



ANÁLISES MULTIVARIADAS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE BARUEIRO

Luiz Henrique Dias Arruda¹, Givago Coutinho¹, Paulo Henrique Sales Guimarães²

¹ Centro Universitário de Goiatuba, Goiatuba, Goiás (givago_agro@hotmail.com);

² Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais (paulo.guimaraes@ufla.br).

RESUMO: Em termos de extensão e flora, o Cerrado constitui o segundo maior bioma brasileiro e apresenta espécies frutíferas nativas, que produzem frutos com características diferenciadas, cores atraentes e sabores exclusivos, como o barueiro. Contudo, a exploração descontrolada e insustentável dos recursos deste bioma vem sendo motivo de grande preocupação em todo mundo. Diante da importância e potencial produtivo do barueiro, torna-se necessário a caracterização de frutos e sementes na formação de mudas através de análises multivariadas em programas de melhoramento. O delineamento utilizado foi inteiramente ao acaso, com sete populações de barueiros provenientes das regiões sul e sudeste do estado de Goiás, com cinco repetições totalizando trinta e cinco parcelas experimentais, com quinze frutos por repetição. Após a análise de dissimilaridade genética, o método de agrupamento por UPGMA agrupou as populações de forma que um grupo foi formado pelas populações Caldas Novas e Bom Jesus e o outro pelas demais. Os maiores índices de correlação observados foram massa de cem frutos e massa de cem sementes (87%) e comprimento de sementes e comprimento de frutos (86%), respectivamente. No sistema de agrupamento pelo método k-means houve a formação de dois grupos com Caldas Novas, Aloândia e Bom Jesus em um dos grupos e o outro grupo formado pelas demais populações.

Palavras-chave: agrupamento, dissimilaridade genética, *Dipteryx alata* Vogel.

INTRODUÇÃO

O processo de adaptação ao cultivo de espécies promissoras como as nativas do Cerrado constitui uma ferramenta fundamental visando reduzir o risco de extinção dessas espécies. Para Junqueira *et al.* (2010), a detecção de diversidade genética entre acessos abre boas perspectivas para maiores estudos sobre o potencial de espécies e acessos como frutíferas comerciais. Vieira *et al.* (2010) citaram pelo menos 16 espécies frutíferas nativas da região do Cerrado do Brasil como potenciais, considerando aspectos agrônômicos, nutricionais, econômicos, tecnológicos e sociais, dentre essas, o barueiro (*Dipteryx alata* Vogel).

Contudo, frutos de espécies nativas, sobretudo as nativas do Cerrado, apresentam desuniformidade em características vegetativas e reprodutivas, necessitando de mais estudos para que possam ser estabelecidos parâmetros que possibilitem a seleção por atributos como cor, tamanho, espessura, entre outros (BORGES *et al.*, 2010). Segundo Pereira *et al.* (2019), o conhecimento da variabilidade genética entre genótipos, a exemplo do Cajuzinho-do-cerrado, é importante para estabelecer estratégias de pré-melhoramento e uso em programa de



melhoramento. O objetivo deste trabalho foi a avaliação de genótipos de barueiro através de análises multivariadas, no sentido de auxiliar na determinação de populações de barueiro promissoras para o início de programas de melhoramento e assim, exploração racional da espécie. Uma vez que métodos que possibilitem estimar a diversidade genética existente entre os indivíduos são importantes no momento da escolha entre progenitores para programas de melhoramento genético, sendo este o foco do trabalho.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi desenvolvido em áreas de vegetação nativa do Cerrado, habitat comum do barueiro. A obtenção dos frutos e sementes de barueiro foi realizada entre os meses de setembro e novembro de 2019 nos municípios de: Aloândia, Bom Jesus, Caldas Novas, Edéia, Goiatuba, Itumbiara e Pontalina. Todos os municípios, bem como os locais de coleta dos frutos apresentam clima Aw segundo a classificação de Köppen (Tabela 1), que corresponde ao clima tropical com estação seca no inverno (CARDOSO; MARCUZZO; BARROS, 2014).

Tabela 1. Caracterização dos locais de coleta dos frutos. Fonte: Google Earth (2019)* e Climate Data (2019)**. Goiatuba, GO, 2023.

Locais	Latitude Sul*	Longitude Oeste*	Altitude (m)**	Temperatura Média Anual (°C)**	Precipitação (mm)**	Classificação climática por Köppen**
Aloândia	17°43'	49° 28'	606	24.1°C	1337	Aw
Bom Jesus	18° 12'	49° 44'	598	23.9°C	1408	Aw
Caldas Novas	17° 43'	48° 36'	690	23.8°C	1347	Aw
Edeia	17° 20'	49° 55'	586	24.1°C	1423	Aw
Goiatuba	18° 00'	49° 21'	795	23.0°C	1369	Aw
Itumbiara	18° 23'	49° 13'	443	24.6°C	1119	Aw
Pontalina	17° 30'	49° 26'	635	23.9°C	1360	Aw

Foram amostrados entre dois e cinco indivíduos por população. Para fins de identificação, cada município foi considerado como uma população distinta de plantas e considerar-se-á como diferentes populações devido à localização e a distância geográfica existente entre as populações, sendo a distância mínima adotada como base entre uma população e outra foi de 20 km.

As características avaliadas para os frutos foram: comprimento (mm), largura (mm), espessura de polpa (mm) e peso médio estimado de 100 frutos (g). Para as sementes foram:



largura (mm) e o comprimento (mm) e peso médio estimado de 100 sementes (g). Em seguida os frutos foram fracionados ao meio para a determinação de espessura de polpa, onde foram amostrados dois pontos, sendo calculado o valor médio dos dois pontos, todas as mensurações foram feitas com auxílio de um paquímetro digital. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com cinco repetições totalizando trinta e cinco parcelas experimentais, com quinze frutos por repetição, exceto para a população de Bom Jesus na qual foram obtidos doze frutos por parcela, e totalizando 510 frutos.

As características de peso de 100 frutos (g), peso de 100 sementes (g), espessura de polpa (mm), comprimento longitudinal (mm) e transversal (mm) de sementes e comprimento longitudinal (mm) e transversal (mm) de frutos foram submetidos à análise de dissimilaridade genética e submetidas ao agrupamento hierárquico da ligação média ou Unweighted Pair-Group Average (UPGMA). Para validação dos grupos formados, bem como o teste quanto a eficiência de hierarquia do método de agrupamento, foi testado com base no coeficiente de correlação cofenética por meio do software PAST, versão 4.02 (HAMMER; HARPER; RYAN, 2001). Também foram realizadas análises de agrupamento pelo método k-means por meio do software R® (R Core Team, 2021).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelo agrupamento hierárquico da ligação média Unweighted Pair-Group Average (UPGMA) com base na distância euclidiana, foi possível agrupar as populações por meio das medidas de dissimilaridade (coeficiente de correlação cofenética 0,8895), portanto, os grupos são válidos (Figura 1).

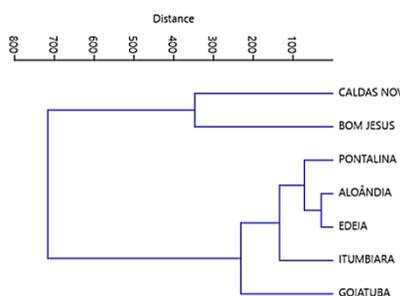


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética com base na distância euclidiana entre as populações de barueiro de diferentes municípios nas regiões sul e sudeste do estado de Goiás, obtido por meio de matriz de dissimilaridade. Goiátuba, GO, 2023.

Não foi transposta a linha de corte e assim os grupos não foram separados na figura. Contudo, considerando-se a otimização na qualidade do ajuste do agrupamento e tendo por base



a maior amplitude nas distâncias de junção dos grupos formados, pode-se notar a formação de dois grupos principais, onde um grupo foi formado pelas populações de Caldas Novas e Bom Jesus e o outro formado por Pontalina, Aloândia, Edéia, Itumbiara e Goiatuba. O agrupamento hierárquico da ligação média ou Unweighted Pair-Group Average (UPGMA). Em cultivares de marmeleiro, Coutinho *et al.* (2019), relataram que na análise de agrupamento UPGMA baseada na distância de Gower houve a formação de três grupos cujo coeficiente de correlação cofenética foi de 0,80. É importante ressaltar que por meio do dendograma é possível verificar a similaridade entre as populações de Caldas Novas e Bom Jesus.

Ao submetermos os resultados ao método de método k-means que consiste em um algoritmo de agrupamento de dados não-hierárquico que utiliza uma técnica interativa para particionar um conjunto de dados. Neste caso é necessário que seja definido num primeiro momento o número de clusters, sendo que neste caso foram considerados dois clusters, ou seja, $k = 2$ (Figura 2).

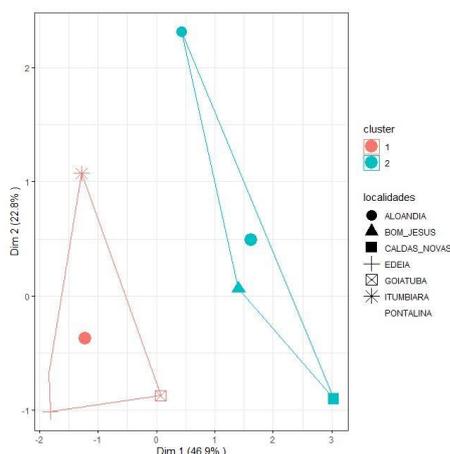


Figura 2. Aplicação do método k-means para determinação do número de clusters (grupos) formados a partir das populações estudadas. Goiatuba, GO, 2023.

Pelo método k-means é possível notar que os grupos foram divididos da seguinte forma, o primeiro grupo foi composto pelas populações de Goiatuba, Pontalina, Itumbiara e Edéia. O segundo grupo formado foi composto por Caldas Novas, Aloândia e Bom Jesus. Neste sentido fica claro e dissimilaridade apresentada em todas as análises pelas populações de Bom Jesus e Caldas Novas, nos quais estes genótipos apresentaram maior destaque quando comparados aos demais. Neste caso o seu estudo mais aprofundado poderia sugerir genótipos promissores para o melhoramento e obtenção de futuras novas cultivares de barueiro.



CONCLUSÕES

Com base no agrupamento por dissimilaridade genética UPGMA, os cruzamentos artificiais entre as populações de barueiros de Caldas Novas e Bom Jesus com as demais populações são promissores em programas de melhoramento genético.

No sistema de agrupamento pelo método k-means houve a formação de dois grupos distintos de populações.

REFERÊNCIAS

BORGES, K. C. F. *et al.* Rendimento de polpa e morfometria de frutos e sementes de pitangueira-do-cerrado. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 2, p. 471-478, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010005000042>

CARDOSO, M. R. D.; MARCUZZO, F. F. N.; BARROS, J. R. Classificação Climática de Köppen-Geiger para o estado de Goiás e Distrito Federal. **Acta Geográfica**, v. 8, n. 16, p. 40-55, 2014. <https://doi.org/10.5654/actageo2014.0004.0016>

COUTINHO, G. *et al.* Multivariate Analysis and Selection Indices to Identify Superior Quince Cultivars for Cultivation in the Tropics. **Hortscience**, v. 54, n. 8, p. 1324–1329. 2019. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI14004-19>

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica**, v. 4, n. 1, p. 1-9, 2001.

JUNQUEIRA, K. P. *et al.* **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 3, p. 819-824, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010005000104>

VIEIRA, R. F. *et al.* (Ed.). **Frutas nativas da região Centro-Oeste do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 322, 2010.

PEREIRA, L. D. *et al.* Genetic diversity of bushy cashew (*Anacardium humile* A. St.-Hil.) based on characteristics of fruits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 41, n. 5, e-065, 2019. <http://dx.doi.org/10.1590/0100-29452019065>

R Core Team (2021). **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.