo geral os estudos referentes a diversidade genética são realizados a partir de informações biométricas com diferentes variáveis, essas por sua vez podem ser classificadas em: variáveis quantitativas discretas ou contínuas; variáveis qualitativas binárias e variáveis qualitativas multicategóricas.

Assis (2011), alega que estudos referentes a caracterização da espécie a partir da investigação da estrutura genética das mesmas, são de suma importância para subsidiar programas de exploração e manejo de recursos vegetais, bem como traçar estratégias de conservação em escala regional.

2.6.1 Caracterização Genética de Frutíferas Nativas, Utilizando-se de Marcadores Morfológicos

Uma das maneiras para mensurar a diversidade genética é a utilização de descritores morfológicos. Caracteres qualitativos e quantitativos de fácil detecção, com alta herdabilidade e que sofram pouca variação ambiental, são utilizados a fim de diferenciar os acessos. Para quantificar a diversidade genética são utilizados diversos métodos de análises multivariadas (PAIVA et al. 2014)

O padrão de desenvolvimento de plantas frutíferas podem ser mensurados a partir de variáveis que apresentem informações de base quantitativa para a aferição do desenvolvimento morfológico em prol de gerar repetibilidade para as características agrônômicas avaliadas, dentre elas: medidas de peso, número de folhas, altura e diâmetro da planta, comprimento e largura de folhas, número de ramificações, bem como a avaliação fisiológica de unidades estruturais como frutos, folhas, raízes, podem fornecer informações que gerem recursos tecnológicos para produção comercial de espécies nativas de interesse econômico (BENINCASA, 1988; BOVI et al. 1988).

Os descritores morfológicos são bastante acessíveis, e conseguem quantificar de maneira eficiente a existência de variabilidade entre os acessos, portanto são ferramentas do melhoramento clássico que vem sendo utilizados para auxiliar na caracterização da diversidade genética (MELO FILHO et al. 2000; CAVALCANTE et al. 2008).

Segundo Coelho et al. (2010), estudos referentes a morfologia da planta são necessários e conseguem definir com maior eficiência os genótipos promissores para trabalhos de melhoramento, as variáveis que são relevantes para o estudo da diversidade genética e os caracteres que não contribuem para a separação dos genótipos, bem como para traçar estratégias e planos de conservação para os recursos genéticos (ALVARES, 2011).

Com isso vários pesquisadores tem balizado seus estudos de modo a encontrar descritores morfológicos que apresentem boa repetibilidade e sejam capazes de expor a variabilidade genética do germoplasma trabalhado. Rezende & Teixeira (2009), verificaram, a partir de características fenotípicas a

existência de diversidade genética de *Campomanesia* spp, em uma área de cerrado estrito sensu em Patrocínio MG. Negreiros et al. (2007), avaliaram a diversidade genética de 34 acessos de maracujazeiro amarelo a partir de 6 descritores morfológicos. Sobrinho et al. (1999), caracterizou geneticamente a partir de caracteres morfoagronômicos acessos de um banco de germoplasma de alho. Cavalcante et al. (2008), realizou estudos nesse âmbito para batata-doce, Pinto et al. (2010), para *Syagrus oleracea* (gueroba), palmeira nativa do Cerrado brasileiro, Carvalho et al. (2012), para *Anacardium humile* a. St. Hill.

Os estudos biométricos visando a investigação da variabilidade genética, são realizados a partir de medidas de dissimilaridade, essas por sua vez são expressas pela distância que um conjunto de variáveis de determinado indivíduo expressam em relação ao outro (CRUZ et al. 2011). Dentro das técnicas de análise estatística a análise multivariada é uma importante ferramenta para classificar germoplasmas, ordenar variabilidades contidas em acessos, bem como analisar relações genéticas entre características e materiais vegetais melhorados (IQBAL et al. 2008).

Outra maneira de se observar o comportamento do material trabalhado, é a utilização de métodos de agrupamento. Entre os métodos propostos para análise de agrupamento, observa-se que os mais utilizados nos programas de melhoramento de plantas são os hierárquicos e os de otimização (ELIAS et al. 2007).

No método de Otimização de Tocher requer a obtenção de uma matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares esses indivíduos formarão o grupo inicial, e um método excludente no entanto um indivíduo não pode participar de dois ou mais grupos, a essência desse método de agrupamento e que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (COELHO et al. 2010; CRUZ et al. 2011).

Os métodos hierárquicos de agrupamento também necessitam de uma matriz de dissimilaridade, no entanto em cada estágio de agrupamento, têm-se a necessidade de recalcular o coeficiente de dissimilaridade entre os grupos estabelecidos e os possíveis candidatos a futuras admissões nos grupos (CRUZ et al. 2011).

2.6.2 Caracterização Genética de Frutíferas Nativas Utilizando-se de Marcadores Moleculares

A avaliação da diversidade genética era, originalmente, realizada a partir de informações fenotípicas relativas às características morfológicas ou de desempenho agrônomico. Contudo os recentes avanços na biologia molecular abriram novas perspectivas para a pesquisa e conservação de espécies e para estudos de biologia populacional. Com a utilização de marcadores moleculares, é possível a detecção da variabilidade existente diretamente no DNA (CRUZ, 2013).

Os chamados marcadores moleculares, são originados das variações no código do material genético (genoma), e que segregam pelas gerações segundo padrão de herança Mendeliana relacionada a características monogênicas ou que apresentam distribuição compatível com as esperadas em características poligênicas (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

Nas últimas décadas os marcadores moleculares surgiram como uma alternativa à redução do tempo de execução de um programa de melhoramento, principalmente quando se trata de plantas perenes, em que se tem procurado associar a informação obtida pelos marcadores, a aspectos de diversidade genética e mapeamento de regiões genômicas com influência em características fenotípicas de interesse (OLIVEIRA et al. 2014).

Com os avanços da genética e da biologia molecular, principalmente, o advento da tecnologia do DNA recombinante, da reação em cadeia da Polimerase (PCR) e do sequenciamento automático do DNA foram desenvolvidas poderosas técnicas para o desenvolvimento de marcadores genéticos úteis na identificação, caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais (FALEIRO, 2007).

O desenvolvimento das técnicas de eletroforese de isoenzimas revolucionou os estudos genéticos durante a década de 1950. Desde então surgiram diversos métodos para detecção de polimorfismo a nível de DNA, a exemplo dos marcadores RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), microssatélites (ou SSR – *Single Sequence Repeat*) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), que permitiram ampla cobertura do genoma, proporcionando um salto qualitativo e

quantitativo em estudos sobre a estrutura das populações e o sistema reprodutivo das espécies (CRUZ et al. 2011).

A PCR (Reação em Cadeia de Polimerase) é uma técnica de amplificação extremamente sensível, podendo detectar uma única molécula de DNA numa amostra ou um fragmento. Os primeiros dados experimentais foram publicados em meados da década de 1980 (SAIKI et al. 1985; ALBERTS et al. 1997). Essa técnica é baseada no uso de uma enzima de replicação denominada de Taq – *Thermus aquaticus*, bactéria termófila da qual se obtém uma das DNAs polimerases termoestáveis utilizadas em PCR (MELO, 2006).

De acordo com Caixeta et al. (2013), o procedimento básico da PCR consiste em: desnaturaç o do DNA fita dupla pelo efeito da alta temperatura (normalmente de 92° a 95°), transformando-a em fitas simples, que servir  de molde para a amplificaç o; anelamento ligaç o do pequeno fragmento de DNA de fita simples, denominado *primer*, ao molde; extens o s ntese da segunda fita do DNA molde por meio da enzima DNA polimerase.

De maneira geral o uso de marcadores   uma t cnica da biotecnologia que auxilia com efici ncia na investigaç o da variabilidade e estruturaç o gen tica de germoplasma, para seu emprego s o necess rios equipamentos para extraç o de DNA, amplificaç o via PCR, separaç o por eletroforese, fotodocumentaç o e an lise estat stica dos descritores gerados (FALEIRO, 2007; FERREIRA & GRATTAPLAGIA, 1998).

2.6.2.1 Marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeats)

Os marcadores moleculares podem ser utilizados como ferramenta para estudos de diversidade gen tica entre indiv duos, dentro e entre populaç es ou esp cies relacionadas (SOUZA et al. 2008). Zietjiewicz et al. (1994), desenvolveram um tipo de marcador gen tico baseado em SSR, os chamados ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), que foi bastante popularizado com os trabalhos de Wolfe e Liston, (1998).

Os ISSR s o r pidos e f ceis de trabalhar al m de gerar um grande n mero de fragmentos polim rficos, entretanto a desvantagem desse marcador   relatada quando o estudo   referente a gen tica de populaç es sendo considerado como um marcador dominante (BRAND O, 2008).

Os *primers* ISSR podem estar ancorados na extremidade 5' ou 3' por 1 ou 4 bases degeneradas, os alelos polimórficos ocorrem sempre que em um genoma ocorra deleção ou inserção em uma sequência, que modifica a distância entre as repetições. Também, ocorre devido a diferenças no comprimento do microssatélite, principalmente nos *primers* ancorados na posição 5' (GOULÃO & OLIVEIRA, 2001). Outra característica desses marcadores é que eles se ligam a regiões de DNA conservada entre regiões de microssatélites dentro do genoma, essas regiões conservadas variam de 100 a 3.000 pb, para as quais são desenhados *primers* únicos de 16 a 20 pb, sua repetibilidade é elevada, e o custo de aplicação dessa técnica é relativamente acessível (CAIXETA et al. 2013; FALEIRO, 2007).

Segundo Lorenzoni et al., (2014), esse tipo de marcador permite a identificação de ampla variabilidade intra e interespecíficas e, com isso, torna-se uma ferramenta bastante útil em programas de melhoramento e estudos de diversidade.

Almeida et al., (2009), utilizou 37 marcadores moleculares ISSR para acessar a diversidade genética de 14 cultivares de cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*). Verificou-se que 7 *primers* foram suficientes para distinguir todas as cultivares de cana-de-açúcar envolvidas nas análises, os resultados mostraram que os marcadores ISSR foram úteis na análise da diversidade genética e geração de padrões genéticos (*fingerprint*), em germoplasma de cana-de-açúcar.

Os marcadores ISSR têm-se mostrado eficientes em diversos estudos de análise da variabilidade genética em fruteiras, dentre elas a manga (ROCHA et al. 2012), o umbu-cajazeira (SANTANA et al. 2011), biribizeiro (LORENZONI et al. 2014), a Gabirobeira *Campomanesia* spp (AMARAL et al., 2015; SABADIN & SCHUHLLI, 2013), e espécies do gênero *Psidium* (goiabeira) (OLIVEIRA et al., 2014).

Para o estudo da diversidade dentro de uma população ou entre acessos, a partir de informações de marcadores dominantes, podem-se adotar técnicas de agrupamento ou de projeção de medidas de dissimilaridade, em ambas as situações, torna-se necessária a matriz de dissimilaridade entre pares de indivíduos por meio de índices apropriados (CRUZ et al. 2011).

Segundo Cruz et al. (2013), os coeficientes de similaridade (S), originalmente propostos para estudos de taxonomia numérica, utilizam esse tipo de informação molecular como variáveis binárias, codificadas como 0 na ausência da banda e 1 na presença dela, confeccionando desse modo os coeficientes de similaridade entre pares de acessos que são obtidos considerando-se:

- a) número de coincidências do tipo 1-1 para cada par de acessos;
- b) número de discordâncias do tipo 1-0 para cada par de acessos;
- c) número de discordâncias do tipo 0-1 para cada par de acessos; e
- d) número de coincidências do tipo 0-0 para cada par de acessos.

Dentre os diversos coeficiente utilizados para estudos de diversidade genética, cita-se o coeficiente de Jaccard que considera o número de coincidências do tipo 1-1 sob o número de coincidências do tipo 1-1 somado ao número de discordâncias do tipo 1-0 e 0-1, gerando assim um índice de similaridade, a matriz de dissimilaridade e gerada pela matriz de complementariedade (1-S).

Desse modo os marcadores ISSR podem contribuir em programas de melhoramento vegetal, tanto por permitir acessar a informação genética dos acessos, quanto para seleção de genótipos a serem utilizados futuramente como genitores de novas cultivares, também são aplicados em estudos de diversidade genética, “*fingerprinting*” e seleção assistida (COSTA, 2010).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição do Banco de Germoplasma de *Campomanesia spp*

No final do ano de 2009 foram planejadas expedições de coleta de material propagativo (sementes) de *Campomanesia spp* para que se instituisse uma coleção “*ex situ*” da espécie no Campus da UFG em Jataí. Foi feito o levantamento de pontos de ocorrência da espécie no estado de Goiás, optando por estabelecer uma coleção do estado. Assim, foram coletadas sementes de 140 matrizes em 17 municípios (procedências) para constituir as progênies na coleção: Abadiânia (Ab), Alexânia (Al), Anápolis (An), Caçú (Cç), Caiapônia (Ca), Caldas Novas (CN), Catalão (Ct), Goianira (Go), Jataí (Ja), Mineiros (Mi),

Ouvidor (Ou), Pirenópolis (Pi), Quirinópolis (Qu), Rio Verde (RV), Santa Rita do Araguaia (SR), Serranópolis (Se) e Três Ranchos (TR).

Após as coletas, foram produzidas as mudas em casa de vegetação e estabelecido o campo “*ex situ*”, sendo o transplante em campo feito em abril de 2010 utilizando o delineamento em blocos ao acaso em quatro repetições com espaçamento de 2 m entre fileiras x 1 m entre plantas e parcelas compostas por quatro plantas. Portanto, a coleção conta com 140 matrizes provenientes dos diferentes municípios (procedências), sendo que para cada matriz coletada 16 plantas foram implantadas no campo de conservação “*ex situ*” distribuídas em 4 blocos.

A primeira avaliação da coleção foi feita por Assis (2011) e, por ser um trabalho de longo prazo, o prosseguimento das avaliações é indispensável para o bom conhecimento da coleção e seu potencial uso como preservação do recurso genético e no sistema produtivo. Parte da coleção encontra-se na fase reprodutiva, o que diferencia as genótipos da coleção em termos de adaptação ao ambiente “*ex situ*” e diversidade quanto ao ciclo. Assim, parte dos genótipos floresceram no ano de 2013; outra parte só floresceu pela primeira vez no ano de 2014 e o restante da coleção não floresceu em 2013 e nem em 2014.

3.2 Material de Estudo

No presente trabalho foram utilizadas 93 genótipos que estão na coleção de germoplasma de *Campomanesia* spp da UFG-Regional Jataí, sendo estabelecidos três subgrupos (florescimento no ano de 2013, florescimento somente no ano de 2014 e não florescimento em 2013 e nem 2014). Para compor o subgrupo de florescimento em 2013, designado neste trabalho com F13, foram identificados 60 genótipos; para compor o subgrupo florescimento no ano de 2014, designados neste trabalho com F14, foram identificados 17 genótipos e para compor o subgrupo que não floresceu, designado neste trabalho como NF, foram identificados, aleatoriamente dentro da coleção 16 genótipos. A identificação com os códigos de florescimento, códigos de campo e a origem (procedência) encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1. Identificação dos 93 genótipos estudados, dentro da Coleção Goiana de Germoplasma de *Campomanesia* spp.

Grupo de Florescimento	Código do Genótipo no Campo	Procedência
NF	NF-01	Santa Rita - Go
NF	NF-02	Caiapônia - Go
NF	NF-03	Catalão - Go
NF	NF-04	Caldas Novas - Go
F13	F13-05	Goianira - Go
F13	F13-06	Caldas Novas - Go
NF	NF-07	Três Ranchos - Go
F13	F13-08	Caiapônia - Go
NF	NF-09	Goianira - Go
NF	NF-10	Ouvidor - Go
NF	NF-11	Mineiros - Gp
NF	NF-12	Goianira - Go
NF	NF-13	Três Ranchos - Go
F13	F13-14	Catalão - Go
F14	F14-15	Mineiros - Gp
F13	F13-16	Três Ranchos - Go
F14	F14-17	Catalão - Go
F13	F13-18	Caiapônia - Go
F13	F13-19	Ouvidor - Go
F13	F13-20	Ouvidor - Go
F13	F13-21	Caldas Novas - Go
F14	F14-22	Santa Rita - Go
F13	F13-23	Catalão - Go
F13	F13-24	Santa Rita - Go
F14	F14-25	Santa Rita - Go
F13	F13-26	Goianira - Go
F13	F13-27	Ouvidor - Go
F13	F13-28	Ouvidor - Go
F13	F13-29	Três Ranchos - Go
F13	F13-30	Caiapônia - Go
F14	F14-31	Caiapônia - Go
F14	F14-32	Goianira - Go
F13	F13-33	Caiapônia - Go
F13	F13-34	Mineiros - Go
F13	F13-35	Catalão - Go
F13	F13-36	Goianira - Go
F14	F14-37	Santa Rita - Go
F14	F14-38	Santa Rita - Go
F14	F14-39	Caiapônia - Go
F13	F13-40	Caçu - Go
NF	NF-41	Anápolis - Go
F14	F14-42	Jataí - Go

Tabela 1. Cont.

Grupo de Florescimento	Código do Genótipo no Campo	Procedência
NF	NF-43	Pirenópolis - Go
F13	F13-44	Serranópolis - Go
F13	F13-45	Anápolis - Go
NF	NF-46	Anápolis - Go
F14	F14-47	Serranópolis - Go
F14	F14-48	Jataí - Go
F13	F13-49	Serranópolis - Go
NF	NF-50	Caçu - Go
F13	F13-51	Jataí - Go
F14	F14-52	Caçu - Go
F13	F13-53	Pirenópolis - Go
NF	NF-54	Abadiânia - Go
F13	F13-55	Rio Verde - Go
F13	F13-56	Pirenópolis - Go
F13	F13-57	Pirenópolis - Go
NF	NF-58	Rio Verde - Go
F13	F13-59	Anápolis - Go
F14	F14-60	Alexânia - Go
F13	F13-61	Jataí - Go
F13	F13-62	Caçu - Go
F13	F13-63	Rio Verde - Go
F13	F13-64	Pirenópolis - Go
F14	F14-65	Jataí - Go
F13	F13-66	Abadiânia - Go
F13	F13-67	Serranópolis - Go
F13	F13-68	Alexânia - Go
F13	F13-69	Caçu - Go
F13	F13-70	Alexânia - Go
F13	F13-71	Caçu - Go
F13	F13-72	Quirinópolis - Go
F13	F13-73	Rio Verde - Go
F14	F14-74	Abadiânia - Go
F13	F13-75	Pirenópolis - Go
F13	F13-76	Rio Verde - Go
F13	F13-77	Abadiânia - Go
F13	F13-78	Quirinópolis - Go
F13	F13-79	Pirenópolis - Go
F13	F13-80	Rio Verde - Go
F13	F13-81	Alexânia - Go
F13	F13-82	Caçu - Go
F13	F13-83	Alexânia - Go
F13	F13-84	Caçu - Go

F13	F13-85	Alexânia - Go
F13	F13-86	Jataí - Go

Tabela 1. Cont.

Grupo de Florescimento	Código do Genótipo no Campo	Procedência
F13	F13-87	Serranópolis - Go
F13	F13-88	Alexânia - Go
F13	F13-89	Rio Verde - Go
F14	F14-90	Alexânia - Go
F13	F13-91	Serranópolis - Go
F13	F13-92	Jataí - Go
F13	F13-93	Serranópolis - Go

Onde: NF: Não florescimento dos anos de 2013 e 2014; F13: Florescimento em 2013; F14: Florescimento em 2014.

3.3 Caracterização Genética Utilizando-se Marcadores Morfológicos

Para caracterização genética com base em dados morfológicos foram avaliados caracteres agrônômicos de interesse no âmbito quantitativo, sendo os dados coletados em três momentos: dois durante o período reprodutivo (florescimento) que coincide com o final do período das secas e início do período chuvoso (fim do mês de setembro e início do mês de outubro), e um durante o período vegetativo (início do mês de maio), que coincide com o fim do período chuvoso. Conforme a classificação climática proposta por Koppen para a região.

Na ocasião foram medidos os 2240 genótipos de gabirobeira que compõem a coleção. Além das avaliações quantitativas, foi observado em cada indivíduo avaliado a presença de estruturas reprodutivas como botão floral, flor e fruto, para posteriormente definir a porcentagem de indivíduos que floresceram como um todo dentro da coleção.

A quantificação biométrica das variáveis quantitativas, foram realizadas periodicamente, perfazendo duas avaliações anuais, sendo, uma delas, no período reprodutivo. Foram mensurados os seguintes caracteres: Altura da planta, considerando a haste de maior altura (AP); Largura da copa em sua parte mais extensa (LC); Número de ramificações originadas na base da planta, no nível do solo (NR); Comprimento da folha completamente

desenvolvida (CF); Largura da folha completamente desenvolvida (LF); Diâmetro do caule principal ao nível do solo (DCP).

3.3.1 Estimativa da Divergência Genética com Base nos Descritores Morfológicos

Para a quantificação da divergência genética realizou-se análises multivariadas, estimando-se a distância Euclidiana média obtida a partir das médias dos genótipos avaliados com base nos descritores morfológicos avaliados. Para estimativas da distância Euclidiana média utilizou-se procedimento citado por Cruz et al. (2011), conforme a seguir:

$$D_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum (Y_{ij} - Y_{i'j})^2}$$

Em que:

$D_{ii'}$: distância euclidiana média

v: número de variáveis;

Y_{ij} : observação no i-ésimo genótipo para a j-ésima característica;

$Y_{i'j}$: observação no i-ésimo genótipo para a j-ésima característica entre o par de genótipos i e i'.

Para delimitação dos grupos, utilizou-se a técnica de otimização de Tocher, citado por Rao (1952), e como método hierárquico o UPGMA (Método da Ligação Média Entre Grupos) (SNEATH & SOKAL, 1973). O ponto de corte para obtenção dos grupos no dendrograma foi feito conforme metodologia citada por Cruz et al. (2011), utilizando-se o critério de determinação do número de grupos proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias), usando $K=1,25$. Ainda foi feito a dispersão gráfica dos genótipos em estudo, utilizando para tal o método dos componentes principais, com dimensão gráfica de acordo com a explicação dos primeiros componentes. Pois, segundo Arriel et al. (2006), a interpretação por mais de um método reduz inferências errôneas. Para definir a importância relativa das características na divergência genética foi utilizada a metodologia de Singh (1981), que indica a importância relativa de acordo com a contribuição na explicação da variação total contida no material em estudo.

Foi realizada análise discriminante com base na técnica dos componentes principais, uma vez que essa técnica não necessita das estimativas da matriz de dispersão residual. Os 93 genótipos aqui estudados são considerados cada um como um tratamento, a análise estatística foi realizada, considerando-se o seguinte modelo (CRUZ et al. 2011):

$$Y_{ijk} = \mu_k + P_{ik} + I_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : valor para uma variável k , do j -ésimo indivíduo dentro do i -ésima população, ou grupo;

μ_k : média geral da i -ésima variável

P_{ik} : efeito da i -ésima população, considerando a variável k ; e

I_{ijk} : efeito do j -ésimo indivíduo dentro do i -ésimo população, considerando a variável k .

A análise estatística foi realizada pelo programa computacional Genes. (Cruz, 2013). Os dendrogramas e gráficos foram confeccionados com o auxílio do software Statistic.

3.4 Caracterização Genética Utilizando Marcadores Moleculares ISSR (*Inter Single Sequence Repeats*)

Para caracterização genética com base em dados moleculares foram coletadas três folhas em estágio intermediário de maturação conforme metodologia descrita por Faleiro et al. (2003), nos 93 genótipos em estudo. As folhas foram coletadas no dia em que se procedeu a extração, essas eram acondicionadas em tubo Falcon® com capacidade volumétrica de 100 ml e encaminhadas ao Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da UFG-Regional Jataí, onde as análises moleculares foram realizadas.

3.3.1 Extração de DNA Genômico

A extração do DNA genômico foi realizada utilizando a metodologia proposta por Faleiro et al. (2003) e adaptada por Carvalho et al., (2012). Após a extração, o DNA total de cada uma das plantas foi quantificado por espectrofotometria Nanodrop®, para análise de pureza, concentração e

diluição com base nas leituras de absorvância de 260 nm a 280 nm. A relação A_{260}/A_{280} indica qualidade satisfatória quando varia entre 1,4 a 2,2, sendo considerada ideal quando a variação vai de 1,6 a 2,0.

Para análise da integridade do DNA, o material foi submetido a eletroforese em gel de agarose 0,8 %. Foram utilizados 5 μL de DNA diluído e 3 μL da mistura de azul de bromofenol. A integridade do DNA é fundamental para a nitidez e reprodutibilidade dos produtos de amplificação da PCR.

Em seguida a solução estoque do DNA de cada genótipo foi diluída para a concentração final de trabalho de aproximadamente 50 μL^{-1} .

3.3.2 Reações de Amplificação do DNA de *Campomanesia spp*

As reações de PCR, as amplificações e fotodocumentação dos géis, foram realizadas no Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da UFG-Regional Jataí.

As reações foram preparadas em microtubos eppendorf com capacidade volumétrica para 200 μL . Utilizou-se um volume final de 13 μL para as reações de amplificação dos primers ISSR's, contendo: 6,5 μL de 2x PCR MasterMix (*Taq* Polimerase, Tampão de PCR e dNTPs) da marca abm® que corresponde a 1X da solução, 1,0 μL de MgCl_2 (a 3Mm), 1,0 μL de BSA (a 0,25 ng/ μL), 1,3 μL de *primer* (a 0,4 μM), 2,2 de água ultrapura Mili-Q®, e 1,0 μL de DNA (a 50 ng).

As amplificações foram realizadas em termociclador Veriti 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems), nas seguintes condições: 94° C por 4 minutos (1 ciclo), 94°C por 1 minuto 42-50°C por 45 segundos (dependendo do *primer*), 72°C por 1 minuto (40 ciclos) e extensão final a 72° C por 7 minutos. Os produtos da PCR foram corados com 3 μL da mistura de azul de bromofenol e levados para separação em eletroforética por 3 horas, em gel de agarose a 2,5% corado com brometo de etídio e submerso em tampão TBE 1X (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 Mm), a 80 volts. Decorrido o tempo de corrida de eletroforese o gel foi retirado da cuba e levado para aparelho de fotodocumentação. Os géis foram fotografados sobre fonte de luz ultravioleta revelando os fragmentos de DNA.

3.3.3 Seleção de *primers* para a obtenção dos marcadores ISSR

Inicialmente, foi realizado um *screen*, utilizando-se 3 genótipos dentro dos 93 estudados, para testar 17 *primers*, que foram constatados na literatura como eficientes para acessar a variabilidade genética de espécies da família Myrtaceae (BALASARAVANAN et al. 2005; BALASARAVANAN et al. 2006; BRANDÃO, 2008; OKUN et al. 2008; CARVALHO et al. 2012; GRATTAPAGLIA et al. 2012; SHANMUGAPRIYA et al. 2014), os *primers* aqui utilizados são da marca Sigma e possuem temperatura de anelamento de 42°C a 50°C, como demonstrado na Tabela 2. Destes foram selecionados 13 de maior porcentagem de polimorfismo.

Tabela 2. Relação e descrição dos 17 *primers* ISSR testados para as análises moleculares de 93 genótipos de *Campomanesia spp*

<i>Primer</i>	% GC	Temperatura de Anelamento
(AG)8YC	50	44
(AG)8YT	44	42
(CA)7YC	50	44
(CA)7YG	50	45
(CTCT)4RC	53	43
(GA)8YC	50	43
(GGAGA)3	60	44
(GT)8R	50	44
(TC)8G	53	44
GAC(CAA)5	40	42
TA(CAG)4	57	44
(AC)9T	47	50
(CA)8G	53	47
(CA)8T	47	46
(CT)8GC	56	46
(GTG)4RC	68	48
HVH(TG)7	49	47

3.3.4 Porcentagem de polimorfismo

A porcentagem de polimorfismo foi primeiramente avaliada para cada marcador ISSR, por meio da estimativa da porcentagem de polimorfismo presente nos locos, considerando-se os 93 genótipos e posteriormente para cada grupo simultaneamente FF13, P14 e Não Florescimento, foi utilizada a seguinte expressão:

$$P = \frac{n^{\circ} \text{ de locos polimórficos}}{n^{\circ} \text{ total de locos}}$$

3.3.5 Análise estatística com base nos dados moleculares

Os marcadores ISSR gerados foram analisados de acordo com a presença (1) ou ausência (0) de bandas. As bandas que migraram a mesma distância no gel foram consideradas como pertencentes ao mesmo loco. A matriz binária estabelecida foi utilizada na obtenção das estimativas de similaridades genéticas (S_j) entre os pares dos genótipos, com base no coeficiente de Jaccard (REIF et al., 2005).

$$S_j = \frac{a}{a+b+c}$$

Em que:

a: número de coincidências do tipo 1-1 para cada par de avaliado;

b: número de discordâncias do tipo 1-0 para cada par de avaliado;

c: número de discordâncias do tipo 0-1 para cada par de avaliado.

As estimativas de similaridades foram convertidas em dissimilaridades (d_j) por meio do complemento aritmético, utilizando a seguinte expressão:

$d_j = 1 - S_j$. A visualização das dissimilaridades genéticas entre os genótipos foi organizada por três métodos: técnica de otimização de Tocher, citado por Rao (1952), dendrograma gerado pelo método UPGMA (Unweighted pair-group method averages) (SNEATH & SOKAL, 1973), sendo o ponto de corte para obtenção dos grupos no dendrograma estabelecido conforme metodologia citada por Cruz et al. (2011), utilizando-se o critério de determinação do número de grupos proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos

níveis de fusões (distâncias), usando $K=1,25$. Ainda foi feita a dispersão gráfica utilizando o método das coordenadas principais.

A análise estatística foi realizada pelo programa computacional Genes. (Cruz, 2013). Os dendrogramas e gráficos foram confeccionados com o auxílio do software Statistic.

3.3.6 Análise Molecular de Variância

A grau de variação da extensão genética foi avaliado a partir da AMOVA (Análise Molecular de Variância), obtida pelo método mais comumente utilizado para dados de marcadores “dominantes”, proposta por Excoffier et al., (1992).

A análise foi realizada pelo software computacional Genes (Cruz, 2013). A expressão matemática que descreve a AMOVA é um modelo hierárquico que considera os níveis de grupos e genótipos dentro de grupos conforme a seguinte equação (CRUZ et al. 2011):

$$X_{ijk} = x + ak + bjk + cij + e$$

Em que:

x: é a média geral;

a: é o efeito de regiões;

b: de populações; e

c: de haplótipos dentro de população, dentro de regiões.

Estes efeitos são aditivos, aleatórios e independentes, associados aos componentes de variância, σ^2_a , σ^2_b , σ^2_c , respectivamente, e a variância total (σ^2_t) é obtida pela soma destes.

O método parte de uma matriz com os quadrados das distâncias entre todos os pares haplótipos, neste caso, a combinação de marcadores moleculares presentes em alguma área definida do genoma. Assim, o haplótipo de um indivíduo é representado por um vetor p, com valores 0 se a banda homóloga tiver ausente e 1 se esta estiver presente (EXCOFFIER et al.1992). No presente trabalho foram avaliados 93 genótipos, oriundos de 17 procedências, o coeficiente de dissimilaridade utilizado foi o de Jaccard.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Estimativa da divergência genética com Base nos Descritores Morfológicos

4.1.1 Descritores Morfológicos

O total de genótipos que compõem a coleção de germoplasma de *Campomanesia* spp, perfazem cerca de 2240 genótipos provenientes de 17 procedências, com 140 matrizes, onde pode-se constatar que durante o início do mês de outubro na ocasião da primeira avaliação (R_1), 31% da coleção apresentava estruturas reprodutivas (botões florais, flores ou frutos).

Na terceira avaliação (final de setembro início de outubro) (R_3), o total de genótipos que apresentavam estrutura reprodutiva compreendiam cerca de 35,1% do total, com isso pode-se inferir que esses indivíduos se sobressaem em relação ao primeiro florescimento e frutificação em relação aos demais genótipos. A gabirobeira por ser uma planta nativa e ainda não domesticada, a mesma não apresenta regularidade na frutificação resultando em um elevado coeficiente de variação. Dados de tempo de floração e frutificação podem ser indicadores para seleção de matrizes e obtenção de maiores produtividades (AJALLA, 2012).

Durante o período de condução do estudo, que compreenderam três avaliações morfológicas, foram utilizados 17 descritores para estimar a divergência genética. Os descritores morfológicos utilizados apresentam elevada variação para os 93 genótipos de *Campomanesia* spp estudados. A uniformidade entre os genótipos em estudo, medido pelo coeficiente de variação, apresenta valores de 24,63 a 59,00 para os caracteres de variação contínua e, para os de variação discreta (número de ramificação) mostrou-se superior a 90%, o que, de forma geral, indica variabilidade entre o material em estudo (Tabela 3).

Os descritores morfológicos que apresentaram variação acentuada entre os genótipos são também importantes características agrônomicas. Nestes casos, a existência de variação indica a possibilidade da utilização da coleção de germoplasma para obtenção de ganhos no melhoramento da gabirobeira.

As variáveis número de ramificação e largura da copa, apresentaram elevada variação, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos estudados. Essas variáveis são importantes caracteres agrônomicos pois determinam o espaçamento entre plantas em cultivos comerciais.

Tabela 3. Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para 93 genótipos de *Campomanesia* spp

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV %	Variância	Desvio Padrão
AP R ₁ (cm)	77,41	15	153	31,52	595,15	24,39
AP V ₂ (cm)	80,72	27	146	30,95	624,09	24,98
AP R ₃ (cm)	75,98	20	133	33,46	646,45	25,4
LC R ₁ (cm)	72,16	8,15	170	45,92	1098,25	33,13
LC V ₂ (cm)	78,16	14	180	44,47	1208,49	34,76
LC R ₃ (cm)	73,04	12	198	45,39	1099,52	33,16
DCP R ₁ (mm)	15,11	2,5	42,26	47,78	52,16	7,22
DCP V ₂ (mm)	15,57	0,66	52,44	55,98	75,98	8,71
DCP R ₃ (mm)	15,76	1,65	64,59	59,08	86,74	9,31
CF R ₁ (mm)	77,07	18,42	113,43	24,63	360,39	18,98
CF V ₂ (mm)	78,77	17,56	120,15	25,61	407,05	20,17
CF R ₃ (mm)	74,68	24,81	147,06	28,69	459,04	21,42
LF R ₁ (mm)	32,56	12,61	119,11	38,33	155,77	12,48
LF V ₂ (mm)	28,34	12,67	59,61	36,85	109,05	10,44
LF R ₃ (mm)	30,43	8,74	124,06	43,91	178,63	13,36
NR V ₂ (n)	3,27	1	14	90,83	6,98	2,64
NR R ₃ (n)	3,51	1	20	92,88	10,66	3,26

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

Em relação aos descritores avaliados muitos encontram-se em consonância com a literatura. Mendonça (2015), encontrou valores de altura de

plantas de gabirobeira em ambientes naturais de ocorrência variando de 80 m a 200 cm.

4.1.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos

Para análise da dissimilaridade baseada nos 17 descritores morfológicos, obtida a partir da distância Euclidiana média entre os 93 genótipos avaliados, verificou-se que o NF-09 e F13-34, foram os mais divergentes com valor de distância Euclidiana média de 0,67, e os mesmos foram inseridos em grupos diferentes na análise de agrupamento (tabela 4) sendo o genótipo NF-09 caracterizado como não florido, proveniente do município de Goianira-Go. Já o genótipo F13-34 da procedência de Mineiros-Go é caracterizado como tendo o primeiro florescimento no ano de 2013, a distância geográfica entre esses municípios e de 443 km. A menor distância encontrada obteve o valor de 0,063, entre os genótipos F13-44 e F13-83, foram inseridos num mesmo grupo na análise de agrupamento (tabela 4). O genótipo F13-44 (floresceu em 2013) e é originado de Serranópolis-Go e o F13-83 (floresceu em 2013), oriundo de Alexânia-Go, a distância geográfica entre esses municípios e de 497 km.

Assis et al. (2013), estudando 140 matrizes de *Campomanesia* spp oriundas de 17 procedências verificou que, a dissimilaridade encontrada baseada em descritores morfológicos e moleculares, foram concordantes em apontar que a distância genética entre os indivíduos são independentes da região, pois a dispersão destas plantas são feitas em sua maioria pela avifauna, que consegue percorrer longas distâncias. O estudo ainda mostra que existe muita variabilidade dentro das procedências, o que facilita a coleta de material para estudo e conservação da espécie.

A análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 4) com base na matriz de dissimilaridade entre os 93 genótipos estudados, levou a formação de 4 grupos sendo que o primeiro grupo contempla cerca de 96,7% de todos os genótipos avaliados, devido a isso foi realizado o reagrupamento do grupo 1 em subgrupos, conforme sugerido por Negreiros et al. (2007), indicando ser este procedimento interessante pois mostra que existe ainda alta variabilidade dentro do grupo. Isto se justifica pelo princípio da

técnica, pois o valor que estabelece se o indivíduo pertence ou não a um determinado grupo é obtido pela maior distância entre as menores distâncias de todas de cada genótipo em relação a todos avaliados. Assim, se um genótipo é muito diferente dos demais, a sua menor distância em relação a todos é um valor de magnitude elevada, o que leva a inclusão de muitos genótipos em um grupo inicial e, implica em redução no número total de grupos. Na presente análise o genótipo F13-34 foi o que apresentou a maior distância entre os mínimos (2,04) assim, a reanálise do grupo 1, deixa este material fora e forma novos grupos com menor possibilidade de genótipo muito discrepante afetar o agrupamento.

Tabela 4. Agrupamento de 93 genótipos de *Campomanesia* spp pelo método de Tocher, tendo como base 17 descritores morfológicos

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1.1	60	F13-44 F13-83 F13-76 F13-24 NF-58 F13-20 NF-13 F14-31 F13-82 F13-75 F14-15 F14-47 F14-48 NF-50 NF-01 NF=43 F13-84 F13-45 F13-27 NF-04 NF-54 F13-77 F13-72 F13-89 F13-71 F13-55 F13-14 F13-62 F13-21 F13-26 F13-91 F13-85 NF-12 F13-40 F13-08 F14-74 F13-53 F13-19 F13-35 NF-10 F13-81 F13-67 F13-49 F14-42 F13-87 F14-37 F13-73 F13-51 F13-29 F13-56 F14-39 F14-65 F14-38 F13-92 NF-02 F13-61 F13-93 NF-46 F13-70 NF-03 F14-60 F13-28 NF-07
1.2	7	F13-59 F13-86 F14-17 F13-06 F13-63 F13-88 NF-09
1.3	7	F13-64 F14-90 NF-11 F13-18 F13-69 F13-05 F14-32
1.4	3	NF-41 F13-66 F13-78
1.5	2	F13-30 F13-79
1.6	2	F13-23 F14-25
1.7	1	F13-16
1.8	1	F13-36
1.9	1	F13-68
1.10	1	F13-80
1.11	1	F14-52
1.12	1	F14-22
2	1	F13-33
3	1	F13-57
4	1	F13-34

Onde: F13: Florescimento no ano de 2013; F14: Florescimento no ano de 2014; NF: Não florescimento durante o período de avaliação.

Com base no reagrupamento pelo Método de Otimização de Tocher, houve a formação de 12 subgrupos para o grupo 1 do agrupamento original, evidenciando a grau de variabilidade que ainda existia dentro do grupo. Pode-se verificar que os indivíduos NF, ficaram condensados até o subgrupo 1.4, os genótipos F13-33, F13-57 e F13-34 se mostraram isolados, quando feito o agrupamento inicial, podendo ser promissores para futuros trabalhos, uma vez que são precoces em relação aos demais e apresentam características morfológicas interessantes, como altura da planta variando de 68 cm a 153 cm, e largura da copa variando de 50 cm a 198 cm.

De acordo com Wagner Júnior (2011) o uso de medidas da divergência genética, obtidas antes de que qualquer cruzamento seja realizado, poderá auxiliar o melhorista a concentrar seus esforços nas combinações mais promissoras, aumentando a eficiência dos programas de melhoramento. No caso da gabirobeira que é caracterizada como uma espécie incipientemente domesticada o uso de caracteres morfológicos da planta como parâmetros de qualidade para a produção se desdobra como alternativa ao início da implementação de um programa de melhoramento para a espécie.

O agrupamento dos dados pelo método UPGMA (Figura 1), utilizando-se a matriz de dissimilaridade com base na distância Euclidiana média para 93 genótipos baseado em 17 descritores morfológicos, gerou a formação de 12 grupos, a correlação cofenética foi de 0,74 e o critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões

Em concordância ao método de Otimização de Tocher o Método hierárquico UPGMA, agrupou os genótipos NF, nos primeiros níveis do dendrograma, com exceção do genótipo NF-41. Cabe salientar que novamente os genótipos, F13-57, F13-33 e F13-34 foram alocados em grupos isolados demonstrando, a divergência desse material em relação aos demais.

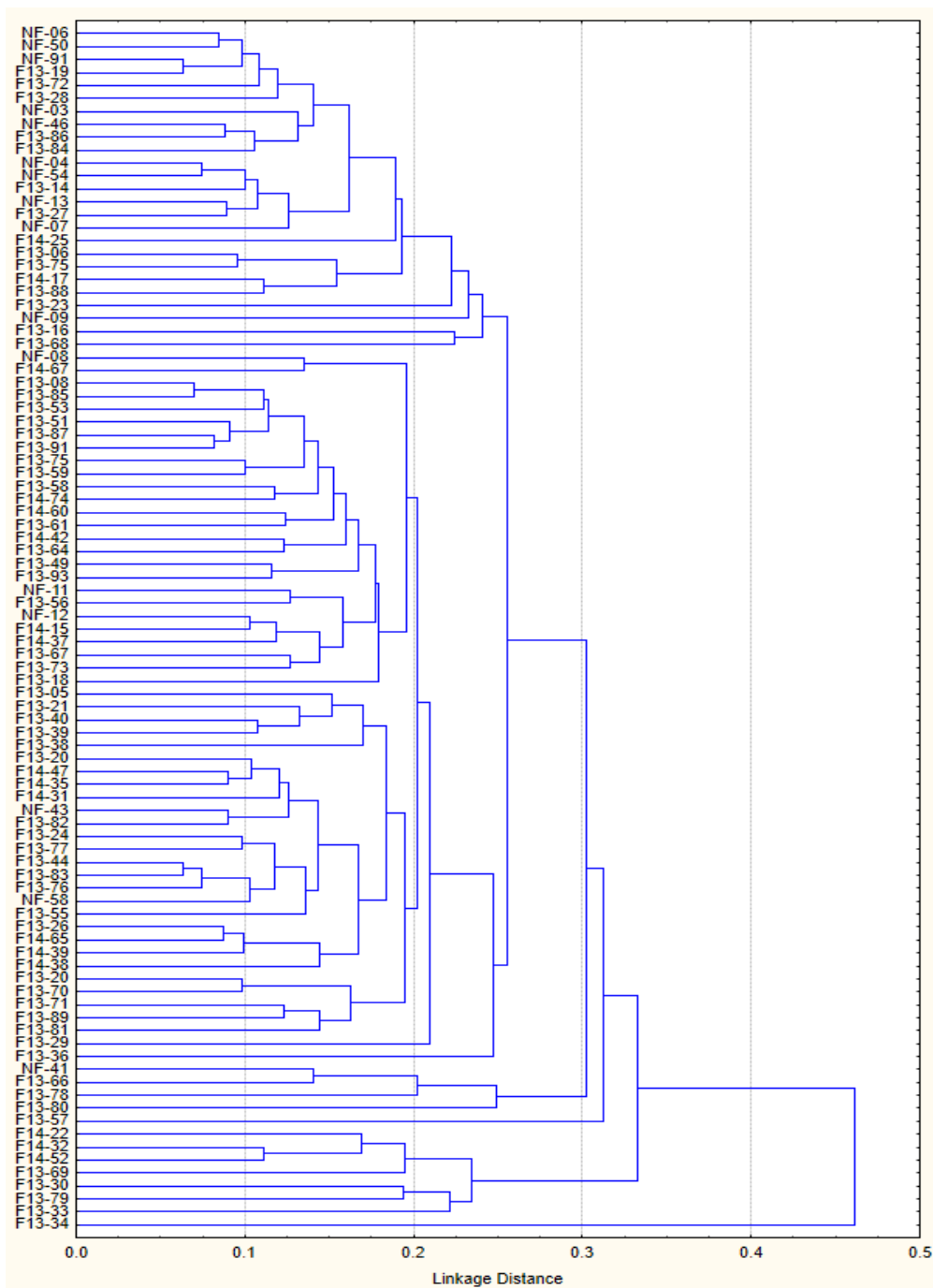


Figura 1. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os 93 genótipos de *Campomanesia spp.*, a partir de 17 descritores morfológicos.

4.1.3 Análise de Componentes Principais

Pela análise de componentes principais (Tabela 5), pode-se constatar que os três primeiros componentes principais explicam cerca de 65,12% da variabilidade morfológica, contida nos 93 genótipos de *Campomanesia spp.*

avaliados. A técnica de componentes principais visa diluir a variação total gerada por todos os descritores morfológicos, em outro conjunto de dimensão equivalente, mas com propriedades importantes, que são de grande interesse em certos estudos de melhoramento. Os componentes principais são uma combinação linear de todos os descritores com cada componente apresentando ortogonalidade, desfazendo o efeito de interdependência entre variáveis (CRUZ et al. 2011).

Tabela 5. Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos de 93 genótipos de *Campomanesia* spp

Componente Principal	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	6,565	38,61	38,61
2	2,332	13,72	52,34
3	2,175	12,79	65,12
4	1,241	7,30	72,44
5	1,033	6,07	78,52
6	0,750	4,41	82,93
7	0,584	3,43	86,37
8	0,571	3,36	89,73
9	0,375	2,20	91,94
10	0,290	1,70	93,65
11	0,253	1,48	95,14
12	0,190	1,11	96,26
13	0,165	0,97	97,23
14	0,164	0,96	98,20
15	0,125	0,73	98,93
16	0,108	0,63	99,57
17	0,722	0,42	100,0

Segundo Cruz & Carneiro (2003), os três primeiros componentes principais devem perfazer um total de explicação de 70 a 80% da variação total do material avaliado. Quando aplicado à técnica de componentes principais grande parte da variação ficou diluída até o 7º componente principal apresentando 86,37% da variância total, isso pode ser explicado pelo fato das primeiras combinações lineares não serem capazes de capitalizar a variação

existente no material em estudo. A plotagem dos escores gerados pelos 3 primeiros componentes principais foi realizada de modo a mostrar a variabilidade existente (Figura 2).

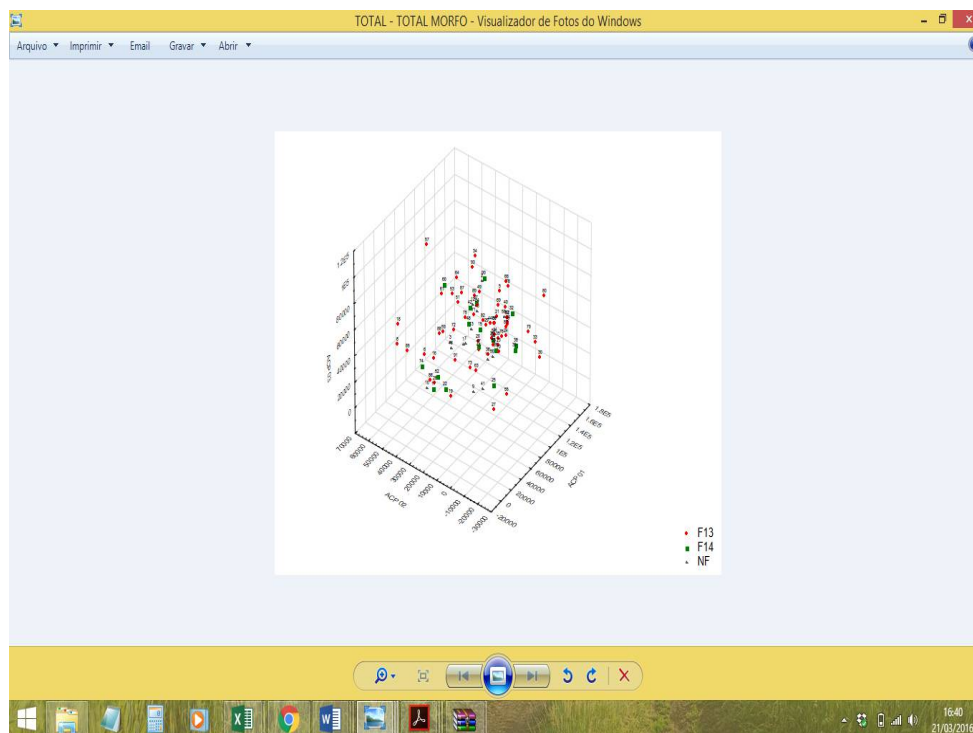


Figura 2. Dispersão gráfica de escores dos 93 genótipos de *Campomanesia* spp. em relação aos três primeiros componentes principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.

Com base na contribuição relativa dos 17 descritores avaliados (Tabela 6), utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), verificou-se que para os genótipos estudados grande parte dos descritores contribuíram de maneira semelhante para a discriminação da variância. As variáveis LF R₁ – largura da folha no estágio reprodutivo na primeira avaliação; LF R₃ – largura da folha no estágio reprodutivo na terceira avaliação, foram as que contribuíram em menores proporções com 2,35% e 2,30%, respectivamente. Segundo Cruz & Regazzi (2001) a importância relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos. Portanto, conhecendo-se o grau de importância das variáveis, pode-se caracterizar uma coleção com uma boa precisão (aproximadamente 90%), porém com um menor número de descritores, diminuindo mão-de-obra, tempo

e custos. Sendo assim os descritores além de inferirem sobre o grau de dissimilaridade envolvido em um conjunto de genótipos pode auxiliar na seleção indireta de genótipos mais adaptados, produtivos e precoces.

Chahidi et al. (2008), relata que a seleção dos caracteres adequados é uma etapa crucial para que se tenha um eficiente conhecimento sobre a discriminação entre grupos de genótipos, os autores demonstraram ser ineficiente o uso de caracteres relacionados com a planta e a folha, no estudo de divergência genética da tangerina (*Citrus reticulata*), sendo os caracteres de fruto mais informativos e úteis nesse caso

Tabela 6. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade (S.j), pelo método de SINGH (1981), para dados padronizados

Variável	S.j	Valor em %
AP R ₃	433,16	8,67
LF V ₂	423,47	8,48
AP V ₂	377,07	7,55
LC V ₂	75,23	7,51
LC R ₁	358,71	7,18
NR V ₂	353,44	7,08
CF R ₁	341,59	6,84
CF V ₂	330,91	6,62
DCP R ₁	282,31	5,65
LC R ₃	271,92	5,45
AP R ₁	267,39	5,35
CF R ₃	262,79	5,26
NR R ₃	252,78	5,07
DCP V ₂	212,49	4,85
DCP R ₃	187,34	3,75
LF R ₁	117,50	2,35
LF R ₃	114,92	2,30

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

Essa metodologia pode evidenciar as variáveis que mais contribuíram para o estudo da diversidade em *Campomanesia* spp, que foram respectivamente, AP R₃ variando de 20 cm a 133 cm e LF V₂ 12,67 mm a 59,61,

com 8,67 e 8,48%. Santana et al., (2013), em estudo caracterizando morfológicamente folhas de genótipos de *Campomanesia* spp, verificou que a largura foliar teve variação de 15 mm a 51,36 mm.

Elias et al. (2007) relata que descritores morfológicos em conjunto com técnicas multivariadas são importantes para se estimar a divergência genética de um conjunto de genótipos disponíveis e verificar os caracteres que mais contribuem para a variabilidade genética nessas populações, e com isso trabalhar conjuntamente de modo a encontrar descritores que sejam mais compatíveis e relatem de forma mais específica características agronômicas de interesse, como altura da planta, largura de copa e dados de produtividade.

A arquitetura da planta deve ser levada em consideração principalmente como estratégia para o tipo de cultivo a ser desenvolvido para a espécie. A gabirobeira por apresentar presença marcante em áreas de Cerrado são extremamente importantes para o reflorestamento e recuperação de áreas degradadas.

Oliveira et al., (2011), trabalhando com características agronômicas e atividade da enzima redutase do nitrato verificou que as plantas de *Campomanesia* sp. apresentaram maior eficiência em assimilar nitrato em condições de seca, ou seja devido a variável LF V2, se tratar da dimensão foliar no período vegetativo caracterizado como déficit hídrico nessa região, a capacidade fotossintética da planta deve corresponder a sua necessidade de produção de carboidrato, bem como a quebra desses para formação de aminoácidos, esse pode ser um fato de essa variável ter sido uma das mais importantes para a discriminação dos genótipos, ou seja algumas plantas dentro do material estudado, se sobressaem por apresentarem uma área foliar maior, acarretando assim em um aumento da taxa fotossintética em períodos de seca, para suprir sua demanda energética.

4.2 Análises Morfológicas – Genótipos F13

4.2.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – F13

Foram caracterizados 60 genótipos como tendo o primeiro florescimento no ano de 2013 (F13), esses contemplam 17 municípios (procedências) sendo

o número de genótipos e as procedências respectivamente: 2 Abadiânia (Ab), 6 Alexânia (Al), 2 Anápolis (An), 6 Caçú (Cç), 4 Caiapônia (Ca), 2 Caldas Novas (CN), 3 Catalão (Ct), 3 Goianira (Go), 4 Jataí (Ja), 1 Mineiros (Mi), 4 Ouvidor (Ou), 6 Pirenópolis (Pi), 2 Quirinópolis (Qu), 6 Rio Verde (RV), 1 Santa Rita do Araguaia (SR), 6 Serranópolis (Se) e 2 Três Ranchos (TR). Esses materiais por terem florescido no ano de 2013 são caracterizados como sendo o material mais precoce dentro da coleção, dentro desse grupo 51 genótipos são de *Campomanesia adamantium* e 9 de *Campomanesia pubences*.

Para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp avaliados, a análise descritiva (Tabela 7) mostra que o maior coeficiente de variação (CV%), encontrado foi para a variável número de ramificações no estágio reprodutivo na terceira avaliação (NR-R₃).

Tabela 7. Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp.

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV %	Variância	Desvio Padrão
AP R ₁	78,04	15	153,00	29,86	534,20	23,31
AP V ₂	81,41	30	146,00	30,44	614,34	24,78
AP R ₃	76,17	20	133,00	33,81	663,53	25,76
LC R ₁	70,43	8,15	151,00	44,76	994,33	31,53
LC V ₂	77,03	14	170,00	45,20	1212,37	34,81
LC R ₃	72,28	17	198,00	47,16	1162,30	34,09
DCP R ₁	15,49	2,5	42,26	50,62	61,51	7,84
DCP V ₂	15,11	0,66	52,44	57,75	76,25	8,73
DCP R ₃	15,38	1,65	64,59	63,94	96,72	9,83
CF R ₁	79,83	5,19	113,43	22,37	319,21	17,86
CF V ₂	79,43	17,56	120,15	25,90	423,33	20,57
CF R ₃	76,62	24,81	147,06	28,67	482,87	27,97
LF R ₁	34,16	16,75	119,11	40,63	192,72	13,88
LF V ₂	28,18	12,67	59,61	36,19	104,10	10,20
LF R ₃	30,74	8,74	124,06	48,19	219,54	14,82
NR V ₂	3,62	1	14,00	76,71	7,69	2,77
NR R ₃	3,98	1	20,00	91,22	13,20	3,63

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

Com isso verifica-se que os indivíduos F13 apresentam um maior número de ramificações variando de 1 a 20 e a largura da copa na terceira avaliação variou de 17 cm a 198 cm, mesmo dentro do grupo consegue-se observar uma elevada variação de genótipo pra genótipo, isso se dá basicamente, pela performance genética de cada um deles em relação aos demais.

As plantas de gabirobeiras são caracterizadas como arbustos altamente ramificados, com essas ramificações eclodindo-se diretamente do solo, ou ramificações a partir de um caule principal, o número de ramificações aumenta o espectro em relação ao tamanho de copa (LORENZI, 2006). O ideal em sistemas de cultivo são plantas que apresentem um caule principal e a partir deles as ramificações, gerando um material com uma arquitetura de copa mais uniforme. Dentro dos genótipos estudados o F13-34, apresentou 1 ramificação principal e a partir dessa, ramificações secundárias e, também, apresentou o maior valor de largura de copa. Podendo assim ser um material promissor em futuros cruzamentos, visando a produção de uma cultivar.

O estágio reprodutivo de plantas de gabirobeira coincide com início da época chuvosa nas regiões do Cerrado, esse tipo de situação faz com que a planta sinta uma necessidade fisiológica, aumentando assim a demanda de fotoassimilados tanto para suprir a demanda da parte aérea quanto das raízes, principalmente para enchimento de frutos, o contrário também é verdadeiro, sob condições de deficiência hídrica, o sistema radicular tende a se desenvolver até que sua necessidade em fotoassimilados seja igual à quantidade que é produzida na parte aérea, se adequando as condições de disponibilidade de água e nutrientes atuais (Taiz & Zeiger, 2004).

Com isso verifica-se que as plantas F13 tanto conseguem suprir essa demanda durante o período de stress hídrico, quanto conseguem aumentar o número de ramificações no período de chuvas bem como o de folhas, conseqüentemente, aumentando a largura da copa, isso é uma estratégia que propicia um aumento da taxa de assimilação, para conversão em carboidratos. Portanto encontrar um material que apresente uma arquitetura de planta ideal,

poderá estar identificando um material que seja mais eficiente tanto em condições de seca, quanto em condições com boa disponibilidade de água.

4.2.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – F13

Para análise da dissimilaridade baseada nos 17 descritores morfológicos, obtida a partir da distância Euclidiana média entre os 60 genótipos que tiveram o primeiro florescimento no ano de 2013, verificou-se que os genótipos F13-34 e F13-63 foram os mais dissimilares, com valor de distância Euclidiana média de 0,651. Esses genótipos correspondem as procedências de Mineiros-Go e Rio Verde-Go, respectivamente. A menor distância encontrada obteve valor de 0,063 entre os genótipos F13-44 e F13-83, das procedências de Serranópolis e Alexânia, respectivamente.

Visando avaliar se existia indivíduos mais similares, procedeu-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 8), com base na medida de dissimilaridade gerada pela distância Euclidiana média para os 60 genótipos caracterizados como os mais precoces dentro da coleção. Por esse método de agrupamento houve a formação de 4 grupos sendo que o primeiro grupo contemplou cerca de 95% de todos os genótipos, destacando-se mais uma vez os genótipos F13-33, F13-34 e F13-57. Pode-se verificar quando realizado o agrupamento pelo método de Otimização de Tocher para os genótipos F13, que os mesmos genótipos mais discrepantes da análise anterior foram os mesmos quando realizado essa análise somente com os genótipos F13, demonstrando que eles são muito dissimilares quando comparados com os demais.

De modo a verificar se existia variabilidade dentro do grupo 1 procedeu-se a análise de reagrupamento, apenas para os 57 genótipos presentes no grupo 1 em subgrupos, essa reanálise, propiciou gerar 11 subgrupos dentro do grupo 1, demonstrando a variabilidade existente dentro desse grupo, esse tipo de análise em reagrupamentos é aconselhável, devido as características gerais da análise de agrupamento gerada pelo método de Tocher, sendo assim uma técnica eficiente para discriminar a variabilidade dos genótipos F13 aqui estudados.

Tabela 8. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 60 genótipos com florescimento no ano de 2013 (F13), de *Campomanesia* spp, tendo como base 17 descritores morfológicos

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1.1	38	F13-44 F13-83 F13-76 F13-24 F13-20 F13-82 F13-75 F13-77 F13-62 F13-21 F13-84 F13-26 F13-55 F13-40 F13-89 F13-92 F13-91 F13-71 F13-49 F13-85 F13-08 F13-87 F13-67 F13-93 F13-73 F13-35 F13-53 F13-51 F13-72 F13-56 F13-29 F13-45 F13-61 F13-27 F13-14 F13-81 F13-70 F13-19
1.2	6	F13-59 F13-86 F13-06 F13-63 F13-88 F13-28
1.3	2	F13-18 F13-64
1.4	2	F13-05 F13-69
1.5	2	F13-66 F13-80
1.6	2	F13-30 F13-79
1.7	1	F13-36
1.8	1	F13-78
1.9	1	F13-23
1.10	1	F13-68
1.11	1	F13-16
2	1	F13-57
3	1	F13-33
4	1	F13-34

O agrupamento dos dados pelo método UPGMA (Figura 3), utilizando-se a matriz de dissimilaridade com base na distância Euclidiana média para 60 genótipos que apresentaram primeiro florescimento em 2013, em 17 descritores morfológicos, indicou a formação de 12 grupos. A correlação cofenética foi de 0,81, o critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias).

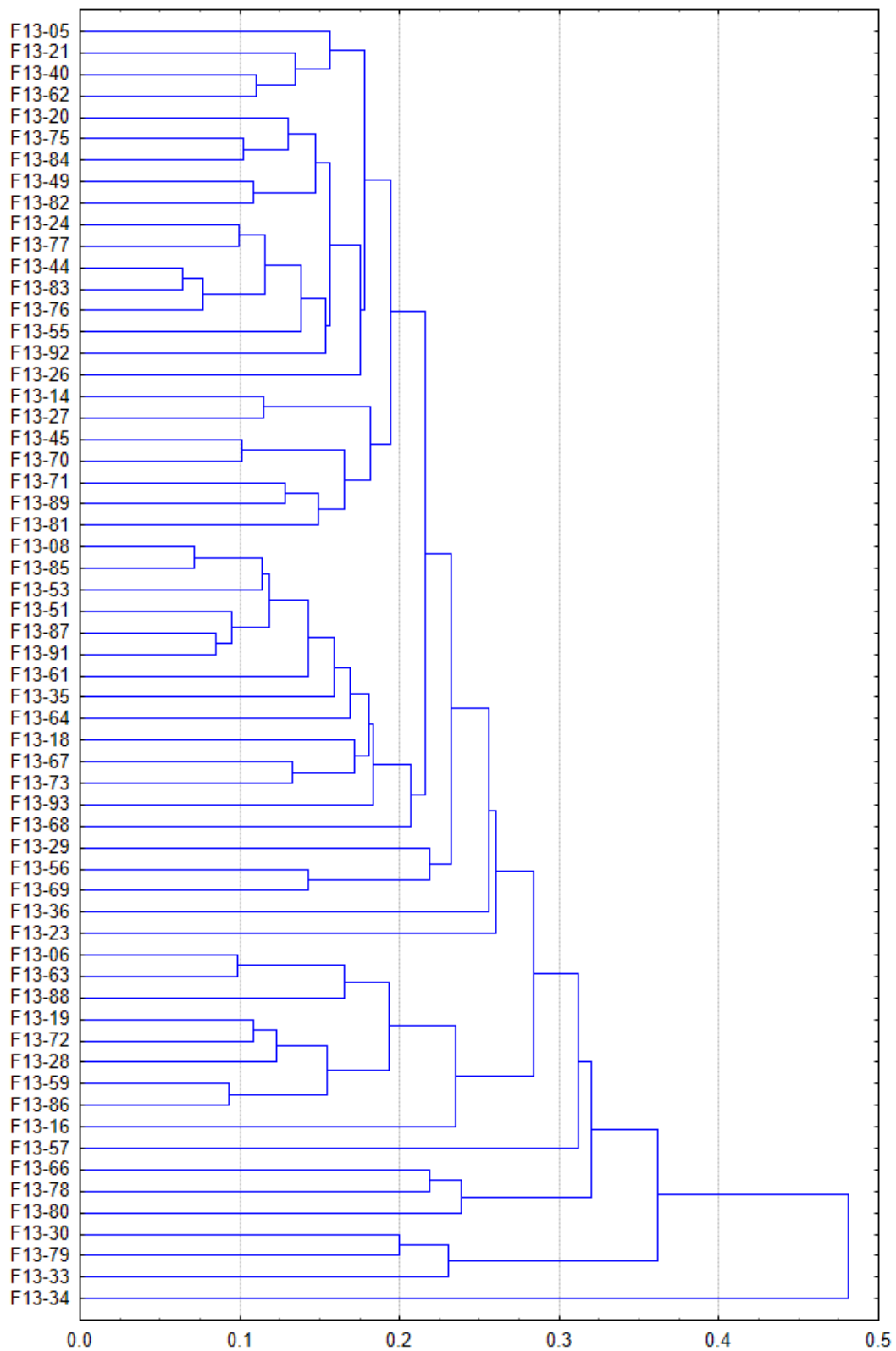


Figura 3. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp, a partir de 17 descritores morfológicos.

O método hierárquico de agrupamento UPGMA, formou 12 grupos, sendo que o primeiro grupo concentrou cerca de 63,3% dos genótipos F13. Em concordância ao método de Otimização de Tocher, os genótipos F13-57, F13-33 e F13-34, ocuparam os níveis mais baixos do dendrograma, sendo alocados em grupos isolados demonstrando, novamente, a divergência desse material em relação aos demais genótipos do grupo F13.

O comportamento desse material se torna interessante, pois mesmo na análise conjunta eles foram os mais discrepantes em relação aos demais, apresentaram maiores médias para praticamente todos os caracteres avaliados, exceto para o número de ramificações, o que não deixa de ser importante quando se deseja uma planta com arquitetura de fuste e copa mais harmônica, principalmente para empregar esse material em sistemas de cultivo consorciado, pois facilita a questão do manejo de pós-plantio, ou seja, nas podas, raleio, colheita.

4.2.3 Análise de Componentes Principais – F13

Pela análise de componentes principais (Tabela 9), pode-se constatar que os três primeiros componentes principais explicam cerca de 62,5% da variabilidade morfológica contida nos 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp avaliados.

Tabela 9. Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para 60 genótipos de *Campomanesia* spp com primeiro florescimento no ano de 2013.

Componente Principal	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	5,744	33,79	33,79
2	2,902	17,07	50,86
3	1,979	11,64	62,50
4	1,423	8,37	70,88
5	1,140	6,70	77,58
6	0,863	5,07	82,66
7	0,610	3,59	86,26
8	0,525	3,08	89,34
9	0,439	2,58	91,93
10	0,344	2,02	93,96

11	0,274	1,61	95,57
12	0,200	1,18	96,76
13	0,156	0,92	97,68
14	0,125	0,73	98,41
15	0,111	0,65	99,07
16	0,101	0,59	99,66
17	0,056	0,33	100,00

Quando aplicado à técnica de componentes principais grande parte da variação ficou diluída até o 8º componente principal apresentando 89,34%. Na análise total com os 60 genótipos F13, o 8º os componentes principais explicou cerca de 89,34% da variação total, com isso pode-se perceber que a variação morfológica é mais evidente nos genótipos F13, esses apresentam elevada variabilidade morfológica, relacionada basicamente a fatores genéticos, isso dá ao pesquisador um amplo espectro pra escolha de materiais, com diferentes conformações morfológicas destinadas a plantios diferenciados. Para verificar o padrão de dispersão dos escores gerados pelos 3 primeiros componentes principais, procedeu-se confecção de um gráfico tridimensional conforme demonstrado na Figura 4. Demonstrando que os genótipos F13-57 e F13-33, se apresentaram mais isolados do restante dos genótipos avaliados.

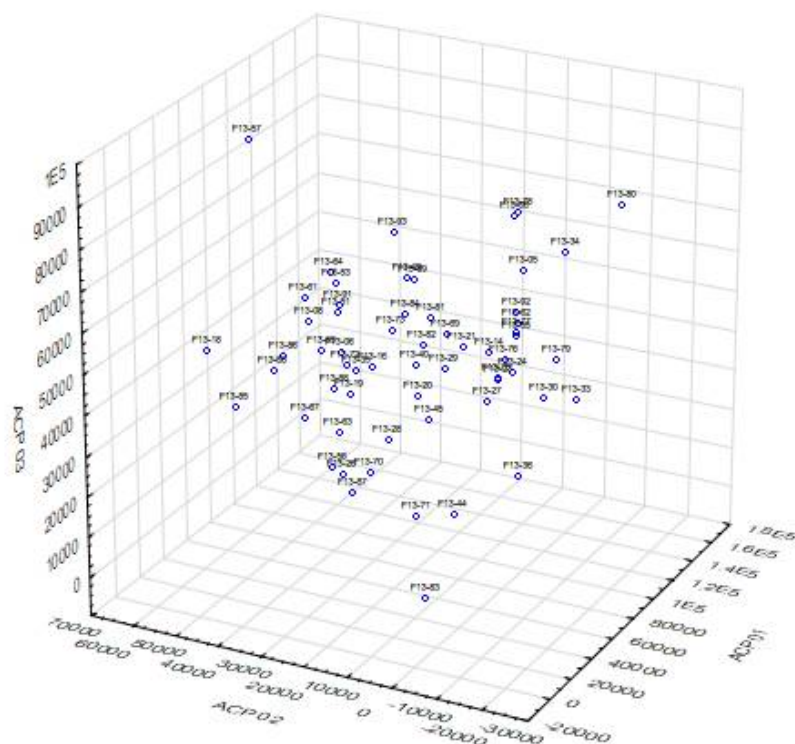


Figura 4. Dispersão gráfica de escores de 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp em relação aos três primeiros Componentes Principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.

Com base na contribuição relativa dos 17 descritores avaliados (Tabela 10), utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), verificou-se que os descritores que mais contribuíram para a discriminação da variância total foram: CF R₁ - comprimento da folha no estágio reprodutivo na primeira avaliação e AP R₃ - altura da planta no estágio reprodutivo na terceira avaliação com 8,13% e 8,10 %, respectivamente. O descritor que menos contribuiu para a discriminação dos 60 genótipos de F13 foi a LF R₁ – largura da folha no estágio reprodutivo na primeira avaliação, contribuindo com 2,87% e a LF R₃ – largura da folha no estágio reprodutivo na terceira avaliação, contribuindo com 2,57% para a discriminação da variância total.

Tabela 10. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade (S.j), pelo método de Singh (1981), para os 60 genótipos (F13) de *Campomanesia* spp. para dados padronizados.

Variável	S.j	Valor em %
CF R ₁	184,59	8,13

AP R ₃	183,95	8,10
LC V ₂	176,35	7,77
LC R ₁	172,94	7,60
LF V ₂	167,26	7,37
AP V ₂	161,62	7,12
NR V ₂	161,25	7,10
CF V ₂	142,38	6,28
DCP R ₁	137,76	6,07
NR R ₃	129,47	5,70
LC R ₃	125,59	5,53
CF R ₃	114,37	5,04
AP R ₁	100,97	4,45
DCP V ₂	100,68	4,43
DCP R ₃	86,43	3,80
LF R ₁	65,11	2,87
LF R ₃	58,44	2,57

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

A variável comum que mais contribuiu para a variação total tanto para o grupo com 93 genótipos quanto no subgrupo de primeiro florescimento no ano de 2013 (F13) foi a altura da planta no estágio reprodutivo durante a terceira avaliação (AP R₃), as que menos contribuíram para ambos os grupos foram a largura da folha LF R₁ – largura da folha no estágio reprodutivo na primeira avaliação; LF R₃ – largura da folha no estágio reprodutivo na terceira avaliação, demonstrando que essa variável contribui pouco para discriminar os genótipos, podendo ser descartada em outros trabalhos com essa espécie.

4.3 Análises Morfológicas – Genótipos F14

4.3.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – F14

Dentro do grupo de 93 genótipos foram identificadas 17 que floresceram em 2014 (F14), que não floresceram no ano anterior (F13), esses genótipos são representados por matrizes provenientes de 10 municípios (procedências) sendo o número de matrizes e os municípios respectivamente: 1 Abadiânia (Ab), 2 Alexânia (Al), 1 Caçú (Cç), 2 Caiapônia (Ca), 1 Catalão (Ct), 1 Goianira (Go), 3 Jataí (Ja), 1 Mineiros (Mi), 4 Santa Rita do Araguaia (SR), 1 Serranópolis (Se). Essas matrizes, por terem florescido no ano de 2014, são caracterizadas como o material intermediário em relação à precocidade dentro

do presente estudo. Desse grupo 8 são de *Campomanesia adamantium* e 9 de *Campomanesia pubences*.

Para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp avaliados, a análise descritiva (Tabela 11) mostra que o maior coeficiente de variação (CV%), foi encontrado, dentro da variável número de ramificações no estágio reprodutivo na terceira avaliação (NR R₃), as variáveis que apresentam valores absolutos em sua distribuição tendem a apresentar um maior coeficiente de variação, nas análises de dispersão de dados, que nesse caso demonstra o grau de variação dentro dos genótipos, sendo assim a variabilidade genética entre eles.

Tabela 11. Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para os 17 genótipos (F14) de *Campomanesia* spp

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV %	Variância	Desvio Padrão
AP R ₁	84,88	32,00	120,00	30,45	668,23	28,85
AP V ₂	90,64	27,00	123,00	25,11	518,11	22,76
AP R ₃	82,35	30,00	120,00	30,32	623,11	24,98
LC R ₁	90,52	26,00	170,00	42,47	1478,39	38,44
LC V ₂	94,82	25,00	180,00	37,06	125,03	35,14
LC R ₃	84,29	35,00	130,00	34,76	858,97	29,30
DCP R ₁	17,69	5,92	27,87	30,84	29,80	5,45
DCP V ₂	21,81	7,32	43,40	37,66	67,51	8,21
DCP R ₃	21,09	7,37	38,60	40,19	71,89	8,47
CF R ₁	76,31	29,03	99,37	22,29	289,50	17,01
CF V ₂	76,31	32,96	117,77	26,55	485,24	22,02
CF R ₃	82,97	38,62	119,94	27,87	373,21	19,32
LF R ₁	69,30	12,61	55,15	34,10	109,65	10,47
LF V ₂	30,70	13,78	53,96	43,64	171,30	13,08
LF R ₃	29,99	17,33	64,23	40,19	130,92	11,78
NR V ₂	1,52	1,00	4,00	61,67	0,88	0,94
NR R ₃	1,52	1,00	5,00	65,86	1,01	1,00

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

Os genótipos F14 são caracterizados por apresentarem de 1 a 5 ramificações, as altura variaram de 27 cm a 120 cm, e a largura da copa de 25

cm a 180 cm, oriundas de 10 procedências. As características morfológicas são muito similares as dos genótipos F13, entretanto seu primeiro florescimento se deu ano reprodutivo de 2014, sendo assim os genótipos intermediários entre os F13 e NF.

4.3.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – F14

Para análise da dissimilaridade baseada nos 17 descritores morfológicos, obtida a partir da distância Euclidiana média entre os 17 genótipos avaliados, verificou-se que os genótipos F14-17 e F14-22 foram os mais divergentes com distância Euclidiana média de 0,76. O genótipo F14-17 é proveniente do município de Catalão-Go e corresponde a espécie *Campomanesia adamantium*. Já o genótipo F14-22 da procedência de Santa Rita-Go, corresponde a espécie *Campomanesia pubences*, a distância geográfica entre esses municípios é de 688 km. O menor valor encontrado apresentou valor de 0,17 para a distância, verificada para os genótipos F14-15 e F14-74 procedentes de Mineiros-Go e Abadiânia-Go, respectivamente, a distância entre esses municípios é de 516 km.

Buscando verificar o comportamento desses genótipos, procedeu-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 12) com base na matriz de dissimilaridade entre os 17 genótipos estudados, essa técnica levou a formação de 5 grupos sendo que o primeiro contempla cerca 76,5% dos genótipos que floresceram em 2014. Os genótipos F14-25, F14-22, F14-90 e F14-17, ficaram em grupos distintos e isolados.

Tabela 12. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 17 genótipos de *Campomanesia* spp com florescimento no ano de 2014, tendo como base 17 descritores morfológicos

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	13	F14-39 F14-65 F14-38 F14-15 F14-31 F14-47 F14-48 F14-42 F14-74 F14-37 F14-60 F14-32 F14-52
2	1	F14-25
3	1	F14-22

4	1	F14-90
5	1	F14-17

Na análise conjunta com os 93 genótipos, o F14-22 foi agrupado isoladamente, o F14-25 foi agrupado com F13, o F14-90 e F14-17 foram agrupados tanto com F13, quanto NF, demonstrando que em relação aos caracteres morfológicos muitos genótipos F13 são semelhantes. Portanto a análise de cada subgrupo é necessária por demonstrar a variabilidade existente dentro do subgrupo, em relação ao grupo total, disponibilizando informações intrínsecas daquele grupo.

Os genótipos também foram agrupados pelo método hierárquico UPGMA (Figura 4), utilizando-se a matriz de dissimilaridade com base na distância Euclidiana média para os 17 genótipos com florescimento no ano de 2014 baseado em 17 descritores morfológicos. Esse método gerou a formação de 6 grupos. A correlação cofenética foi de 0,81, o critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias).

Por esse método pode-se verificar que os genótipos F14-31, F14-60, F14-22, F14-17, F14-25 e F14-90, ficaram em grupos isolados. Em consonância ao método de Otimização de Tocher onde os genótipos F14-22, F14-17, F14-25 e F14-90 também se mantiveram isolados. A média de altura para cada um desses genótipos foi 97 cm, 30 cm, 48 cm, e 90 cm respectivamente.

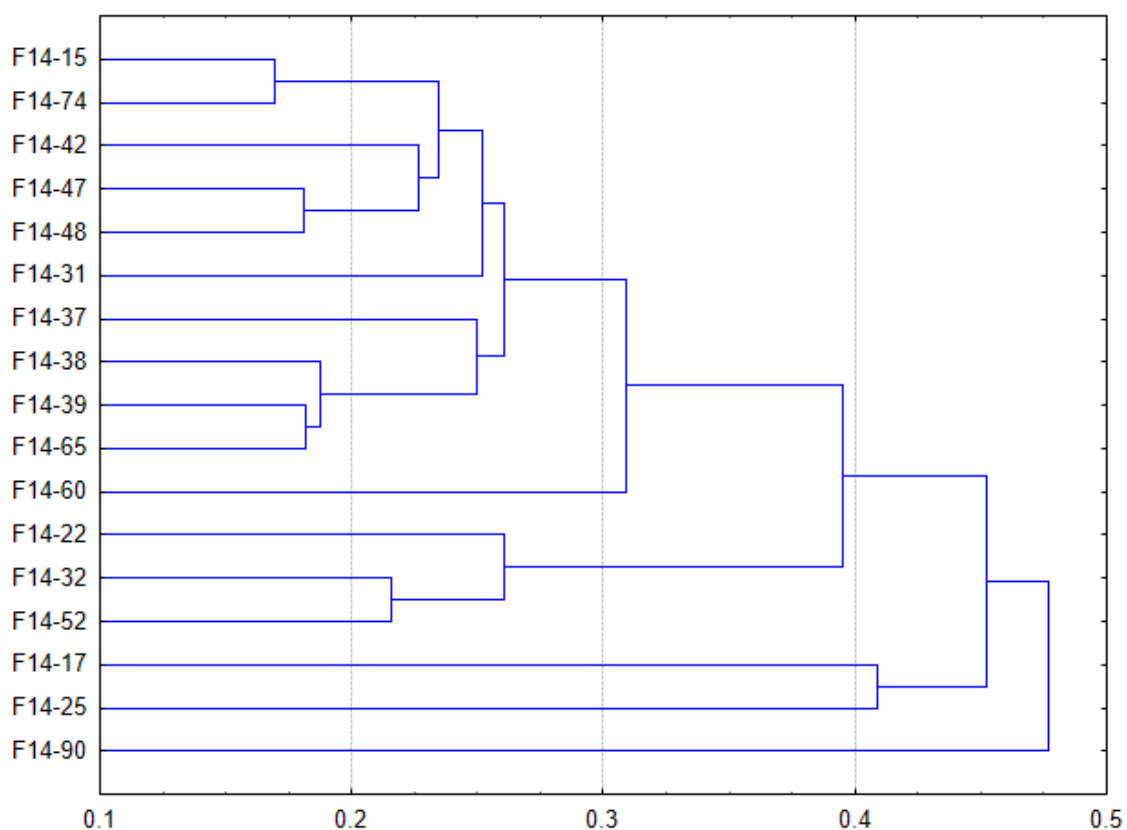


Figura 5. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Euclidiana média entre os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp., a partir de 17 descritores morfológicos.

4.3.4 Análise de Componentes Principais – F14

Pela análise de componentes principais (Tabela 13), pode-se constatar que os três primeiros componentes principais explicam cerca de 74,72% da variação total contida nos 17 genótipos da coleção de germoplasma de *Campomanesia* spp com florescimento no ano de 2014.

Tabela 13. Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para 17 genótipos de *Campomanesia* spp. com florescimento no ano de 2014

Componente Principal	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	7,714	45,38	45,38
2	3,194	18,79	64,17
3	1,793	10,54	74,72
4	1,196	7,03	81,75

5	0,92	5,37	87,13
6	0,709	4,48	91,03
7	0,448	2,64	93,94
8	0,297	1,75	95,69
9	0,221	1,30	96,99
10	0,181	1,07	98,07
11	0,126	0,74	98,81
12	0,096	0,56	99,38
13	0,072	0,42	99,81
14	0,026	0,16	99,96
15	0,005	0,030	99,99
16	0,001	0,006	100,00

As análises mostraram que os dois primeiros componentes principais permitiram explicar 64,17 % da variância contida nas variáveis originais (Tabela 13). O componente principal 1 (CP1) e o componente principal 2 (CP2) contribuíram com 45,38% e 18,79%, respectivamente, da variância total, a variância acumulada no terceiro componente principal (CP3) foi de 74,72 %, demonstrando que a plotagem dos escores em um gráfico tridimensional poderia apresentar informações no plano cartesiano que contribua para discriminação e dispersão dos genótipos a análise gráfica demonstra um maior afastamento do genótipo F14-90 em relação aos demais, concordando assim com as técnicas de agrupamento realizadas para o subgrupo F14.

NR V ₂	26,88	8,24
LC R ₃	25,88	7,93
AP R ₁	23,47	7,19
AP R ₃	20,94	6,42
DCP R ₃	20,05	6,14
LC R ₁	19,39	5,94
CF V ₂	18,35	5,62
NR R ₃	17,25	5,28
LF R ₃	17,17	5,26
DCP R ₁	16,82	5,15
LF R ₁	16,48	5,05
CF R ₁	15,91	4,87
CF R ₃	15,35	4,70
AP V ₂	15,29	4,68
DCP V ₂	14,10	4,32
LC V ₂	13,98	4,28

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação.

Em concordância com o método de Singh (1981), realizado para a discriminação das variáveis que mais contribuíram para explicar a variação total entre os 93 genótipos, a variável largura da folha no estágio vegetativo na segunda avaliação (LF V₂), estudada isoladamente, foi a que mais contribuiu tanto para ajudar na discriminação do grupo total quanto do subgrupo com florescimento no ano de 2014. A Largura da copa no estágio vegetativo na segunda avaliação (LC V₂) apresentou-se como a que menos contribuiu tanto para análise do grupo quanto no subgrupo.

4.4 Análises Morfológicas – Genótipos NF

4.4.1 Análise Descritiva dos Descritores Morfológicos – NF

Dentro dos 93 genótipos estudados, um grupo caracterizou-se por não ter apresentado florescimento durante o ano de 2013 e de 2014, sendo aqui considerados como grupo que não floresceu (NF). Estes genótipos foram

identificados de forma aleatória dentro da coleção, levando em consideração a ausência de florescimento nos anos anteriores. Esse material está representado por genótipos provenientes de 13 municípios (procedências) sendo o número de matrizes e os municípios respectivamente: 1 Abadiânia (Ab), 2 Anápolis (An), 1 Caçú (Cç), 1 Caiapônia (Ca), 1 Caldas Novas (CN), 1 Catalão (Ct), 2 Goianira (Go), 1 Mineiros (Mi), 1 Ouvidor (Ou), 1 Pirenópolis (Pi), 1 Rio Verde (RV), 1 Santa Rita do Araguaia (SR), e 2 Três Ranchos (TR). Deste grupo 13 são de *Campomanesia adamantium* e 3 de *Campomanesia pubences*, totalizando 16 genótipos.

Para estes 16 genótipos de *Campomanesia* spp. avaliados, a análise descritiva (Tabela 15) mostra que o maior coeficiente de variação (CV%), foi encontrado para a variável número de ramificações no estágio reprodutivo na segunda avaliação (NR V₂), para os demais grupos avaliados o maior CV% encontrado foi para o descritor NR-R₃, (número de ramificações no estágio reprodutivo na terceira avaliação) para todos os grupos estudados (93 genótipos, 60 genótipos F13 e 17 genótipos F14)

Tabela 15. Estimativa da média, mínimo, máximo, coeficiente de variação, variância e desvio padrão gerado pelos 17 descritores morfológicos para 16 genótipos de *Campomanesia* spp, que não apresentaram florescimento nos anos de 2013 e 2014 (NF)

Variável	Média	Mínimo	Máximo	CV %	Variância	Desvio Padrão
AP R ₁	67,12	25,00	120,00	37,19	623,18	24,96
AP V ₂	67,56	30,00	110,00	35,04	560,39	23,67
AP R ₃	68,50	23,00	110,00	35,27	583,73	24,16
LC R ₁	59,12	18,00	120,00	43,85	672,38	25,93
LC V ₂	64,68	15,00	120,00	44,07	812,62	28,50
LC R ₃	63,94	12,00	138,00	49,98	1021,53	31,96
DCP R ₁	10,94	2,50	17,33	40,33	19,48	4,41
DCP V ₂	10,63	2,12	19,31	45,13	22,99	4,79
DCP R ₃	11,53	2,21	19,69	51,53	22,92	4,78
CF R ₁	67,54	18,42	112,18	33,69	518,06	22,76
CF V ₂	71,84	39,38	94,90	21,60	240,91	15,52
CF R ₃	73,13	29,30	108,05	29,56	467,50	21,62
LF R ₁	28,52	15,76	42,73	24,49	48,78	6,98
LF V ₂	27,15	15,62	46,51	31,24	71,96	8,48

LF R ₃	30,47	18,23	44,52	29,73	82,085	9,06
NR V ₂	3,81	1,00	11,00	71,17	7,32	2,71
NR R ₃	3,87	1,00	80,00	67,86	6,92	2,63

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação

4.4.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Descritores Morfológicos – NF

Para análise da dissimilaridade baseada nos 17 descritores morfológicos, obtida a partir da distância Euclidiana média entre os 16 genótipos NF avaliados, verificou-se que os genótipos NF-09 e NF-11 foram os mais divergentes com valor de distância Euclidiana média de 0,84. O genótipo NF-09 é proveniente do município de Goianira-Go. Já o NF-11 da procedência de Mineiros-Go correspondentes a espécie *Campomanesia pubences*, a distância geográfica entre esses municípios é de 444 km. A menor distância encontrada apresentou valor de 0,14 para os genótipos NF-04 e o NF-54, procedentes de Caldas Novas-Go e Abadiânia-Go, respectivamente, a distância entre esses municípios é de 250 km

De modo a compactar os genótipos estudados em grupos, procedeu-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 16). Com essa metodologia houve a formação de 5 grupos, os genótipos NF-41 e NF-09 foram alocados isoladamente no grupo 4 e 5, respectivamente. Esses mesmos genótipos quando realizou-se a análise conjunta, foram agrupados com genótipos do subgrupo F13, estes são totalmente discrepantes entre si apresentando médias de altura de 26 cm e 87 cm, demonstrando a elevada variabilidade genética dentro dos genótipos NF.

Tabela 16. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para 17 genótipos de *Campomanesia* spp que não floresceram em 2013 e 2014 (NF), tendo como base 17 descritores morfológicos

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	9	NF-04 NF-54 NF-07 NF-13 NF-50 NF-10 NF-03 NF-46 NF-01

2	3	NF-12 NF-43 NF-58
3	2	NF-02 NF-11
4	1	NF-41
5	1	NF-09

Os dados de dissimilaridade também foram agrupados pelo método hierárquico UPGMA (Figura 7), utilizando-se a matriz de dissimilaridade com base na distância Euclidiana média para os 16 genótipos NF baseado em 17 descritores morfológicos, esse método gerou a formação de 8 grupos. A correlação cofenética foi de 0,71, e o critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977), baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias).

Em concordância com o método de Tocher os genótipos NF-09 e NF-41 ficaram isolados, o NF-03 e NF-58 também apresentaram-se isolados. Na análise total esses genótipos foram agrupados juntamente com o F13. Os genótipos NF-02 e NF-11 foram agrupados juntos tanto pelo método UPGMA quanto no método de Otimização de Tocher, esse fato ocorreu também para os genótipos NF-12 e NF-43.

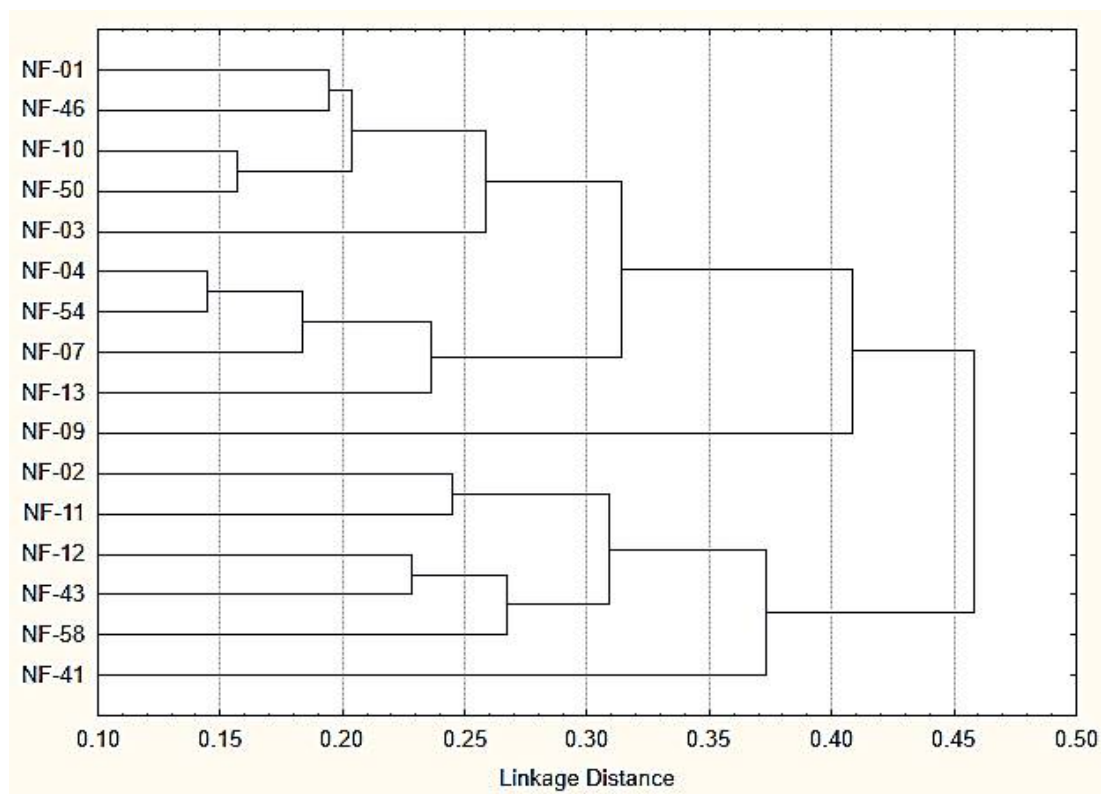


Figura 7. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média entre os 16 genótipos de *Campomanesia* spp que não floresceram no ano de 2013 e 2014, a partir de 17 descritores morfológicos.

4.4.3 Análise de Componentes Principais – NF

Pela análise de componentes principais (Tabela 16), pode-se constatar que os dois primeiros componentes principais explicam cerca de 73,32% da variância total contida nos 16 genótipos que não floresceram em 2013 e 2014 (NF) que fazem parte da coleção de germplasma de *Campomanesia* spp em estudo.

Tabela 17. Análise de componentes principais (autovalores, variância e variância acumulada), geradas a partir de 17 descritores morfológicos para 16 genótipos de *Campomanesia* spp que não floresceram em 2013 e 2014

Componente Principal	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	10,041	59,06	59,06
2	2,934	17,26	73,32
3	1,214	7,14	83,47
4	0,874	5,14	88,61
5	0,588	3,46	92,07
6	0,428	2,52	94,59
7	0,313	1,84	96,43
8	0,196	1,15	97,59
9	0,125	0,73	98,33
10	0,115	0,67	99,01
11	0,079	0,46	99,48
12	0,047	0,27	99,76
13	0,304	0,18	99,93
14	0,010	0,05	99,99
15	0,0002	0,001	100,00

O componente principal 1 (CP1) e o componente principal 2 (CP2) contribuíram com 59,06% e 17,26%, respectivamente, da variação total. A variância acumulada no terceiro componente principal (CP3) foi de 83,47%, demonstrado que a plotagem dos escores em um gráfico tridimensional (Figura

8) representaria bem a dispersão dos escores, conforme salienta Cruz e Carneiro (2003)

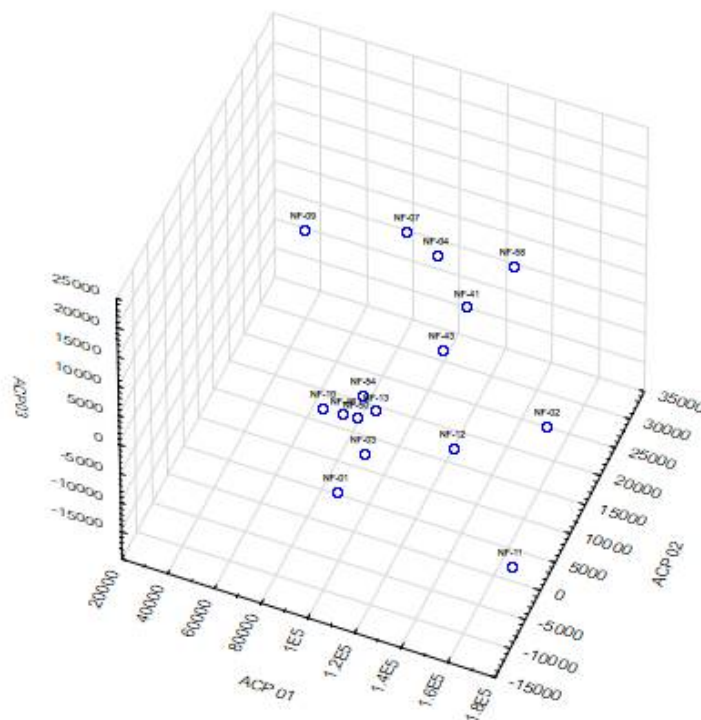


Figura 8. Dispersão gráfica de escores de 16 genótipos NF (não florescimento nos anos de 2013 e 2014) de *Campomanesia* spp em relação aos três primeiros Componentes Principais, tendo como base 17 descritores morfológicos.

Com base na contribuição relativa dos 17 descritores avaliados (Tabela 18), utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), verificou-se que os descritores que mais contribuíram para a discriminação da variância total foram: largura da folha no estágio reprodutivo na terceira avaliação (LF R₃) e número de ramificações no estágio reprodutivo na terceira avaliação (NR R₃) com 8,68% e 10,32%, respectivamente. O descritor que menos contribuiu para a discriminação dos 16 genótipos foi o comprimento da folha no estágio reprodutivo na primeira avaliação (CF R₁), contribuindo com 4,70% para a discriminação da variância total.

Tabela 18. Contribuição relativa dos caracteres para diversidade pelo método proposto por Singh (1981) para 16 genótipos de *Campomanesia*

spp que não floresceram em 2013 e 2014, para dados padronizados.

Variável	S.j	Valor em %
NR R ₃	33,87	10,32
LF R ₃	28,50	8,68
DCP R ₁	21,26	6,47
AP V ₂	21,01	6,40
CF V ₂	19,10	5,82
DCP V ₂	18,67	5,69
AP R ₃	18,51	5,64
CF R ₃	18,09	5,51
LF V ₂	18,09	5,51
DCP R ₃	18,01	5,49
LC V ₂	17,69	5,39
NR V ₂	17,67	5,38
AP R ₁	16,57	5,04
LF R ₁	16,09	4,90
LC R ₁	15,51	4,72
LC R ₃	15,44	4,70
CF R ₁	14,14	4,30

Onde: AP - Altura da planta LC-Largura da copa; DCP-Diâmetro do caule principal; CF-comprimento da folha; LF-Largura da folha; NR-Número de ramificações; R₁ – Estágio reprodutivo na primeira avaliação; V₂ – Estágio vegetativo na segunda avaliação; R₃ - Estágio reprodutivo na terceira avaliação

Os genótipos NF foram os únicos os quais a variável número de ramificações foi importante para discriminar os materiais. Isso se deve ao fato de que os genótipos NF, são os menores em relação à altura da planta, apresentam um elevado número de ramificações e copa ampla, justamente devido às ramificações saírem diretamente do solo, formando uma copa irregular e descontínua.

Não foi verificado nenhum descritor em comum entre os grupos precoces (F13 e F14) e os genótipos NF, que contribuísse em maior quantidade para explicar a variância entre os genótipos, justamente demonstrando que morfologicamente, os genótipos NF são extremamente divergentes em relação aos grupos considerados precoces.

4.5 Caracterização Genética Utilizando Marcadores Moleculares ISSR's

A extração de DNA foi bem sucedida propiciando a obtenção de DNA com qualidade física e química adequada para posterior reações de amplificação com marcadores ISSR's, esses marcadores mostraram-se eficientes na detecção da diversidade genética dos genótipos *Campomanesia* spp. utilizados neste trabalho.

Para o estudo foram selecionados 13 iniciadores ISSR's mais polimórficos entre os 17 testados. Estes iniciadores selecionados para o estudo geraram 105 marcas, perfazendo uma média de 8,1 marcas por iniciador. Do total de marcas, 100% foram polimórficos (Tabela 19).

A alta porcentagem de marcadores polimórficos demonstra a eficiência dos marcadores ISSR em evidenciar a variabilidade genética entre os genótipos de *Campomanesia* spp. estudados. Assis et al (2013), trabalhando com diversidade genética de *Campomanesia* spp. encontrou taxa de polimorfismo de 90,4% para os marcadores RAPD. Oliveira et al., (2014) analisando a distância genética entre acessos do gênero *Psidium* via marcadores ISSR encontraram taxa de polimorfismo de 99%. As elevadas taxas de polimorfismo geradas pelos marcadores ISSR, depende unicamente do iniciador e dos produtos da amplificação, quanto maior a detecção de regiões amplificadas maior a probabilidade de que este material apresente uma alta taxa de polimorfismo (SOUZA, et al. 2008). Segundo Lorenzoni et al., (2014), o marcador ISSR permite a identificação de ampla variabilidade intra e interespecífica e, com isso, fundamentam-se como uma ferramenta bastante útil em programas de melhoramento e estudos de diversidade.

Essa medida de quantificação de polimorfismo, permite demonstrar a diferenciação de um genótipo para outro se as bandas obtivessem altas taxas de monomorfismo, poderia-se remeter ao fato de os produtos da amplificação serem duplicatas, como foi constatado elevada taxa de polimorfismo 100% para os 17 iniciadores testados, elimina-se a possibilidade de duplicatas dentro da Coleção Goiana de Germoplasma de *Campomanesia* spp.

Devido as extensas áreas que cobrem o bioma Cerrado, algumas espécies podem sofrer alterações pela ação diferencial de genes em decorrência de diferentes condições edafoclimáticas (SOBRINHO et al. 1999). Em razão dessas variações, o mesmo material pode ser conhecido com diferentes denominações locais, surge então a necessidade do estudo de diversidade genética em fruteiras nativas para implementação, conservação e uso do germoplasma.

Tabela 19. Marcadores ISSR utilizados na amplificação de genótipos de *Campomanesia* spp. com suas respectivas sequencias

<i>Primers</i>	Número total de bandas amplificadas	Número total de bandas polimórficas	%Polimorfismo
(CTCT)4RC	6	6	100
(GGAGA)3	6	6	100
(TC)8G	6	6	100
(CA)7YG	7	7	100
GAC(CAA)5	7	7	100
HVH(TG)7	7	7	100
(AC) ₉ T	8	8	100
(GTG)4RC	8	8	100
(CA)7YC	9	9	100
TA(CAG)4	9	9	100
(AG)8YC	10	10	100
(GA) ₈ YC	10	10	100
(CA)8G	12	12	100

Por meio da AMOVA, foi realizada a partição da variação genética em dois níveis: dentro de populações e entre populações. Essa partição da AMOVA mostrou maior variação genética dentro dos grupos (genótipos que floresceram em 2013, 2014 e que não floresceram), com 97,82% da variação total, e os 2,18% da variação genética restante foram observados entre grupos (Tabela 20). Houve diferenciação genética significativa ($P < 0,05$). Isto indica que estratégias de pré-melhoramento deve-se focar dentro dos grupos em estudos e não em grupos específicos, considerando seu comportamento gênico.

Tabela 20. Análise de variância molecular (AMOVA) entre e dentro dos grupos F13, F14 e NF de genótipos de *Campomanesia* spp., da Coleção Goiana de Germoplasma de *Campomanesia* spp.

FV	GL	SQ	QM	% Variação	P
Entre	2	41,9862	20,9931	2,18	<0,05
Dentro	90	1227,1213	13,6347	97,82	<0,05
Total	92	-	-	-	-

Onde: FV=fonte de variação; GL=grau de liberdade; SQ = soma de quadrado; QM= quadrado médio; P= estatística de probabilidade ao nível de 5% de significância.

4.5.1 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR

A distância genética entre os 93 genótipos, estimada pelo complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard, variaram de 0,667 entre os genótipos F13-30 (*C. adamantium*) e F14-60 (*C. pubences*), sendo estes genótipos da procedência de Caiapônia-Go e Alexânia-Go. O grau de

dissimilaridade pode ser verificado devido ao fato de os referidos genótipos não pertencerem à mesma espécie. Amaral et al., (2015), utilizando marcadores ISSR como auxílio na identificação de espécies do gênero *Campomanesia*, constatou que os marcadores ISSR foram eficazes para diferenciar as espécies *C. adamantium* e *C. pubences*.

Os genótipos mais similares foram o F13-62 e F13-63 com dissimilaridade de 0,107, ambos de *C. adamantium* procedentes de Caçu-Go e Rio Verde-Go. Os resultados encontrados estão coerentes com os encontrados na literatura para espécies do gênero *Campomanesia*. Fagundes et al., (2012), investigando a variabilidade genética de *C. xanthocarpa* com marcadores ISSR, constataram valores de similaridade variando de 0,32 a 0,78. Assis et al., (2013), encontraram valores de dissimilaridade para *Campomanesia* spp com base em marcadores RAPD variando de 0,072 a 0,78.

Os resultados da estimativa da dissimilaridade utilizando marcadores moleculares ISSR's são semelhantes aos obtidos com os marcadores morfológicos, destacando-se os descritores morfoagronômicos, utilizados para se descrever um indivíduo. Segundo Dias e Kageyama (1991), quando a caracterização é realizada por meio de dados morfológicos, a quantificação da diversidade entre genótipos só terá significado se a divergência fenotípica refletir a divergência genética.

De modo a tentar visualizar o comportamento dos genótipos em relação à dissimilaridade genética, realizou-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, com base na matriz de dissimilaridade gerada pelo complemento do índice de similaridade de Jaccard. A partir da análise de agrupamento realizada com base nas distâncias genéticas, subdividiram-se os 93 genótipos em 17 grupos de similaridade genética. No primeiro grupo observa a presença de 61 genótipos (65,6%). Geralmente, grupos constituídos por grande número de genótipos reúnem pares que apresentam menores distâncias, uma vez que o tamanho do grupo é delimitado por uma distância média entre os pares de indivíduos. Os grupos compreendidos entre o 10 e o 17 apresentaram apenas um genótipo. Segundo Barros et al. (2005), grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais, como é observado neste

trabalho. Isto indica que estes materiais devem ser avaliados de forma a verificar qual a sua possível contribuição para possíveis cruzamentos futuros.

Todos os indivíduos que ficaram em grupos isolados (oito genótipo) são da espécie *C. adamantium*, exceto os genótipos F13-30 e F13-68 que pertencem a *C. pubences*.

Os genótipos F13-77, F13-93, F13-28, F13-40, F14-31, F13-30, F13-78 e F13-68, ficaram alocados em grupos distintos e isolados, sendo assim esse o material mais divergente dentro da análise total dos 93 genótipos.

Tabela 21. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 93 genótipos de *Campomanesia* spp. com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard, com base em marcador molecular ISSR

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	61	F13-62 F13-63 F13-92 F13-56 F13-57 F13-49 NF-58 F14-37 F13-85 F13-55 NF-54 F13-53 F14-47 F13-81 F13-80 NF-50 F13-89 F13-84 F13-73 F13-82 F13-83 F13-79 NF-13 NF-11 F14-65 F13-21 F13-24 F13-34 F13-08 F13-23 F13-18 F14-17 F14-15 F13-35 NF-09 NF-07 NF-04 NF-12 F13-14 NF-43 F13-44 F13-87 F13-86 F13-19 F14-22 F13-36 F13-69 F14-38 F14-39 F14-25 F3-16 F13-20 F13-27 F13-64 F13-26 F13-51 F14-52 F13-45 F13-76 F13-05 NF-03 F13-72 NF-10 F13-29
2	4	NF-46 F14-48 F13-61 F13-68
3	3	F14-90 F13-91 F13-75
4	3	F13-66 F13-67 F13-70
5	2	NF-41 F14-42
6	3	NF-01 NF-02 F13-06
7	2	F14-32 F13-33
8	2	F13-71 F14-74
9	2	F13-59 F14-60
10	1	F13-77
11	1	F13-93
12	1	F13-28
13	1	F13-40
14	1	F14-31
15	1	F13-30

16	1	F13-78
17	1	F13-68

Procedeu-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA (Figura 9) de modo a verificar se os dados apresentariam o mesmo padrão de compactação em grupos. A correlação cofenética foi de 0,67 entre as distâncias obtidas na matriz de dissimilaridade (complemento de Jaccard). De acordo com Cruz et al. (2012) a correlação cofenética mede o ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a matriz de simplificação, devido ao método de agrupamento e pode ser empregado para aumentar a confiabilidade das conclusões frente a interpretação dos dendrogramas. O valor da correlação cofenética foi encontrado foi satisfatório, visto que valores superiores a 0,56 refletem boa concordância entre a matriz de dissimilaridade e a confecção do dendrograma (VAZ PATTO et al., 2004).

Cruz e Carneiro (2003) comentam que quanto maior o valor de correlação cofenética menor será a distorção provocada ao agrupar os indivíduos, o que normalmente acontece pelo método UPGMA.

O critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977). O método hierárquico UPGMA, permitiu a formação de 23 grupos com o maior grupo representando 28% dos genótipos estudados, essa metodologia permitiu verificar a existência de elevada variabilidade genética entre os genótipos agrupados.

Em consonância ao método de Otimização de Tocher os genótipos F13-31, F13-68, F13-78 e F13-93 foram alocados isoladamente em grupos distintos. O genótipo F13-33 pelo método de Otimização de Tocher foi agrupado com genótipos do grupo F14, já pelo método UPGMA esse mesmo material mostrou-se isolado, a divergência genética do genótipo F13-33 foi constatada em todas as análises de agrupamento realizadas para os descritores morfológicos. Demonstrando a diferenciação desses genótipos dentro dos 93 genótipos aqui estudados.

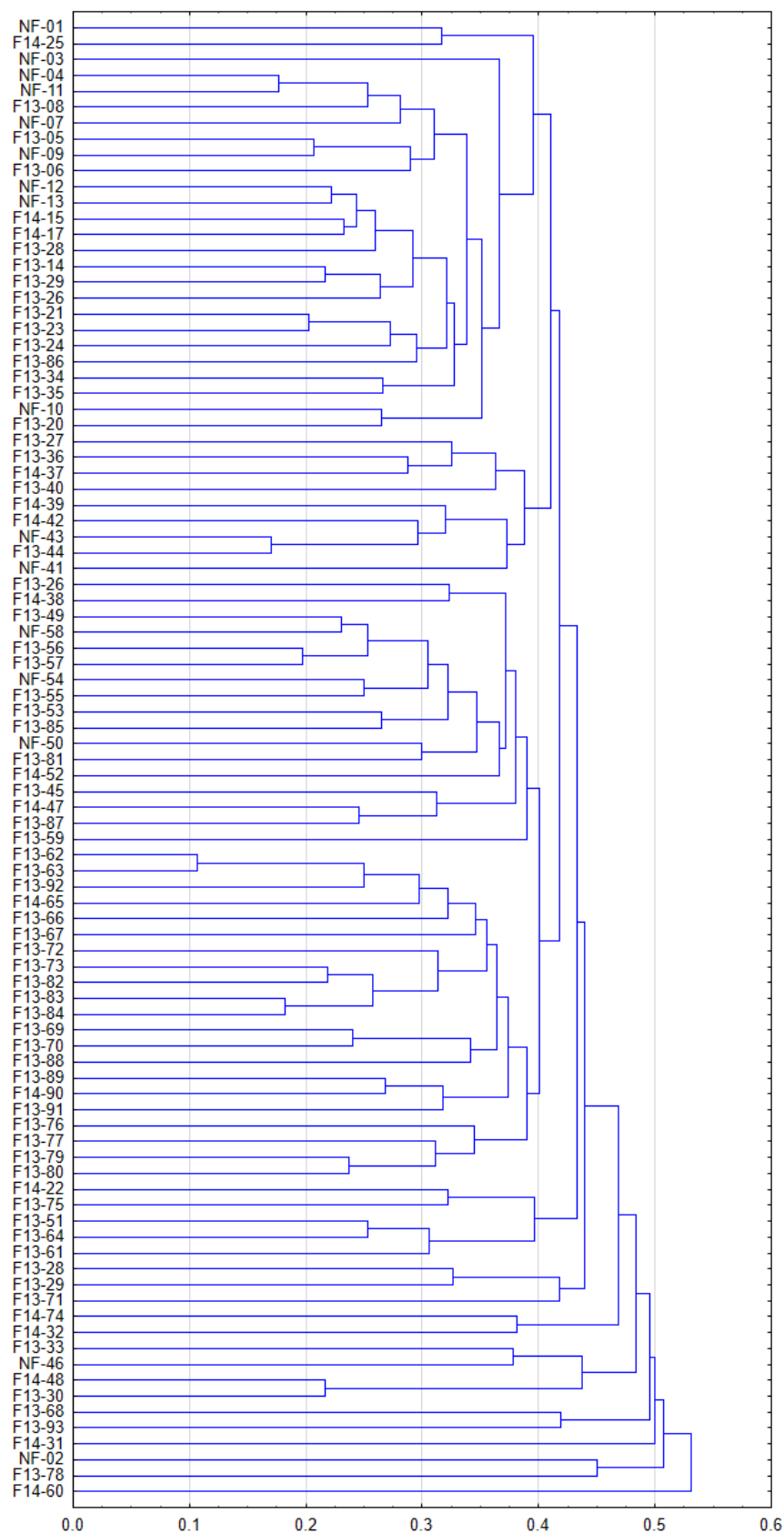


Figura 9. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 93 genótipos de *Campomanesia* spp. com base em marcador ISSR.

A variabilidade identificada entre os genótipos pelos métodos de agrupamento, indica ser de suma importância pois demonstra a existência de variabilidade entre os 93 genótipos de gabirobeiras aqui estudados, o que evidencia possibilidades de seleção visando pré-melhoramento e adequação ao sistema produtivo. Salienta-se, ainda, a importância das avaliações relacionadas à produção de frutos e qualidade dos mesmos para melhor direcionamento nas ações subsequentes.

Realizou-se ainda a análise de coordenadas principais em um gráfico tridimensional (Figura 10) com o propósito de situar no plano cartesiano os genótipos e as distâncias entre eles. Essa representação indica a dispersão dos escores gerados pelas coordenadas e confirma a evidência de variabilidade, como demonstrado na Figura 9. Assis, (2011), verificou que a técnica de coordenadas principais foi eficiente em verificar a variabilidade dentro de um grupo de 140 matrizes de *Campomanesia* spp. bem como foi coincidente com os demais métodos de agrupamento utilizados.

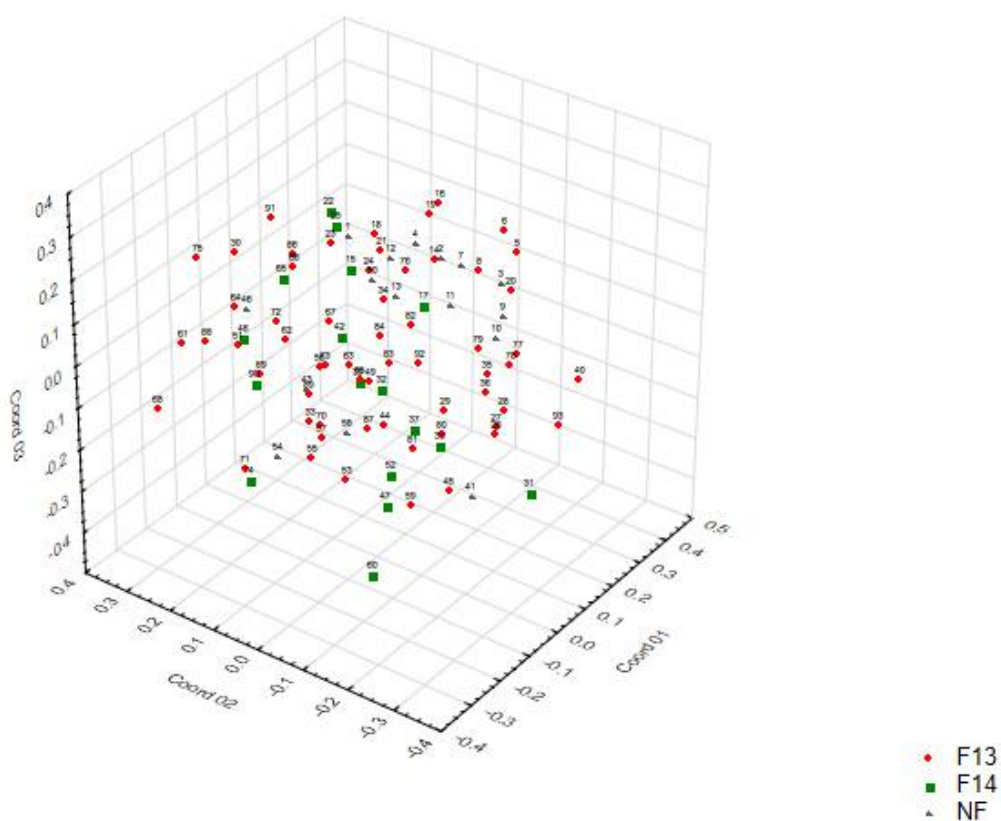


Figura 10. Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 93 genótipos de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade

gerada pelo matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.

4.5.2 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – F13

Procedeu-se a estratificação dos 93 genótipos em subgrupos para análise individual, visando verificar se a análise por período de florescimento traz informações capaz de contribuir no direcionamento de ações de pré-melhoramento.

A porcentagem de polimorfismo indica a presença de variabilidade nos genótipos estudados. Para o grupo F13, os 13 iniciadores ISSR geraram um total de 100 bandas sendo todas elas polimórficas (Tabela 22), a média de bandas por primer foi de 7,7 bandas. Pode-se perceber uma redução na quantidade de bandas geradas em relação ao total de bandas quando se procedeu a análise dos 93 genótipos conjuntamente, isso se deve ao fato de que alguns genótipos pertencentes a grupos diferentes ocasionou no aparecimento de bandas que os genótipos F13 não apresentaram.

Tabela 22. Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp.

<i>Primers</i>	Número total de bandas amplificadas	Número total de bandas polimórficas	%Polimorfismo
(CTCT)4RC	6	6	100
(GGAGA)3	5	5	100
(TC)8G	5	5	100
(CA)7YG	6	6	100
GAC(CAA)5	7	7	100
HVH(TG)7	7	7	100
(AC) ₉ T	12	12	100
(GTG)4RC	8	7	87.5
(CA)7YC	8	8	100
TA(CAG)4	10	10	100
(AG)8YC	10	10	100
(GA) ₈ YC	10	10	100
(CA)8G	12	12	100

Para os 60 genótipos caracterizados como F13, realizou-se o cálculo da distância genética pelo complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard. Foi encontrada a maior distância 0,632 para os genótipos

F13-06 (*C. adamantium*) e F13-61 (*C. pubences*), oriundos das procedências de Caldas Novas-Go e Jataí-Go. Como verificado na análise total, os marcadores ISSR foram eficientes em diferenciar as duas espécies estudadas. Portanto a diferenciação genética da espécie *C. adamantium* e *C. pubences*, tornou-se ainda mais evidente na análise dos genótipos F13, pois os descritores morfológicos não foram eficientes em diferenciar genótipos de diferentes espécies. Rezende e Teixeira (2009), avaliando a diversidade genética de espécies do gênero *Campomanesia*, constatou que existem genótipos que apresentam características intermediárias entre *C. pubences* e *C. adamantium* sugerindo o cruzamento intraespecífico para a espécie.

Os genótipos mais similares foram os F13-62 e F13-63 com dissimilaridade de 0,107, ambos de *C. adamantium* procedentes de Caçu-Go e Rio Verde-Go, respectivamente, concordando com a análise anterior (93 genótipos).

Na tentativa de visualizar o comportamento dos genótipos em relação à dissimilaridade genética, realizou-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, com base no complemento da matriz de dissimilaridade gerada pelo complemento do índice de Jaccard. Observou-se a formação de 11 grupos (Tabela 23), o maior grupo concentra 75% dos genótipos caracterizados como F13. No primeiro grupo encontram-se os genótipos F13-34 e F13-57, que sempre foram alocados isolados pelo agrupamento de Tocher, nas análises com base em descritores morfológicos. Os genótipos F13-71, F13-28, F13-40, F13-30, F13-78, F13-68 e F13-33, ficaram alocados em grupos distintos e isolados. O genótipo F13-33 foi agrupado na análise total com genótipo do grupo F14. Esse mesmo genótipo F13-33 ficou isolado em todas as análises de agrupamento realizadas com descritores morfológicos.

Tabela 23. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp, com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard utilizando marcador molecular ISSR

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	45	F13-62 F13-63 F13-92 F13-56 F13-57 F13-49 F13-85 F13-55 F13-81 F13-89 F13-84 F13-80 F13-73 F13-82 F13-83 F13-79 F13-53 F13-69 F13-76 F13-24 F13-87 F13-21 F13-34 F13-23 F13-18 F13-08 F13-35 F13-44 F13-86 F13-14 F13-36 F13-27

		F13-19	F13-77	F13-64	F13-72	F13-66	F13-26	F13-70	F13-67
				F13-51	F13-20	F13-29	F13-45	F13-16	
2	2					F13-05	F13-06		
3	4			F13-61	F13-75	F13-91	F13-88		
4	2					F13-59	F13-90		
5	1					F13-71			
6	1					F13-28			
7	1					F13-40			
8	1					F13-33			
9	1					F13-30			
10	1					F13-78			
11	1					F13-68			

Foi realizada a análise de agrupamento pelo método UPGMA a partir das distâncias obtidas pela matriz de dissimilaridade (complemento de Jaccard) (Figura 11). A correlação cofenética foi de 0,66, indicando ser adequada para explicar a distorção do dendrograma em relação a matriz de dissimilaridade original. O critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977). Em concordância ao agrupamento realizado pelo método de otimização de Tocher observou-se a formação de 19 grupos, e os genótipos F13-78, F13-30, F13-68 e F13-33, ocuparam os níveis mais baixos do dendrograma sendo alocados em grupos isolados, demonstrando, mais uma vez, a divergência desses materiais em relação aos demais. Cabe ressaltar que o genótipo F13-33 apresenta-se como o mais divergente por todas as análises realizadas (morfológicas e moleculares).

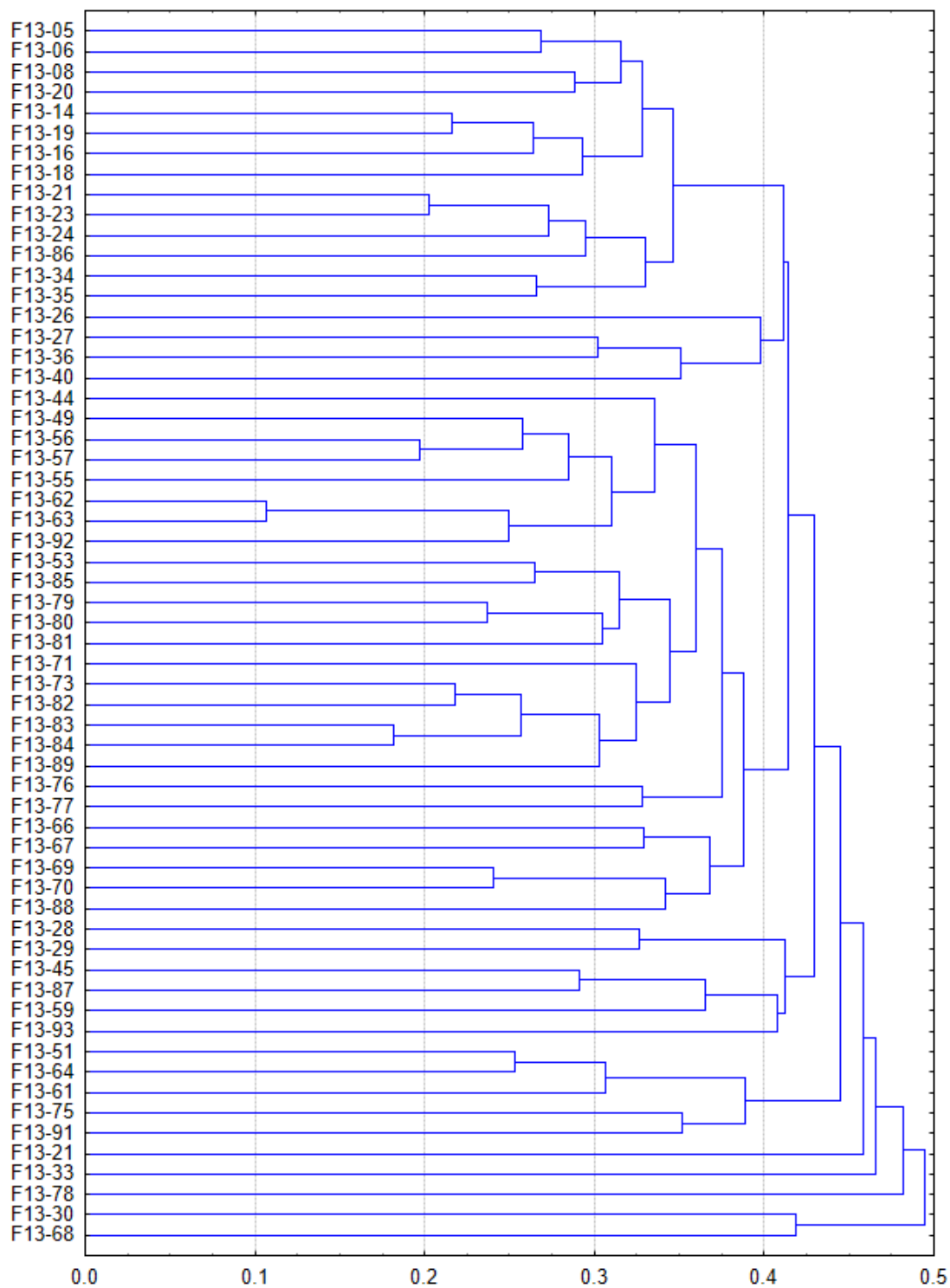


Figura 11. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp com base em marcadores moleculares ISSR.

Realizou-se ainda a análise de coordenadas principais em um gráfico tridimensional para representar a dispersão dos escores gerados para os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp, com o objetivo de consolidar a existência de variabilidade com essa metodologia, como demonstrado na Figura 12.

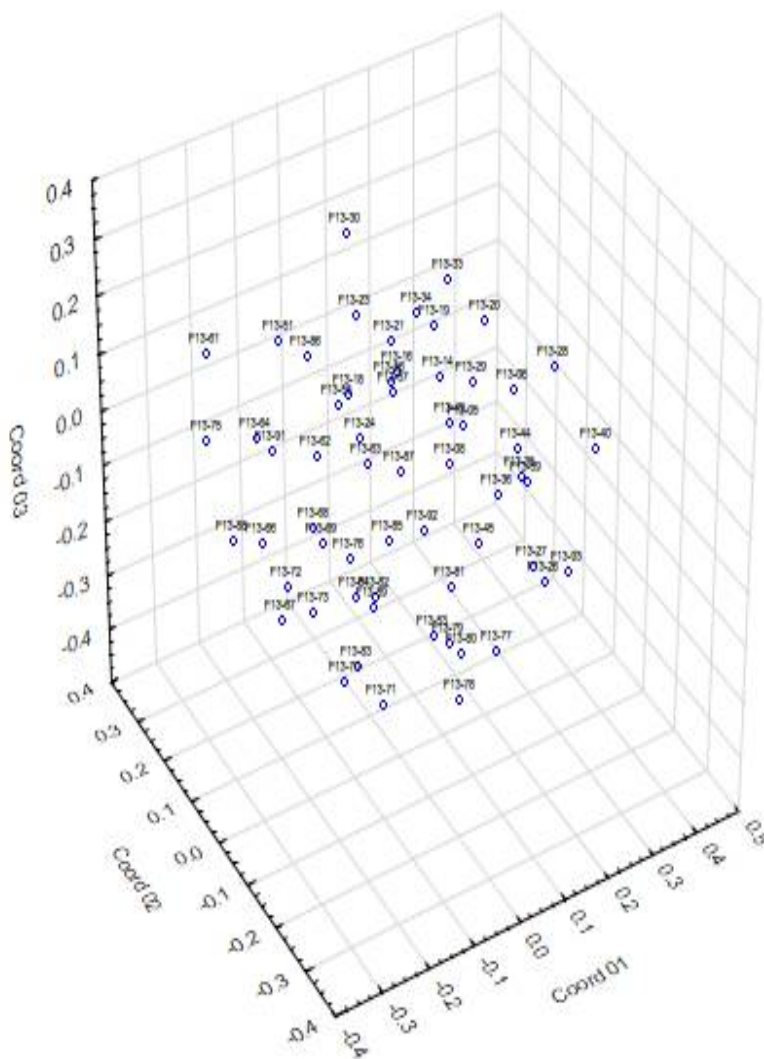


Figura 12. Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 60 genótipos F13 de *Campomanesia* spp. a partir da dissimilaridade gerada pelo matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.

4.5.3 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – F14

Foi realizada a análise da porcentagem de polimorfismo para os genótipos F14, os 13 iniciadores ISSR geraram um total de 101 bandas sendo todas elas polimórficas (Tabela 24), a média de bandas por primer foi de 7,8 bandas. Pode-se perceber uma redução na quantidade de bandas geradas em relação ao total de bandas quando se procedeu a análise dos 93 genótipos conjuntamente e o aumento de uma banda em relação aos genótipos F13.

Tabela 24. Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp.

<i>Primers</i>	Número total de bandas amplificadas	Número total de bandas polimórficas	%Polimorfismo
(CTCT)4RC	6	6	100
(GGAGA)3	6	6	100
(TC)8G	6	6	100
(CA)7YG	6	6	100
GAC(CAA)5	7	7	100
HVH(TG)7	7	7	100
(AC) ₉ T	8	8	100
(GTG)4RC	8	8	100
(CA)7YC	8	8	100
TA(CAG)4	9	9	100
(AG)8YC	10	10	100
(GA) ₈ YC	10	10	100
(CA)8G	10	10	100

Os 17 genótipos caracterizados com florescimento somente em 2014 (F14), foram avaliados individualmente de modo a gerar a matriz de dissimilaridade. Foi realizado o cálculo da distância genética, pelo complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard para esse subgrupo, auxiliando na investigação da diversidade genética dentro do subgrupo. Constatou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos F14. A maior dissimilaridade encontrada foi de 0,657 para os genótipos F14-32 e F14-60, oriundos dos municípios de Goianira-Go e Alexânia-Go, respectivamente, ambos são da espécie *C. adamantium*. Os genótipos mais similares foram os F14-62 e F14-63 com dissimilaridade de 0,107, ambos de *C. adamantium* procedentes de Caçu-Go e Rio Verde-Go, respectivamente, concordando com a análise anterior (93 genótipos) onde esses mesmos genótipos ficaram alocados em grupos distintos (Tabela 21).

A maior similaridade encontrada foi verificada para os genótipos F14-15 (Mineiros-Go) e F14-17 (Catalão-Go), ambos de *C. adamantium*. Esses resultados, também são concordantes com a análise total sendo esses materiais agrupados no mesmo grupo.

Para visualizar o comportamento dos genótipos em relação à dissimilaridade genética, realizou-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, com base na matriz de similaridade gerada pelo complemento do índice de Jaccard. Observou-se a formação de 7 grupos (Tabela 25), o maior grupo concentra 58,8% dos genótipos caracterizados como F14. No primeiro grupo encontra-se os genótipos F14-15, F14-38 e F14-52, que também foram agrupados juntos, com base nos descritores morfológicos. Os genótipos F14-74, F14-31, F14-60, F14-32, F14-48, foram agrupados isoladamente pelo método de Otimização de Tocher. Quando comparado ao agrupamento realizado para os 93 genótipos, o genótipos F14-31 foi também alocado de forma isolada (Tabela 21), enquanto os demais, que na análise do grupo F14 foram agrupados isoladamente, na análise conjunta dos 93 genótipos apresentaram-se o F14-74 junto com o F13-71; o F14-60 junto com o F13-59; o F14-32 junto com o F13-33 e o F14-48 junto com o NF-46, F13-61 e F13-68. Isso demonstra que, geneticamente, estes genótipos não apresentam marcas expressivas que definem o período de florescimento com clareza.

Tabela 25. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp. com base no complemento a matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard, utilizando marcador molecular ISSR.

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	10	F14-15 F14-17 F14-37 F14-22 F14-25 F14-39 F14-42 F14-38 F14-65 F14-52
2	2	F14-47 F14-90
3	1	F14-74
4	1	F14-31
5	1	F14-60
6	1	F14-32
7	1	F14-48

Foi realizada a análise de agrupamento pelo método UPGMA a partir das distâncias obtidas pela matriz de dissimilaridade (complemento de Jaccard) (Figura 13), de modo a verificar se os dados apresentariam o mesmo padrão de compactação em grupos em relação ao agrupamento pelo método de Otimização de Tocher. A correlação co-fenética foi de 0,73, maior em relação ao agrupamento total (93 genótipos) e ao agrupamento dos genótipos F13. O critério de corte utilizado para determinação do número de grupos foi o proposto por Mojema (1977). Observou-se a formação de 9 grupos, sendo que os genótipos F14-65, F14-90, F14-31, F14-32, F14-48, F14-60 e F14-74, foram alocados em grupos isolados. Em concordância ao agrupamento realizado pelo método de Otimização de Tocher F14-74, F14-31, F14-60, F14-32 e F14-48, também ficaram em grupos distintos e isolados.

Em relação aos dados morfológicos os genótipos F14-31 e F14-60 também ficaram isolados em grupos distintos quando aplicado à análise de agrupamento pelo método UPGMA, sendo, assim, as análises com descritores morfológicos e moleculares foram concordantes ao agrupar esses genótipos.

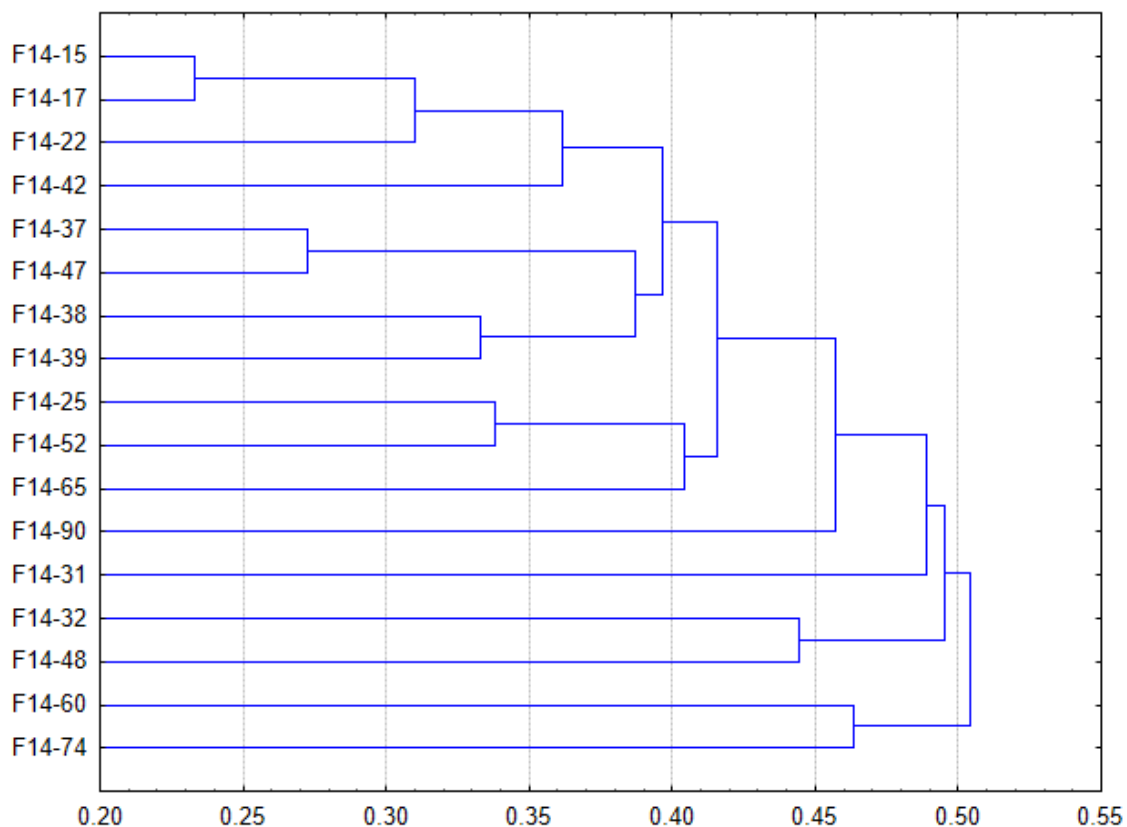


Figura 13. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp, utilizando marcador molecular ISSR.

Realizou-se ainda a análise de coordenadas principais em um gráfico tridimensional para representar a dispersão dos escores gerados para os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp, com o objetivo de consolidar a existência de variabilidade com essa metodologia, como demonstrado na Figura 14.

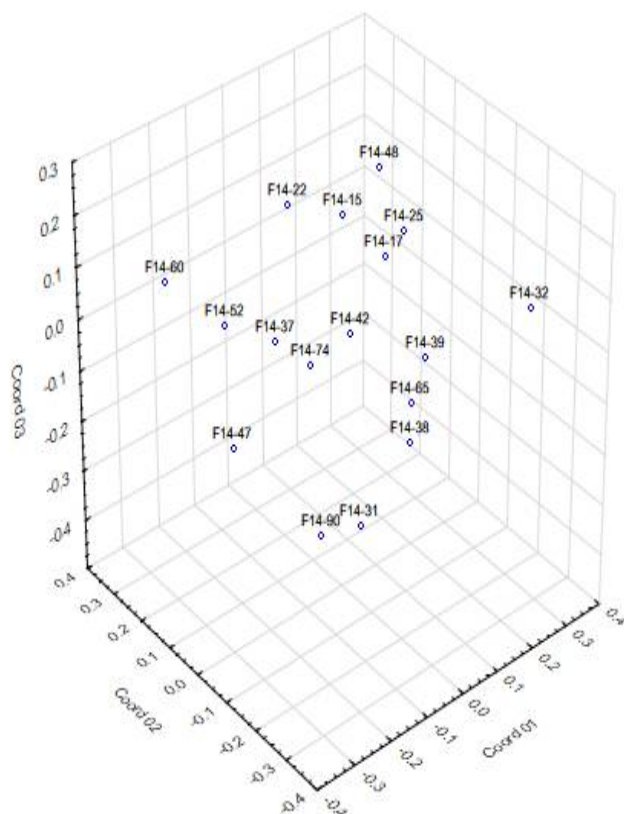


Figura 14. Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 17 genótipos F14 de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pelo matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.

4.5.4 Dissimilaridade Genética Baseada em Marcadores ISSR – NF

Foi realizada a análise da porcentagem de polimorfismo para os 16 genótipos NF, os 13 iniciadores ISSR geraram um total de 104 bandas sendo todas elas polimórficas (Tabela 26), a média de bandas por primer foram de 7 bandas. Pode-se perceber uma redução na quantidade de bandas geradas em relação ao total de bandas quando se procedeu a análise dos 93 genótipos (105 bandas) conjuntamente e o aumento de uma banda em relação aos genótipos F13, entretanto esse grupo apresentou 3 bandas a mais do que os genótipos F14, demonstrando assim a existência da variabilidade dentro dos grupos, como explicitado na AMOVA (Tabela 20).

Tabela 26. Número total de bandas, número de bandas polimórficas e porcentagem de polimorfismo para 16 genótipos NF de *Campomanesia* spp.

<i>Primers</i>	Número total de bandas amplificadas	Número total de bandas polimórficas	%Polimorfismo
(CTCT)4RC	6	6	100
(GGAGA)3	6	6	100
(TC)8G	6	6	100
(CA)7YG	6	6	100
GAC(CAA)5	7	7	100
HVH(TG)7	9	9	100
(AC) ₉ T	8	8	100
(GTG)4RC	8	8	100
(CA)7YC	9	9	100
TA(CAG)4	9	9	100
(AG)8YC	9	9	100
(GA) ₈ YC	10	10	100
(TC)8G	11	11	100

Os 16 genótipos avaliados que não floresceram dentro da coleção nos anos 2013 e 2014 (NF), foram, também avaliados quanto à divergência por marcador ISSR. Esses então foram avaliados individualmente de modo a gerar a matriz de dissimilaridade, com base na distância genética pelo complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard para esse subgrupo (NF). A maior dissimilaridade encontrada foi de 0,606, menor entre todas as análises, (Total, F13, e F14) para os genótipos NF-02 e NF-54 ambos de *C. adamantium* e oriundos de Caiapônia-Go e Abadiânia-Go, respectivamente. Os genótipos mais similares foram os NF-04 e NF-11 com dissimilaridade de 0,176. Em relação aos dados morfológicos os genótipos NF-04 e NF-54, oriundos de Caldas Novas-Go e Abadiânia-Go, foram os mais similares com distância Euclidiana média de 0,14.

Para agrupar e verificar o comportamento dos genótipos em relação à dissimilaridade genética, realizou-se a análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, com base no complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard. Observou-se a formação de 5 grupos (Tabela 24). O maior grupo concentra 62,5% dos genótipos caracterizados como NF. No primeiro grupo encontram-se os genótipos NF-03, NF-04, NF-07, NF-10 e NF-13, que também foram agrupados conjuntamente pela distância Euclidiana, com base nos descritores morfológicos. O genótipo NF-41, foi alocado em grupo isolado e distinto com base nos *primers* ISSR e aos 17 descritores

morfológicos, pelo método de Otimização de Tocher. Quando comparado ao agrupamento realizado para os 93 genótipos o NF-41 foi o único do subgrupo que não floresceu em nenhum dos anos considerados que não ficou contido no 1º grande grupo gerado pelo método de Tocher, sendo esse o mais divergente dos genótipos NF avaliados tanto para análise com descritores morfológicos quanto a análise molecular.

Tabela 27. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher para os 16 genótipos NF de *Campomanesia* spp. com base no complemento da matriz de similaridade gerada pelo índice de Jaccard, utilizando marcador molecular ISSR

Grupo	Número de Genótipos	Genótipos
1	10	NF-04 NF-11 NF-13 NF-12 NF-07 NF-09 NF-03 NF-10 NF-43 NF-58
2	2	NF-50 NF-54
3	2	NF-01 NF-02
4	1	NF-46
5	1	NF-41

Os dados de dissimilaridade também foram agrupados pelo método hierárquico UPGMA (Figura 15), utilizando-se a matriz de dissimilaridade com base no complemento aritmético gerado pelo índice de Jaccard. Este método gerou a formação de 5 grupos, semelhante ao agrupamento de Otimização de Tocher para os genótipos NF. A correlação cofenética foi de 0,80, maior entre todas as análises realizadas (Total, F13 e F14), demonstrando assim a confiabilidade dos dados de dissimilaridade no dendrograma. Pode-se observar que somente o genótipo NF-41 foi alocado em um grupo distinto e isolado, demonstrando, novamente, a divergência genética desse genótipo entre os demais analisados conjuntamente. Esses resultados são semelhantes ao encontrado quando se considerou os descritores morfológicos, onde esse genótipo foi alocado isoladamente pelo método UPGMA.

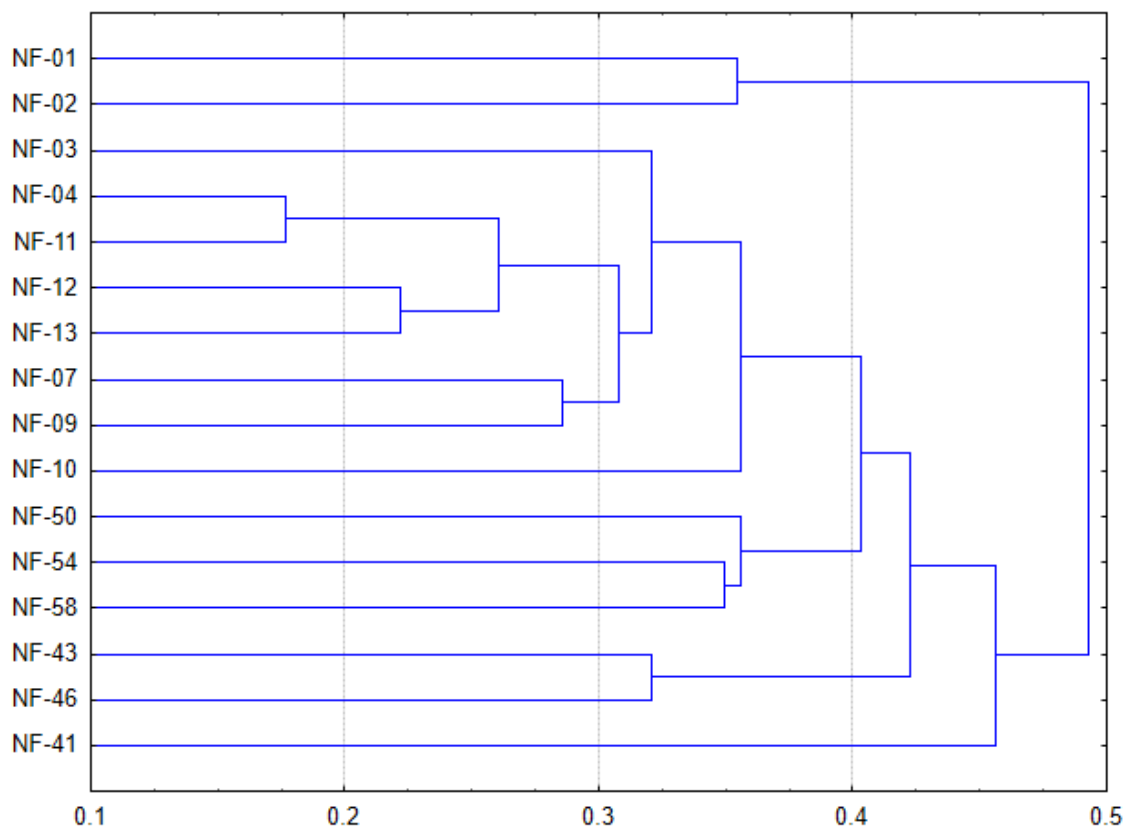


Figura 15. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade expressa pelo complemento ao índice de Jaccard para os 16 genótipos NF de *Campomanesia* spp, utilizando marcador molecular ISSR.

Realizou-se ainda a análise de coordenadas principais em um gráfico tridimensional para representar a dispersão dos escores gerados para os 17 genótipos NF de *Campomanesia* spp, com o objetivo de consolidar a existência de variabilidade com essa metodologia, como demonstrado na Figura 16.

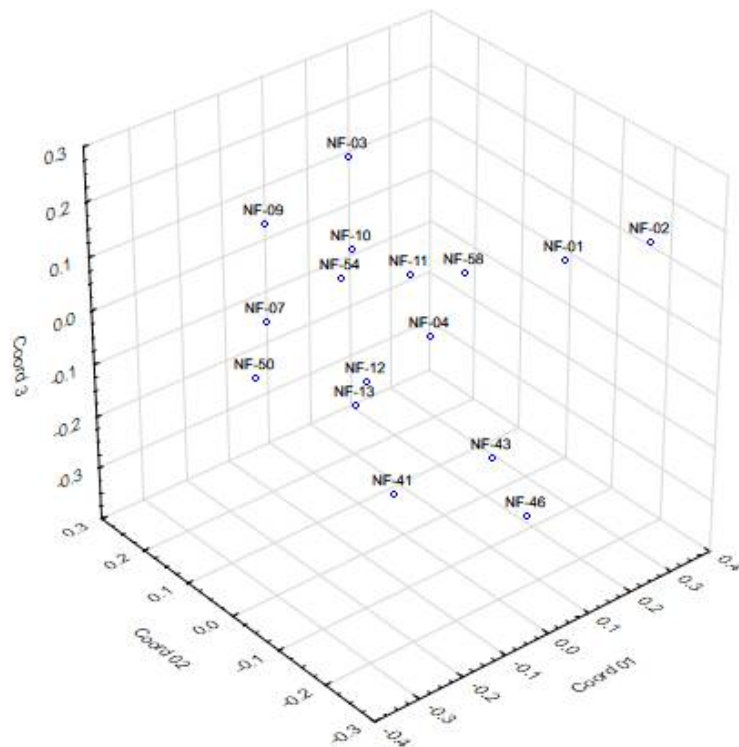


Figura 16. Análise tridimensional por coordenadas principais, entre os 16 genótipos NF (não florescimento em 2013 e 2014) de *Campomanesia* spp, a partir da dissimilaridade gerada pelo matriz de complementariedade obtida através do índice de Jaccard.

5. CONCLUSÃO

Os descritores morfológicos utilizados não foram suficientes para discriminar os 93 genótipos estudados nos 3 subgrupos anteriormente divididos.

Pela AMOVA foi verificado que a maior variação está dentro dos grupos em comparação a variação entre os grupos, indicando que existe mais variabilidade dentro com base nos 13 marcadores moleculares utilizados.

Com base nos descritores morfológicos os genótipos F13-57, F13-33 e F13-34, foram os mais divergentes.

Os 13 iniciadores ISSR foram eficientes para acessar a variabilidade genética dos 93 genótipos em estudo.

O genótipo F13-33 foi o mais divergente tanto pela análise com descritores morfológico quanto moleculares, se comportando como um material superior nos quesitos precocidade e para sistemas de cultivo.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente estudo constatou que existe variabilidade genética no material estudado, mas que no entanto outros estudos devem ser realizados de modo a subsidiar a implementação de um programa de melhoramento para a espécie.

Cabe salientar que o presente estudo trabalhou com grupos distintos no quesito época do primeiro florescimento, tendo em vista isso acredita-se que os indivíduos pertencentes ao subgrupo F13, apresentam uma certa precocidade, devendo assim esses materiais serem objetos de estudos mais aprofundados, utilizando-se de dados de produção como: número de frutos por planta, peso de frutos, número de sementes, peso de semente, e também análise química dos mesmos, teor de vitaminas, teor de açúcares totais.

Esses dados de produção são de suma importância uma vez que nos condiciona informações referentes a qualidade do material de interesse que no caso da gabirobeira são os frutos, sendo assim nos permite a escolha de materiais que atendam a parâmetros de qualidade, bem como subsidie parentais para futuros cruzamentos.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADATI, R. T. Óleo Essencial de *Campomanesia phaea* (Myrtaceae): Avaliação de Atividade Antimicrobiana. In: V Seminário de Pós-graduação, 2000, São Paulo. V Seminário de Pós-Graduação, 2000. v. 1. p. 30-32.
- AJALLA, A. C. A. Desenvolvimento e produtividade da *Campomanesia adamantium* (Cambess) O. Berg proveniente de mudas submetidas a diferentes substratos e níveis de sombreamento. 2012. 46 f. Tese (Doutorado) - Curso de Doutorado em Agronomia, UFGD, Dourados, 2012.
- ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. Tecnologia do DNA recombinante. In: **Biologia Molecular da Célula**. 3. ed. Porto Alegre: Artes Médicas, 1997. cap. 7. p.291-334.
- ALMEIDA, C. M. A., LIMA, S. N.; LIMA, G. S. A.; BRITO, J. Z.; DONATO, V. M. T. S.; SILVA, M. V. Caracterização Molecular de Cultivares De Cana-de-açúcar Utilizando Marcadores ISSR. *Ciência Agrotecnologia*, Lavras, v. 33, n. 8, p.1771-1776, abr. 2009.
- ALMEIDA, M.J.O.F.; NAVES, R.V.; XIMENES, P.A. Influência das Abelhas (*Apis mellifera*) na polinização da gabioba (*Campomanesia* spp). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 30 (2): 25-28, jul./dez. 2000.
- ALVARES, R. C. Divergência genética entre acessos de *Capsicum chinense* jacq. coletados no sudoeste goiano. 2011. 59 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Mestrado em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2011.
- AMARAL, É. V. E. J. Caracterização morfológica e identificação taxonômica de espécies de *Campomanesia* Ruiz & Pavon (Myrtaceae). 2012. 75 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Mestrado em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2012.
- AMARAL, E. V. E. J.; SALES, J. F.; REIS, E. F.; PINTO, J. F. N.; ESTEVÃO, C. I. M. Utilização de marcadores ISSR para auxílio na identificação de espécies do gênero *Campomanesia*. In: IV CONGRESSO DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO DO CAMPUS RIO VERDE DO IF GOIANO, 2015. Anais... Rio Verde, 2015. p. 1 - 3.
- ANDRADE, L.A.Z.; FELFILI, J.M.; VIOLATTI, L. Fitossociologia de uma área de cerrado denso na RECOR-IBGE, Brasília-DF. **Acta Botanica Brasilica**. v. 16. n. 2, p. 225-240, 2002.

ARANTES, A. A.; MONTEIRO, R. A família Myrtaceae na Estação Ecológica do Panga, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil. **Lundiana**, Belo Horizonte, v.3, n.2, p.111-127, 2002.

ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A.R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim, usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.

ASSIS, E. S. REIS, E. F.; PINTO, J. F. N.; CONTIM, L. A. S.; DIAS, L. A. S. Genetic diversity of gabioba based on random amplified polymorphic DNA markers and morphological characteristics. *Genetics And Molecular Reserach*, v. 12, n. 3, p.3500-3509, 2013.

ASSIS, E. S. Diversidade genética de gabiobeiras (*Campomanesia* spp) por meio de caracteres morfológicos e marcadores moleculares RAPD. 2011. 61 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2011.

BALASARAVANAN, T.; CHEZHIAN, P.; KAMALAKANNAN, GHOSH, M.; R.; YASHODA, R.; VARGHESE, M., GURUMURTHI, K. Determination of inter- and intra-species genetic relationships among six *Eucalyptus* species based on inter-simple sequence repeats (ISSR). **Tree Physiology Online**, v. 39 n.9 p. 1295-1302, 2005.

BALASARAVANAN, T.; CHEZHIAN, P.; KAMALAKANNAN, R.; YASHODA, R.; VARGHESE, M., GURUMURTHI, K.; GHOSH, M. Identification of species-diagnostic ISSR markers for six *Eucalyptus* species. **Silvae Genetica**, v. 55, n. 3 p. 119-122, 2006.

BARROS, A. M.; FALEIRO, F. G.; KARIA, C. T.; SHIRATSUCHI, L. S.; ANDRADE, R. P.; LOPES, G. K. B. Variabilidade genética e ecológica de *Stylosanthes macrocephala* determinadas por RAPD e SIG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 9, p. 899-909, 2005.

BENINCASA, M. M. P. **Análise de crescimento de plantas**. Jaboticabal, FUNEP, 1988, 42 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6. ed. Viçosa: Ufv, 2013. 523 p.

BOVI, M. L. A.; GODOY JUNIOR, G.; SAES, L. A. Pesquisas com os gêneros *Euterpe* e *Bactris* no Instituto Agrônomo de Campinas. In: Encontro Nacional de Pesquisadores em Palmito, 1., 1988, Curitiba. **Anais...** Curitiba: Embrapa - CNPF, 1988. p. 1-43. (EMBRAPA – CNPF, Documentos, 19).

BRANDÃO, M. O. **Diversidade genética de *Myrcia splendens* (SW). DC. (Myrtaceae) por marcadores ISSR em sistema corredor-fragmento semidecíduais no sul de Minas-Gerais.** 2008. 80 f. Dissertação (Mestrado) – Curso de Pós-graduação em Engenharia Florestal, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.

CAIXETA, E. T.; FERRÃO, L. F. V.; ZAMBOLIM, E. M. Marcadores moleculares. In: BORÉM, Aluizio; FRITSCHÉ-NETO, Roberto. Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 2013. Cap. 2. p. 31-68.

CARVALHO, F. A. RODRIGUES, V. H. P.; KILCA, R. V.; SIQUEIRA, A. S.; ARAÚJO. G. M.; SCHIAVINI, I. Composição Florística, Riqueza e Diversidade de um Cerrado Sensu Stricto no Sudeste do Estado de Goiás. Biosciences Journal, Uberlândia, v. 24, n. 4, p.64-72, dez. 2008.

CARVALHO, P. C. L.; SOARES FILHO, W. S.; RITZNGER, R.; CARVALHO, J. A. B. S. Conservação de germoplasma de fruteiras tropicais com a participação do agricultor. Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v. 23, n. 3, p.730-734, dez. 2001.

CARVALHO, R. S. Variabilidade genética de cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* St. Hill) por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 1, 2012.

CARVALHO, R.S.; PINTO, J.F.N.; REIS, E.F.; SANTOS, S.C.; DIAS, L.A.S. Variabilidade Genética de Cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium húmile* St. Hil.) por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 1, 2012.

CASTRO, H.G. SILVA, D. J. H.; OLIVEIRA, L. O.; FERREIRA, F. A.; SAKIYAMA, N. S.; BARBOSA, C. A.; RIBEIRO JÚNIOR, J. I. Diversidade genética entre acessos de mentrasto avaliados por características

botânico-agrômicas, moleculares e fitoquímicas. **Revista Ceres**, v.51,

p.227-241, 2004.

CASTRO, V. S.; LORENZI, H. **Botânica sistemática**: guia ilustrado para identificação das famílias de Angiospermas da flora brasileira. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, 2005. p. 260-261.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, V. PAIXÃO, S. L.; MADALENA, J. A. S.; PEREIRA, R. G. Caracterização e divergência genética da batata-doce por meio de marcadores morfológicos. *Revista Caatinga*, Mossóro, v. 21, n. 4, p.89-95, out. 2008.

CAVALCANTI, J. V.; RESENDE, M. D. V. Seleção Precoce Intensiva: Uma Nova Estratégia Para o Programa de Melhoramento Genético do Cajueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 32, n. 4, p.1279-1284, dez. 2010.

CHAHIDI, B.; EL-OTMANI, M.; JACQUEMOND, C.; TIJANE, M.; EL-MOUSADIK, A.; SRAIRI, I.; LURO, F. Utilisation de caracteres morphologiques, physiologiques et de marqueurs moléculaires pour l'évaluation de la diversité génétique de trois cultivars de clémentinier. **Comptes Rendus Biologies**, v. 331, n. 1, p. 1-12, 2008.

CHAVES, J. L., MOURA, N. F. **Recursos genéticos da mangabeira no bioma cerrado**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, 1., 2003, Aracaju, SE. Anais... Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003. Disponível em CD ROM.

CHIORATO, A.F.; CARBONELL, S. A. M.; BENCHIMOL, L. L.; CHIAVEGATO, M. B.; DIAS, L. A. S.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity in common bean

accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data.

Scientia Agricola, v.64, p.256-262, 2007.

COELHO, C. M. M.; ZILIO, M. SOUZA, A. C.; GUIDOLIN, A. F.; MIQUELLUT, D. J. Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo. Seminário de Ciências Agárias, Londrina, v. 31, n. 1, p.1177-1186, maio 2010.

COSTA, J.L.; OLIVEIRA, E.J.; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, G.A.F.; NEVES, C.G. **Marcadores moleculares como ferramenta para estruturação da diversidade genética em 12 genótipos de maracujazeiro**. Jornada Científica – Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2010.

COSTA, T. S.; SILVA, A. V. C.; LÉDO, A. S.; SANTOS, A. R. F.; SILVA JÚNIOR, J. F. Diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 46, n. 5, p.499-508, maio 2011.

COUTINHO, I. D.; CARDOSO, C. A. L.; COELHO, R. G.; MELO, A. M. Flavonóides e atividade antioxidante e antimicrobiana das folhas de *Campomanesia adamantium* Berg. (Myrtaceae). In: Reunião Anual da SBQ, 31., 2008, Águas de Lindóia. **Anais...** Águas de Lindóia: SBQ, 2008. CD-ROM. a.

CRONQUIST, A. An Integrated System of Classification of Flowering Plants. New York: Columbia University Press, 1981.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária. 2001. 585 p.

CRUZ, C. D.; SALGADO, C. C.; BHERING, L. L. Biometria aplicada á análise molecular em diversidade genética. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R.

Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 2013. Cap. 3. p. 69-118.

CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. V. 35, n. 3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 579p.

CRUZ, C.D; FERREIRA, F.M; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.

CRUZ, G. F. et al. Atividade antibacteriana dos óleos essenciais das folhas e dos frutos de *Campomanesia* sp (Myrtaceae). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE QUÍMICA, 40. 2000, Recife. **Anais...** Recife: Associação Brasileira de Química, 2000. p. 132-133.

DIAS, L. A. DOS S.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Agrotropica**, v. 3, n. 3, p. 119-127, 1991.

DRESCH, D. M.; SCALON, S. P. Q.; MASETTO, T. E.; MUSSURY, R. M. Storage of *Campomanesia adamantium* (Cambess.) O. Berg Seeds: Influence of Water Content and Environmental Temperature: Influence of Water Content and Environmental Temperature. *American Journal Of Plant Sciences*, v. 05, n. 17, p.2555-2565, 2014.

DRESCH, D. M.; SCALON, S. P. Q.; MASETTO, T. E.; VEIRA, M. C. Germinação e vigor de sementes de gabioba em função do tamanho do fruto e semente. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 43, n. 3, p.262-271, jul. 2013.

DURIGAN, G.; BAITELLO, J.B.; FRANCO, G.A.D.C.; SIQUEIRA, M.F. **Plantas do cerrado paulista: imagens de uma paisagem ameaçada**. São Paulo: Páginas e letras editora e gráfica, p. 475, 2004.

EITEN, G. The cerrado vegetation of Brazil. **Botanical Review**, [S.l.], v. 38, p. 139-148, 1972.

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. V. Variabilidade genética em germoplasma tradicional em feijão preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, out. 2007.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P.; QUATTRO, J. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes - application to human mitochondrial-DNA restriction data. **Genetics**, Maryland, v.131, n.2, p.479-491, 1992.

FAGUNDES, W. A.; SILVA, L. F.; SILVA, P.R. Genetic variability in *Campomanesia xanthocarpa* accessed by ISSR markers. In: 58° CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 58. 2012, Foz do Iguaçu. Anais... . Foz do Iguaçu: Mmm, 2012. p. 37 - 37

FALEIRO, F. G. Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos. Planaltina-df: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do Cerrado visando a análises moleculares**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. 5 p. (Comunicado Técnico, 92).

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise** genética. 3 ed. EMBRAPA-CENARGEN: Brasília, 1998, 220p.

FLORESCER. **Flora Integrada da Região Centro-Oeste**, Universidade de Brasília. Disponível em: <www.florescer.unb.br>. Acessado em 10/12/2015.

FORZZA, R.C. et al. **Catálogo de plantas e fungos do Brasil**. v 2. Rio de Janeiro: Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2010.

FRANZON, R. C. Fruteiras nativas do Cerrado têm potencial para exploração: Pesquisa Embrapa Cerrados (CPAC). Disponível em: <<http://www.grupocultivar.com.br/artigos/fruteiras-nativas-do-cerrado-tem-potencial-para-exploracao>>. Acesso em: 15 abr. 2016.

FREITAS, J.B.; CÂNDIDO, T.L.N. E.; SILVA, M. R. (2008) - Geleia de gabioba: avaliação da aceitabilidade e características físicas e químicas. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, vol. 38, n. 2, p. 87-94.

GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N.; FONSECA, F. S.; BATAGLIA, O. C.; ORTOLANO, A. A. Early selection for growth vigor in rubber tree genotypes in northwestern São Paulo State (Brazil). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, n. 4, p. 620-630, 1998.

- GOULÃO, L.; OLIVEIRA, C.M. Molecular characterization of cultivars of apple (*Malus x doméstica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. **Euphytica**, vol. 122, pag. 81-89. 2001.
- GOVAERTS, R.; SOBRAL, M.; ASHTON, P.; BARRIE, F.HOLST, B. K.; LANDRUM, L. L.; MATSUMOTO, K.; MAZINE, F. F.; LUGHADHA, E. N.; PROENÇA, C.; SOARES-SILVA, L. H.; WILSON, P; G.; LUCAS, E. **World Check-List of Myrtaceae**. Facilitado pelo Royal Botanic Gardens, Kew. Publicado na internet; <http://apps.kew.org/wcsp/>. Acessado em 10/12/2015.
- GRATTAPAGLIA, D.; VAILLANCOURT, R. E.; SHEPHERD, M.; THUMMA, B. R.; FOLEY, W.; KULHEIM, C.; POTTS, B. M.; MYBURG, A. A. Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genetics & Genomes**. v. 8 p. 463–508, 2012.
- GRESSLER, E.; PIZO, M. A.; MORELLATO, P. C. Polinização e dispersão de sementes em Myrtaceae do Brasil. *Revista Brasileira de Botânica*, São Paulo, v. 29, n. 4, p.509-530, out. 2006.
- IQBAL, Z.; ARSHAD, M.; ASHRAF, MUHAMMAD, MAHMOOD, T.; WHAHEED, A. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. **Pakistan Journal of Botany**, v.40, n.6, p.2323-2328, 2008. Disponível em: <[http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40\(6\)/PJB40\(6\)2323.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40(6)/PJB40(6)2323.pdf)>. Acesso em: 15 dez. 2015.
- JACCARD, P. 1908. **Nouvelles recherches sur la distribution florale**. Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat. 44: 223-270.
- Judd WS, Campbell CS, Kellogg EA, Stevens PF 1999. *Plant systematics: a phylogenetic approach*. Sunderland: Sinauer.
- KAGEYAMA, P. Y. **Conservação “in situ” de recursos genéticos de plantas**. IPEF, 7-37. 1986.
- KLINK, C.A.; MACHADO, R.B. A conservação do Cerrado Brasileiro. **Megadiversidade**. Brasília. v. 1. n. 1, 2005.
- LEGRAND, C.D.; KLEIN, R.M. Mirtáceas. Pp. 553-569. In: P.R. Reitz (ed.). **Flora Ilustrada Catarinense**. Herbário Barbosa Rodrigues, Itajaí, 1978.
- LORENZI, H.; SARTORI, S.; BACHER, L.B.; LACERDA, M. Frutas Brasileiras e Exóticas Cultivadas: de consumo in natura. **Instituto Plantarum de Estudos da Flora**, Sao Paulo, 2006.

LORENZONI, R. M.; SOARES, T. C. B.; SANTIAGO, V. F.; SILVA, J. A.; COELHO, R. I. Utilização de marcadores ISSR na avaliação da divergência genética entre acessos de biribazeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, [s.l.], v. 36, n. 1, p.251-257, jul. 2014.

MARCHIORI, J. N. C.; SOBRAL, M. *Dendrologia das Angiospermas*. Santa Maria: Editora da Ufsm, 1997.

MARTINS, W. A.; MANTELLI, M.; SANTOS, S. C.; COSTA NETTO, A. P. C.; PINTO, F. Estaquia e concentração de reguladores vegetais no enraizamento de *Campomanesia adamantium*. *Revista de Ciências Agrárias, Sociedade de Ciências Agrárias de Portugal*, v. 38, n. 1, p.58-64, jan. 2015.

MELCHIOR, S.J.; CUSTODIO, C.C.; MARQUES T.A.; MACHADO NETO, N.B. Colheita e Armazenamento de Sementes de Gabiroba (*Campomanesia adamantium* Camb. – Myrtaceae) e implicacoes na germinacao. **Revista Brasileira de Sementes**, vol. 28, no3, p.141-150, 2006.

MELO FILHO, P. A.; SANTOS, R. C.; SANTOS, R. C. M. J. W.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. Classificação de germoplasma de *Dioscorea* sp. Através da análise das componentes principais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 4, p. 619–623, 2000.

MELO, F. L. Desenvolvimento de métodos moleculares baseados em pcr para a detecção de *Schistosoma mansoni*. 2006. 114 f. Tese (Doutorado) - Curso de Doutorado em Saúde Pública, Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Recife, 2006.

MENDONÇA, R.C.; FELFILI, J. M.; WALTER, B. M. T.; JÚNIOR, M. C. S.; REZENDE, A. V.; FILGUEIRAS, T. S.; NOGUEIRA, P. E. **Flora vascular do bioma cerrado**. Disponível em: <ftp://geofp.ibge.gov.br/documentos/recursos_naturais/levantamento/floravascular.pdf>. Acessado em 09/12/2015.

MIRANDA, E. A. G. C.; BOAVENTURA-NOVAES, C. R. D.; BRAGAL, R. S. REIS, E. F.; PINTO, J. F. N.; TELLES, M. P. C. Validation of EST-derived microsatellite markers for two Cerrado-endemic *Campomanesia* (Myrtaceae) species. *Genetics And Molecular Research*, v. 15, n. 1, p.1-6, 2016.

MORAIS, L. M. F.; CONCEIÇÃO, G. M.; NASCIMENTO, J. M. Família Myrtaceae: análise morfológica e distribuição geográfica de uma coleção botânica. *Agrarian Academy*, Goiânia, v. 1, n. 1, p.317-346, abr. 2014.

MOURA, N. F.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V. Caracterização física de frutos de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) do cerrado. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 37, n. 5, p.905-902, set. 2013.

NASS, L. L. **Recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. 858p.

NEGREIROS, J. R. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; ÁLVARES, V. S.; MORGADO, M. A. D.; SIQUEIRA, D. L. Diversidade genética entre progênies de maracujazeiro amarelo baseado em características morfo-agronômicas. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 312, n. 54, p.153-160, mar. 2007.

OKUN, D. O.; KENYA, E. U.; OBALLA, P. O.; ODEE, D. W.; MULUVI, G. M. Analysis of genetic diversity in *Eucalyptus grandis* (Hill ex Maiden) seed sources using inter simple sequence repeats (ISSR) molecular markers. ***African Journal of Biotechnology***. v. 7 n. 13 p. 2119-2123, 2008.

OLIVEIRA, L. J.; SILVA, S. M.; COSTA NETTO, A. P.; SILVA, S. M.; SILVA, F. M. S. M. Características agronômicas e atividade da redutase do nitrato em plantas de *Campomanesia* sp. sob estresse hídrico. *Revista Agrarian*, Dourados, v. 4, n. 11, p.43-53, mar. 2011.

OLIVEIRA, M. C.; SANTANA, D. G.; SANTOS, C. M. Biometria de frutos e sementes e emergência de plântulas de duas espécies frutíferas do gênero *Campomanesia*. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 33, n. 2, p.446-455, jun. 2011.

OLIVEIRA, N. S. O. VIANA, A. P.; QUINTAL, S. S. R.; PAIVA, C. L.; MARINH, C. S. Análise de distância genética entre acessos do gênero *Psidium* via marcadores ISSR. ***Revista Brasileira de Fruticultura***, Jaboticabal, v.36, n.4, p.917-92, dez. 2014.

OVANDO, P. C.; LONGHI, E.L.; ROMEIRO, D.; SANTINI JUNIOR, L.; AGUIAR, O.T.; FLORSHEIM, S.M.E.; LIMA, I.L Anatomia do lenho de *Myrcia albotomentosa* DC. e *Myrcia multiflora* (Lam.) De. (Myrtaceae). In: 4° SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTIFICA DO INSTITUTO FLORESTAL, 2010., 4., 2010, São Paulo. Anais... São Paulo: 11, 2010. p.1.

- PAIVA, C. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia Ward-MLM. *Revista Brasileira de Fruticultura.*, [v. 36, n. 2, p.381-390, jun. 2014.
- PAIVA, J. R. Conservação *ex situ* de recursos genéticos de plantas na região tropical úmida. *Acta Amazônica*, Manaus, v. 24, n. 1, p.63-80, jan. 1994.
- PASCOAL, A. C.; EHRENFRIED, C. A.; LOPES, B. G.; ARAUJO, T. M.; PASCOAL, V. D.; GILIOLI, R.; ANHÊ, G. F.; RUIZ, A. L.; CARVALHO, J. E.; STEFANELLO M. E.; SALVADOR, M. J. Antiproliferative Activity and Induction of Apoptosis in PC-3 Cells by the Chalcone Cardamonin from *Campomanesia adamantium* (Myrtaceae) in a Bioactivity-Guided Study. *Journal Molecules*, [s.l.], v. 19, n. 1, p.1843-1855, fev. 2014.
- PAVAN, F. R.; LEITE, C. Q. F.; COELHO, R. G.; COUTINHO, I. D.; HONDA, N. K.; CARDOSO, A. L.; VILEGAS, W.; LEITE, S. R. A.; SATO, D. N. Evaluation of anti-*Mycobacterium tuberculosis* activity of *Campomanesia adamantium* (MYRTACEAE). *Química Nova*, São Paulo, v. 5, n. 32, p.1222-1226, maio 2009.
- PEIXOTO, N.; SILVA, E.; TEIXEIRA, F.G.; MOREIRA, F.M. Avaliação de crescimento inicial de populações de gabioba em Ipameri. In: Seminário de iniciação científica, 1., jornada de pesquisa e pós-graduação, 3., 2005, Anápolis. **Anais...** . Anápolis, 2005.
- PIMENTEL, L. D.; STENZEL, N. M. C.; CRUZ, C. C.; BRUCKNER, C. H. Seleção precoce de maracujazeiro pelo uso da correlação entre dados de produção mensal e anual. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 43, n. 10, p.1303-1309, ago. 2008.
- PINTO, J. F. N.; REIS, E. F. R.; FALEIRO, F. G.; BARBOSA, E. C. C.; NUNES, H. F.; PINTO, J. F. N. Seleção de descritores vegetativos para caracterização de acessos de guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 32, p.832-840, mar. 2010.
- PIVA, M.G. **O caminho das plantas medicinais: estudo etnobotânico**. Rio de Janeiro, Mondiran, 2002.
- PROENÇA, C. **Listagem Comprovada das Myrtaceae do Jardim Botânico de Brasília “Check-List”**. *Bol. Herb. Ezechiasn Paulo Heringer* v. 1: 6-8, 1994.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York. John Willey and Sons, 390p., 1952.

- REIF, J. C.; MELCHONGER, A. E.; FRISCH, M. Genetical and mathematical properties of similarity and dissimilarity coefficients applied in plant breeding and seed bank management. **Crop Science**, Madison, v.45, n. 1, p. 1-7, 2005.
- RESENDE, H. C.; TEIXEIRA, T. A. Genetic diversity in Campomanesia (MYRTACEAE) estimated by multivariate analysis of the phenotypic characteristics. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 56, n. 1, p.85-92, jan. 2009.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.
- REZENDE, G.D.S.P.; BERTOLUCCI, F.L.G.; RAMALHO, M.A.P. Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Revista Ceres**, v. 1, p. 45-50, 1994.
- RIBEIRO, J.F. & WALTER, B.M.T. 2008. **As principais fitofisionomias do Bioma Cerrado**. In Cerrado: ecologia e flora (S.M. Sano, S.P. Almeida & J.F. Ribeiro, eds.). Embrapa Cerrados, Planaltina. p.151 -212
- RITSCHER, P. S.; HUAMÁN, Z. Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 37, n. 4, p.485-492, abr. 2002.
- ROCHA, A.; SALOMÃO, T. M. F.; SIQUEIRA, D. L.; CRUZ, C. D.; SALOMÃO, L. C. C. Genetic Diversity of 'Ubá' Mango Tree Using ISSR Markers. **Molecular Biotechnology**, Totowa, v.50, n.2, p.108- 113, 2012.
- SABADIN, G.; SCHUHLI, G. S. Prospecção de variedades de guabiroba por meio de marcadores ISSR. In: EVENTO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA EMBRAPA FLORESTAS 2013, Colombo. Anais... . Colombo: Embrapa Florestas, 2013. p. 1 – 1.
- SAIKI, R. K.; SCHARF, S.; FALOONA, F.; MULLIS, K. B.; HOM, G. T.; ERLICH, H. A. ARNHEIM, N. Enzymatic amplification of beta-globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. **Science**, Washington, v. 230, n. 4732, p. 1350-1354, Dec. 20. 1985.
- SANO, S. M; ALMEIDA, S. P. de; RIBEIRO, J. F. **Cerrado Ecologia e Flora**. Brasília: Embrapa, 2008. 406 p.
- SANTANA, I.B.B.; OLIVEIRA, E. J.; SOARES FILHO, W. S.; RITZINGER, R.; AMORIM, E. P.; COSTA, M. A. P. C.; MOREIRA, R. F. C. Variabilidade genética

- entre acessos de Umbu-Cajazeira mediante análise de marcadores ISSR. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.33, n.3, p.868-876, 2011.
- SANTANA, M. A.; WESP, C.; GASPARETTO, B. F.; BARROS, I. B. I. Caracterização morfológica de folhas de acessos *Campomanesia* spp. In: VIII CONGRESSO BRASILEIRO DE AGROECOLOGIA, 8., 2013, Porto Alegre. Anais... . Porto Alegre: Ss, 2013. p. 1 - 4.
- SCARIOT, A.; RIBEIRO, J. F. Boas práticas de manejo para o extrativismo sustentável da cagaita. Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2015.
- SHANMUGAPRIYA, A.; YASODHA, R. Unique pattern information combinations for clonal discrimination in *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. using microsatellite markers. **Indian Journal Biotechnology**. v. 13 n.1 p. 75-80, 2014.
- SILVA, M.R.; LACERDA, D. B. C. L.; SANTOS, G. G. S.; MARTINS, D. M. O. Caracterização química de frutos nativos do cerrado. **Ciência Rural**, v. 38, n. 6, p. 1790-1793. Jul. 2008.
- SINGH, D. The relative importance of caracteres affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.
- SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973.
- SOBRINHO, A. J M.; CHARCHAR, J. M.; ARAGÃO, F. A. S. Caracterização morfológica de germoplasma de alho por análises multivariada componentes principais e variáveis canônicas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p.96-101, jul. 1999.
- SOUZA, G. A.; CARVALHO, M. R. O.; MARTINS, E. R.; GUEDES, N. C.; OLIVEIRA, L. O. Diversidade genética estimada com marcadores ISSR em populações brasileiras de *Zabrotes subfasciatus*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.7, p.843-49, 2008.
- TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 3.ed. Porto Alegre: Artmed, 2004, 719p.
- VALLILO, M. I.; BUSTILLOS, O. V.; AGUIAR, O. T. Identificação de terpenos no óleo essencial dos frutos de *Campomanesia adamantium* (Cambessédes) o.

berg – Myrtaceae. *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v. 18, n. 1, p.15-22, dez. 2006.

VAZ PATTO, M.C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. **Euphytica**, Wageningen, v.137, n.1, p.63- 72, 2004.

WAGNER JÚNIOR, A. et al. Divergência genética entre progênes de Pessegueiro em Zaragoza, Espanha. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.33, n.1, p.303-310, 2011.

WILSON, P.G.; O'BRIEN, M.M; HELESWOOD, M. M.; QUINN, C.J. 2005. **Myrtaceae revisited a reassessment of infrafamilial groups**. *Plant Systematics and Evolution*. 251: 3-19.

WILSON, W. G.; O'BRIEN, M. M.; GADEK, P.A.; QUINN, C. J. Relationships within Myrtaceae sensu lato based on amatk phylogeny. *American Journal Of Botany*. New York, p. 2013-2025. nov. 2001.

WOLFE, A. D.; LISTON, A. Contributions of PCR – based methods to plant systematics and evolutionay biology. In: SOLTIS, D. E.; SOLIS, P. S.; DOYLE, J.J. (Ed.). **Plant molecular systematics II**. Boston Kluwer, 1998. p. 43-86.

XAVIER, A. WENDLING, I. SILVA, R. L. **Silvicultura Clonal: princípios e técnicas**. Viçosa: UFV, 2009. 272p.

ZIETJKEWICZ, E.; RAFALSKI, A.; LABUDA, D. Genome fingerprint by simple sequence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification. **Genomics**, v. 20, p. 176-183, 1994.