

Divergência genética entre acessos de cajazinho (*Spondias mombin* L.) no norte do Espírito Santo

Clemilton Alves da Silva¹, Poliana Rangel Costa², Jamile Lenhaus Detoni², Rodrigo Sobreira Alexandre³, Cosme Damião Cruz⁴, Omar Schmildt⁵, Edilson Romais Schmildt⁶

RESUMO

O estudo da diversidade genética proporciona informações fundamentais, nos programas de melhoramento genético de plantas, em relação à caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos disponíveis. Objetivou-se, com este trabalho, avaliar a divergência genética entre 35 acessos de cajazinho (*Spondias mombin* L.), com base em características físicas e químicas dos frutos. Os acessos foram selecionados nos municípios de Linhares e Sooretama, Região norte do Espírito Santo. Os dados foram submetidos à análise de variação entre e dentro dos 35 acessos, dispostos em cinco repetições de um fruto, totalmente ao acaso, para investigar a variabilidade genética entre os acessos de *S. mombin*. Existe divergência genética entre os acessos de *S. mombin* L., sendo C.3 o mais divergente. Os métodos de otimização de Tocher e o hierárquico UPGMA foram parcialmente concordantes quanto à formação dos grupos heteróticos de progênies de *S. mombin* L. As características que mais contribuíram para a divergência genética foram acidez total titulável (33,33%), peso de fruto (28,68%) e o diâmetro polar (9,80%).

Palavras-chave: características físicas e químicas, análise multivariada, UPGMA, Tocher.

ABSTRACT

Genetic divergence among accesses of “cajazinho” (*Spondias mombin* L.) in the North of Espírito Santo State, Brazil

The study of genetic diversity is a fundamental tool in plant breeding programs, providing important information on characterization, conservation and utilization of the genetic resources available. The aim of this study was to assess the genetic diversity of 35 cajazinho genotypes (*Spondias mombin* L.), based on physical and chemical characteristics of fruits. The study evaluated 35 cajazinho genotypes (*S. mombin* L.) in the north of Espírito Santo. The experiment was arranged in a complete randomized design with 35 treatments and five repetitions to investigate genetic variability among the genotypes of *S. mombin*. Data were subjected to analysis of variance. Genetic diversity was found among the *S. mombin* L. progenies, being the most divergent the progenie C 3. Both the Tocher optimization and UPGMA were partially concordant with the formation of heterotic groups of *S. mombin* L. progenies; the characteristics that most contributed to the genetic divergence were total titrable acidity (33.33%), fruit weight (28.68%) and the polar diameter (9.80%).

Key words: physical and chemical characteristics, multivariate analysis, UPGMA, Tocher.

Recebido para publicação em 08/05/2012 e aprovado em 23/07/2013.

¹Engenheiro-Agrônomo. Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo, Rodovia BR 101 Norte, Km 60, Bairro Litorâneo, 29932-540, São Mateus, Espírito Santo, Brasil. clemiltonallves@hotmail.com

²Biólogas. Centro Universitário Norte do Espírito Santo, Universidade Federal do Espírito Santo, Rodovia BR 101 Norte, Km 60, Bairro Litorâneo, 29932-540, São Mateus, Espírito Santo, Brasil. poli.rangel@hotmail.com; jldetoni@ifes.edu.br

³Engenheiro-Agrônomo, Doutor. Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo, Rodovia BR 101 Norte, Km 60, Bairro Litorâneo, 29932-540, São Mateus, Espírito Santo, Brasil. rodrigossobreiraalexandre@gmail.com

⁴Engenheiro-Agrônomo, Doutor. Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa, Avenida Peter Henry Rolfs, s/n, 36570000, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. cdacruz@ufv.br

⁵Engenheiro-Agrônomo, Doutor. Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo, Rodovia BR 101 Norte, Km 60, Bairro Litorâneo, 29932-540, São Mateus, Espírito Santo, Brasil. omar-schmildt@ig.com.br (Bolsista PNP/CAPES).

⁶Engenheiro-Agrônomo, Doutor. Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo, Rodovia BR 101 Norte, Km 60, Bairro Litorâneo, 29932-540, São Mateus, Espírito Santo, Brasil. edilsonschmildt@ceunes.ufes.br (autor para correspondência).

INTRODUÇÃO

A fruticultura é um ramo econômico em expansão no território brasileiro, sendo seu produto destinado tanto à exportação quanto ao consumo interno. A cajazeira (*Spondias mombin* L.) é uma árvore frutífera pertencente à família Anacardiaceae, encontrada, principalmente, no bioma de Mata Atlântica, na região costeira do Brasil, conhecida popularmente como cajá, cajá-mirim ou cajazinho (Bosco *et al.*, 2000).

Na região norte do Espírito Santo o cajazinho apresenta dupla finalidade, sendo utilizado por cacauicultores para sombreamento, no sistema conhecido como cabruca, além do uso direto dos frutos que, por seu sabor exótico, são muito apreciados *in natura* ou comercializados como polpa processada para sucos, picolés e derivados. Considerando-se a presença de indústrias do ramo de sucos processados e derivados na região, este estudo de divergência genética pode auxiliar na seleção de plantas com características para atender ao mercado consumidor.

A estaquia é o método mais comum de propagação vegetativa, utilizado para a espécie, uma vez que a propagação seminífera ocasiona germinação muito desuniforme, em decorrência da manifestação da sua dormência. Além disso, a planta resultante de sementes demanda mais tempo para iniciar a frutificação.

De acordo com Lima *et al.* (2011), os conhecimentos sobre a variabilidade genética das espécies são um pré-requisito essencial para sua preservação e para o sucesso de programas de melhoramento. Considerando-se a espécie *Spondias mombin* L., a alta variabilidade genética entre os acessos tem sido confirmada por inúmeros estudos, envolvendo marcadores morfológicos (Soares, 2005; Mendonça *et al.*, 2008; Cassimiro *et al.*, 2009), isoenzimáticos (Gois *et al.*, 2009) e moleculares (Silva, 2009; Santos & Oliveira, 2008).

Segundo Borém (2006), os descritores morfológicos têm um papel fundamental na divulgação das características agronômicas de novos materiais genéticos e podem influenciar, decisivamente, na escolha pelos produtores.

No estudo da diversidade genética de uma população, os caracteres utilizados são submetidos às técnicas biométricas multivariadas, permitindo unificar múltiplas informações sobre um conjunto de caracteres e mais oportunidades na escolha de genitores divergentes para programas de melhoramento (Cruz *et al.*, 2004). Para esse tipo de análise, o procedimento estatístico mais utilizado para estimar a distância genética, com base em caracteres morfológicos, é a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) (Cruz *et al.*, 2004), o qual considera as correlações existentes entre os caracteres analisados, em repetições.

De posse das estimativas de distância, os dados são apresentados em uma matriz simétrica e a interpretação é

facilitada pela utilização de um método de agrupamento, que tem por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os subgrupos (Bertan *et al.*, 2006).

Dentre estes métodos de agrupamento, podem-se utilizar os hierárquicos e os de otimização. No primeiro caso, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Já nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos, aperfeiçoando-se determinado critério de agrupamento, sendo que os grupos formados são mutuamente exclusivos (Cruz *et al.*, 2004).

Portanto, o conhecimento da diversidade genética das populações de *S. mombin* L., no norte do Espírito Santo, poderá contribuir para a escolha de genótipos com padrões superiores para utilização em estudos de melhoria dessa fruteira, tornando-se uma alternativa econômica para os agricultores, além de permitir seu investimento nas indústrias de sucos instaladas no norte do Espírito Santo. Assim, objetivou-se avaliar a divergência genética entre 35 acessos de cajazinho (*S. mombin*), no norte do Espírito Santo, com base em características físicas e químicas dos frutos.

MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho foi conduzido no Laboratório de Melhoramento Genético do Programa de Pós-graduação em Agricultura Tropical, do Centro Universitário Norte do Espírito Santo (CEUNES), São Mateus. Foram utilizados 35 acessos de cajazinho, identificados em três áreas do norte do Espírito Santo (Tabela 1), sendo 12 acessos distribuídos na margem direita e 16 na margem esquerda do Rio Doce, no sentido descendente do rio, no município de Linhares, e 7 acessos identificados dentro da Fazenda Experimental da Empresa Caliman Agrícola S/A, no município de Sooretama.

De cada planta, foram coletados frutos, no período de fevereiro a março de 2011, dentre os quais foram utilizados cinco por acesso para as análises físicas e químicas, sendo a média utilizada no estudo de divergência genética.

As características físicas dos frutos foram avaliadas por: peso do fruto (PF) e peso de polpa (PP), analisados em balança digital, com precisão de 0,001g, considerando-se duas casas decimais; diâmetro polar (DP) e diâmetro equatorial (DE) do fruto, medidos com paquímetro digital e expresso em milímetros, considerando-se duas casas decimais; razão entre diâmetro polar e diâmetro equatorial (DP/DE), calculado pelo quociente entre o valor do DP e o valor do DE; rendimento de polpa (RP), calculado por meio do quociente entre o peso da polpa (PP) e o peso do fruto (PF) e multiplicado por 100, para a representação em percentagem.

A caracterização química foi avaliada pelo teor de sólidos solúveis totais (SST), determinado por meio de refratômetro de bancada e expresso em °Brix; acidez total titulável (ATT), determinada por titulação por volumetria com indicador, utilizando-se NaOH 0,1M, e expressa em percentagem de massa de ácido cítrico por volume de polpa (m/v) e a razão entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável (SST/ATT). Os resultados de SST e ATT foram obtidos conforme a metodologia descrita em Brasil (2005).

Inicialmente, os dados foram submetidos à análise de variância, para estudo da variação entre e dentro os acessos de *S. mombin* L. Em seguida, os valores médios foram ordenados, segundo o teste de agrupamento Scott-Knott (Scott & Knott, 1974), a 5% de probabilidade. As análises multivariadas foram efetuadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base no método UPGMA, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade (Cruz, 2008). O ponto de corte (P_c) do dendrograma formado pelo método de UPGMA foi definido conforme o proposto por Mojema (1977), seguindo-se a fórmula $P_c = m + kdp$, sendo m = a média dos valores de distância dos níveis de fusão correspondentes aos estádios; $k = 1,25$ (Milligan & Cooper, 1985); dp = desvio padrão. A otimização foi verificada por meio do método de Tocher (Cruz *et al.*, 2004; Cruz, 2008). Para testar a eficiência do método de agrupamento hierárquico, estimou-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC). Os dados foram analisados utilizando-se os recursos computacionais do programa GENES (Cruz, 2008).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variação entre e dentro de acessos e dos parâmetros genéticos para as variáveis estudadas podem ser observadas na Tabela 2. Mediante a análise dos quadrados médios para as fontes de variação dos acessos, é possível constatar diferenças significativas, a 1%, para todas as variáveis avaliadas. A significância do efeito de acessos é um indicativo de que as constituições genéticas são divergentes para os caracteres físicos e químicos avaliados, fatores essenciais para a realização de estudos de divergência genética. Os altos valores de coeficiente de variação genéticos, entre os 35 acessos, para PF, PP, SST e SST/ATT, sugerem um ganho genético expressivo no processo de seleção de genótipos de *Spondias mombin* L., relacionado com as características avaliadas. As estimativas de índice de variação e repetibilidade para as características acima citadas também refletem uma situação favorável à seleção.

O agrupamento dos 35 genótipos pelo método de Scott-Knott pode ser observado na Tabela 3. Ambas as avaliações, de DP e DE, constituíram a formação de cinco grupos de médias. A média geral apresentada pelo DP foi de 34,82 mm, variando de 25,73 a 50,85 mm, sendo os maiores resultados apresentados pelos genótipos C. 3 e C. 4. Esses valores situaram-se próximos dos observados por Cassimiro *et al.* (2009), em cujo trabalho a média geral para o comprimento dos frutos foi igual a 34,7 mm, com valores variando de 29,5 a 42,0 mm. No trabalho de Soares *et al.* (2006), foi observado, para o comprimento do fruto, obtido a partir do diâmetro polar, a média geral de 33,7 mm, com valores variando de 29,5 a 39,8 mm. Já o DE apresen-

Tabela 1. Relação dos 35 genótipos de *Spondias mombin* L., utilizados no estudo de divergência genética e seus respectivos locais de coleta

| Identificação | Genótipo (Local de Coleta) | Identificação | Genótipo (Local de Coleta) |
|---------------|-------------------------------|---------------|----------------------------------|
| C. 1 | Caliman 1 (Sooretama) | P. 13 | Povoação 13 (Margem esquerda) |
| C. 2 | Caliman 2 (Sooretama) | SA. 1 | Santa Angélica (Margem esquerda) |
| C. 3 | Caliman 3 (Sooretama) | SA. 2 | Santa Angélica (Margem esquerda) |
| C. 4 | Caliman 4 (Sooretama) | SA. 3 | Santa Angélica (Margem esquerda) |
| C.7 | Caliman 7 (Sooretama) | SA. 4 | Santa Angélica (Margem esquerda) |
| C.10 | Caliman 10 (Sooretama) | RD. 1 | Rio Doce 1 (Margem direita) |
| C. 11 | Caliman 11 (Sooretama) | RD. 2 | Rio Doce 2 (Margem direita) |
| P. 1 | Povoação 1 (Margem esquerda) | RD. 3 | Rio Doce 3 (Margem direita) |
| P. 2 | Povoação 2 (Margem esquerda) | RD. 4 | Rio Doce 4 (Margem direita) |
| P. 3 | Povoação 3 (Margem esquerda) | RD. 5 | Rio Doce 5 (Margem direita) |
| P. 5 | Povoação 5 (Margem esquerda) | RD. 6 | Rio Doce 6 (Margem direita) |
| P. 6 | Povoação 6 (Margem esquerda) | RD. 7 | Rio Doce 7 (Margem direita) |
| P. 7 | Povoação 7 (Margem esquerda) | RD. 8 | Rio Doce 8 (Margem direita) |
| P. 8 | Povoação 8 (Margem esquerda) | RD. 9 | Rio Doce 9 (Margem direita) |
| P. 9 | Povoação 9 (Margem esquerda) | RD. 10 | Rio Doce 10 (Margem direita) |
| P. 10 | Povoação 10 (Margem esquerda) | RD. 11 | Rio Doce 11 (Margem direita) |
| P. 11 | Povoação 11 (Margem esquerda) | RD. 12 | Rio Doce 12 (Margem direita) |
| P. 12 | Povoação 12 (Margem esquerda) | | |

tou média de 26,32 mm, sendo o melhor resultado também obtido com o genótipo C.3.

A razão DP/DE é indicativa do formato do fruto, sendo que este se apresenta mais arredondado quanto mais próximo de 1 for o valor do resultado. Neste trabalho, a média da razão DP/DE encontrada foi igual a 1,32, havendo uma variação de 1,05 a 1,60. Santos *et al.* (2010), em seus resultados, obtiveram valor médio da relação de 1,39, indicando formato periforme dos frutos, sendo este o encontrado na maior parte dos frutos analisados neste estudo, por causa da pequena diferença entre as médias obtidas.

Segundo Chitarra & Chitarra (2005), os frutos que apresentam valores da relação DP/DE superiores a 1 são os mais indicados para uso industrial, visto que há uma facilitação do processamento.

De acordo com os autores acima, outra característica relevante é o peso médio dos frutos, com maior importância para o mercado *in natura*, uma vez que os frutos mais pesados são também os de maior tamanho, tornando-se mais atrativos para os consumidores. Neste trabalho, a característica PF apresentou média de 14,39 g, com variação média de 7,25 g a 40,51 g, comparativamente próxima à média obtida, por Alves *et al.* (2000), de 15,91 g.

O REND apresentou média de 58,68%, com variação entre 35,43 e 69,42%. Resultados próximos a esses foram descritos por Cassimiro *et al.* (2009), em cujo trabalho a média foi 59,98%, com variação entre 43,42 e 69,63%, e por Costa *et al.* (2008), que obtiveram variações de rendimento entre 46,8 e 62,3%. Os frutos com rendimento de polpa superior a 50% são os mais indicados, pois apresentam grande potencial para a agroindústria. Entretanto, para essa finalidade, devem-se levar em consideração outras características, como parâmetros físico-químicos, dentre os quais se destacam os SST e ATT. Considerando-se essa informação sobre o rendimento de polpa, 85%

dos genótipos de *Spondia mombin* L. avaliados neste trabalho são indicados para agroindústria.

A média geral da ATT foi de 1,56%, resultado superior aos obtidos por Lins *et al.* (2008) (1,17%), Santos *et al.* (2010) (1,32%) e Cassimiro *et al.* (2009) (1,19%). Constatou-se que mais de 70% dos genótipos estudados apresentaram valores superiores a 0,90% de ATT, exigido pelo Padrão de Identidade e Qualidade (PIQ) para polpas de cajá, sendo, portanto, preferíveis, uma vez que se diminui o fator custo/benefício porque se evita a necessidade de adição de ácido cítrico e apresenta-se maior resistência à atividade microbiana (Brasil, 1999).

Com relação aos SST, todos os acessos estão dentro do padrão de identidade e qualidade de polpa de cajá, como definido pelo Ministério da Agricultura, pois apresentaram valores acima do estabelecido pela legislação (mínimo de 9,00 °Brix) (Brasil, 1999). Conforme a análise de agrupamento de médias de Scott-Knott, houve a formação de quatro grupos, com valor mínimo de 9,40 °Brix, máximo de 14,08 °Brix e média geral igual a 11,39 °Brix. Estes resultados foram superiores aos relatados por Pinto *et al.* (2005), com variações de 7,07 a 14,0 °Brix, e Santos *et al.* (2010), com valor médio de 10,0 °Brix.

A relação SST/ATT apresentou valor médio de 18,52, superior aos verificados por Cassimiro *et al.* (2009), que apresentaram valores que variaram de 8,06 a 15,49. Carvalho *et al.* (2008) encontraram valor médio de 6,1. Verificou-se que 28% dos genótipos avaliados apresentaram valores médios superiores ao mínimo exigido pelo Padrão de Identidade e Qualidade (PIQ), que, para cajá, é de 10,0. Portanto, os genótipos com altos teores de relação SST/ATT identificados são também indicados para agroindústria.

O método de Singh (1981) foi utilizado para demonstrar a contribuição relativa das nove variáveis avaliadas para os frutos de *Spondias mombin* L.. Esse método con-

Tabela 2. Resumo da análise de variância relacionadas com as características físicas e químicas, com as respectivas médias, coeficiente de variação (CV), estimativa do coeficiente de variação genético (CVg), índice de variação (Iv) e repetibilidade (r²) para os 35 acessos de *Spondias mombin* L.

| Caracteres | Var. Entre | Var. Dentro | Médias | CV (%) | CVg (%) | Iv | r ² (%) |
|------------|------------|-------------|--------|--------|----------|--------|--------------------|
| DP | 143,156** | 8,502 | 34,82 | 8,374 | 14,904 | 1,7797 | 76,00 |
| DE | 59,338** | 6,119 | 26,32 | 9,399 | 12,396 | 1,3189 | 63,49 |
| DP/DE | 0,080** | 0,011 | 1,32 | 7,930 | 8,566 | 1,0803 | 53,85 |
| PF | 206,533** | 8,161 | 14,39 | 19,848 | 43,760 | 2,2048 | 82,93 |
| PP | 50,085** | 4,297 | 8,35 | 24,820 | 36,2331 | 1,4598 | 68,06 |
| REND. | 325,990** | 42,138 | 58,68 | 11,062 | 12,84 | 1,1607 | 57,39 |
| ATT | 5,815** | 1,360 | 1,56 | 10,233 | 9,6505 | 0,9431 | 47,07 |
| SST | 7,410** | 0,058 | 11,39 | 15,314 | 68,4376 | 4,469 | 95,23 |
| SST/ATT | 2134,395** | 86,083 | 18,52 | 50,080 | 109,2484 | 2,1815 | 82,63 |

DP: diâmetro polar (mm), DE: diâmetro equatorial (mm), DP/DE: razão diâmetro polar diâmetro equatorial (mm), PF: peso de fruto (g), PP: peso de polpa (g), REND: rendimento de polpa (%), ATT: acidez total titulável (% de ácido cítrico por volume de polpa), SST: sólidos solúveis totais (°Brix), SST/ATT: Razão entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável.

**Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

sidera que as características de maior importância expressam maior variabilidade, verificando-se, portanto, que a ATT (33,33%), o PF (28,68%) e o DP (9,80%) foram as características de maior contribuição para a análise de divergência. Por outro lado, a característica com menor contribuição foi o REND (0,83%), conforme apresentado na Figura 1. De acordo com Alves *et al.* (2003), o interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de se descartarem características que pouco contribuem para a discriminação do material avaliado, reduzindo, dessa forma, mão de obra, tempo e custo despendidos na experimentação.

O método de agrupamento de Tocher reuniu os 35 genótipos em três grupos, conforme demonstrado na Tabela 4. Este método leva ao estabelecimento de grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Além disso, esta é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos, mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as distâncias intergrupos (Cruz *et al.*, 2004).

Verifica-se que o grupo I de Tocher reuniu o maior número de genótipos (P. 7, RD. 2, RD. 8, C. 1, RD. 10, RD. 7, RD. 4, RD. 1, RD. 6, RD. 3, RD. 12, RD. 9, P. 11, P. 12, C. 2, SA. 4, SA. 2, P. 13, P. 8, RD. 5, P. 1, P. 9, SA. 1, SA. 3, P. 3,

Tabela 3. Média das variáveis físicas e químicas para os 35 genótipos de *Spondias mombin* L., agrupadas pelo teste de Scott-Knott

| Ordem | Progênes | DP | DE | DP/DE | PF | PP | REND | ATT | SST | SST/ATT |
|-------|----------|--------|--------|-------|--------|--------|--------|-------|--------|---------|
| 1 | C. 1 | 32,52d | 24,78d | 1,31b | 11,96e | 6,76c | 56,73b | 1,60d | 10,98c | 6,95c |
| 2 | C. 2 | 30,99d | 22,95e | 1,37b | 10,53e | 6,30c | 59,13b | 1,91c | 9,80d | 5,28c |
| 3 | C. 3 | 50,85a | 37,00a | 1,37b | 40,51a | 17,43a | 42,99c | 2,99b | 11,48b | 3,82c |
| 4 | C. 4 | 48,70a | 30,32b | 1,60a | 31,10b | 17,26a | 55,45b | 3,12b | 11,74b | 3,81c |
| 5 | C.7 | 45,26b | 29,01c | 1,57a | 23,14c | 9,64b | 41,98c | 4,08a | 12,52b | 3,12c |
| 6 | C.10 | 29,81e | 27,36c | 1,09d | 14,15d | 6,37c | 45,02c | 4,38a | 13,80a | 3,16c |
| 7 | C. 11 | 26,32e | 25,00d | 1,05d | 9,12e | 3,22c | 35,43d | 3,18b | 11,42b | 3,61c |
| 8 | P. 1 | 36,50c | 31,33b | 1,17c | 15,67d | 9,24b | 59,01b | 0,30e | 11,08c | 38,10b |
| 9 | P. 2 | 32,16d | 25,58d | 1,26c | 9,20e | 5,89c | 63,52a | 0,25e | 14,08a | 59,82a |
| 10 | P. 3 | 32,68d | 29,94b | 1,10d | 13,85d | 8,45b | 60,28b | 0,33e | 13,44a | 49,68a |
| 11 | P. 5 | 34,84c | 25,28d | 1,37b | 11,11e | 5,60c | 49,19c | 0,34e | 13,64a | 54,06a |
| 12 | P. 6 | 36,24c | 26,95c | 1,34b | 11,09e | 6,81c | 60,53b | 0,22e | 12,00b | 58,14a |
| 13 | P. 7 | 36,61c | 26,11d | 1,40b | 13,44d | 8,48b | 63,32a | 1,82c | 11,60b | 6,53c |
| 14 | P. 8 | 25,73e | 19,42e | 1,32b | 9,30e | 6,35c | 68,47a | 2,19c | 12,18b | 5,72c |
| 15 | P. 9 | 32,28d | 27,80c | 1,16c | 13,23d | 8,98b | 67,97a | 0,30e | 11,32b | 40,95b |
| 16 | P. 10 | 36,91c | 27,21c | 1,36b | 13,10d | 7,94b | 60,83b | 0,24e | 11,80b | 49,88a |
| 17 | P. 11 | 35,24c | 25,41d | 1,39b | 17,23d | 10,80b | 62,51a | 1,51d | 11,66b | 7,83c |
| 18 | P. 12 | 33,78c | 25,83d | 1,30b | 15,10d | 8,18b | 53,87b | 2,12c | 10,78c | 5,11c |
| 19 | P. 13 | 32,68d | 20,68e | 1,58a | 12,78d | 8,95b | 69,42a | 1,73d | 11,70b | 6,78c |
| 20 | RD. 1 | 36,45c | 27,73c | 1,31b | 15,90d | 10,60b | 66,84a | 1,85c | 10,18d | 5,46c |
| 21 | RD. 2 | 35,86c | 25,83d | 1,39b | 13,23d | 7,72b | 58,63b | 1,89c | 11,88b | 6,27c |
| 22 | RD. 3 | 37,77c | 26,31d | 1,43b | 16,08d | 11,12b | 69,13a | 1,59d | 11,58b | 7,25c |
| 23 | RD. 4 | 30,35d | 23,91d | 1,26c | 10,86e | 6,70c | 62,02a | 1,62d | 11,14c | 6,89c |
| 24 | RD. 5 | 39,28c | 31,65b | 1,24c | 23,07c | 15,97a | 69,11a | 2,01c | 9,92d | 4,94c |
| 25 | RD. 6 | 29,35e | 22,84e | 1,28b | 9,76e | 5,73c | 57,44b | 1,48d | 10,26d | 6,98c |
| 26 | RD. 7 | 36,00c | 25,83d | 1,39b | 13,36d | 7,69b | 57,32b | 1,52d | 9,40d | 6,14c |
| 27 | RD. 8 | 34,62c | 25,95d | 1,33b | 12,85d | 6,88c | 53,26b | 1,70d | 11,04c | 6,59c |
| 28 | RD. 9 | 38,59c | 28,58c | 1,35b | 15,75d | 9,30b | 56,45b | 1,45d | 9,96d | 6,87c |
| 29 | RD. 10 | 32,30d | 24,66d | 1,31b | 10,80e | 6,73c | 61,48b | 1,64d | 11,32b | 6,91c |
| 30 | RD. 11 | 34,27c | 28,28c | 1,21c | 13,10d | 7,84b | 59,70b | 0,22e | 11,74b | 57,44a |
| 31 | RD. 12 | 34,05c | 25,58d | 1,33b | 13,55d | 8,98b | 66,46a | 1,43d | 13,00a | 9,09c |
| 32 | SA. 1 | 37,10c | 28,16c | 1,34b | 11,43e | 6,49c | 53,75b | 0,24e | 9,78d | 43,12b |
| 33 | SA. 2 | 28,88e | 20,20e | 1,42b | 7,25e | 4,41c | 60,15b | 1,67d | 10,20d | 6,20c |
| 34 | SA. 3 | 34,46c | 26,13d | 1,32b | 11,02e | 7,02c | 63,24a | 0,25e | 11,12c | 49,74a |
| 35 | SA. 4 | 29,08e | 21,43e | 1,36b | 10,06e | 6,36c | 63,07a | 1,56d | 9,40d | 6,04c |
| Média | | 34,82 | 26,32 | 1,32 | 14,39 | 8,35 | 58,68 | 1,56 | 11,39 | 18,52 |

DP: diâmetro polar (mm), DE: diâmetro equatorial (mm), DP/DE: razão entre diâmetro polar e diâmetro equatorial, PF: peso de fruto (g), PP: peso de polpa (g), REND: rendimento de polpa (%), ATT: acidez total titulável (% de ácido cítrico por volume de polpa), SST: sólidos solúveis totais (°Brix), SST/ATT: razão entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável. *Médias seguidas pela mesma letra nas colunas pertencem ao mesmo agrupamento, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

P. 10, RD. 11, P. 5, P. 6, P. 2). Caracteres físicos e químicos distintos deste primeiro grupo são esperados nos genótipos C. 10, C. 11, C. 7 e C. 4 (grupo II) e C. 3 (grupo III), pelo fato de terem constituído grupos distintos.

Esses resultados mostram a existência da variabilidade genética dos acessos estudados. Ainda com base nesses resultados, constata-se, entre acessos oriundos de um mesmo local de coleta, a existência considerável de diversidade que não deve ser apenas reflexo de efeito ambiental, mas de origem genética, provavelmente em virtude da ocorrência de reprodução sexuada (Carvalho, 2006; Souza, 2008), ou da manifestação de mutações naturais.

Para estudo da diversidade genética por meio do método UPGMA, considerou-se o corte próximo a 35% de distância, com base no método de Mojema (1977), obtendo-se a formação de 4 grupos heteróticos (Figura 2).

No grupo I, foram agrupados os seguintes genótipos P. 7, RD. 2, RD. 8, C. 1, RD. 10, RD. 4, RD. 6, RD. 7, RD. 9, RD. 1, RD. 3, P. 11, RD. 12, P. 12, C. 2, SA. 2, SA. 4, P. 8, P. 13, RD. 5, P. 1, P. 3, P. 9, P. 10, SA. 3, P. 6, RD. 11, P. 2, P. 5 e SA. 1, apresentando as seguintes médias para as características avaliadas: DP (34,08 mm), DE (25,88 mm), DP/DE (1,33), PF (12,97 g), PP (8,05 g), REND (61,32%), ATT (1,20%), SST (11,30 °Brix) e SST/ATT (22,09).

O grupo II foi constituído pelos genótipos C.10 e C.11 apresentando as seguintes médias para as características avaliadas: DP (28,07 mm), DE (26,18 mm), DP/DE (1,07), PF (11,64 g), PP (4,80 g), REND (40,23%), ATT (3,79%), SST (12,61 °Brix) e SST/ATT (3,39).

Os genótipos C.4 e C.7 constituíram o grupo III, apresentando as seguintes médias para as características avaliadas: DP (46,98 mm), DE (29,67 mm), DP/DE (1,59), PF (27,12 g), PP (13,46 g), REND (48,72%), ATT (3,60%), SST (12,13 °Brix) e SST/ATT (3,47). Já o grupo IV foi unitário, sendo constituído apenas pelo genótipo C.3. Esses resultados estão próximos dos encontrados por Lira Junior *et al.* (2008) e por Santana *et al.* (2011) que, avaliando a variabilidade genética por meio do método hierárquico UPGMA, verificaram a formação de grupo unitários de acesso de umbu-cajazeira (*Spondias* sp.).

O coeficiente de correlação cofenética (r) foi de 0,86**, o que, segundo Sokal & Rohlf (1962), revela um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original. Isso indica que a técnica de agrupamento UPGMA é a mais indicada, quanto à definição de cruzamentos, pois permite fácil observação da distância entre os pares de genótipo estudados. Esses resultados estão próximos dos encontrados por Santana *et al.* (2011), obti-

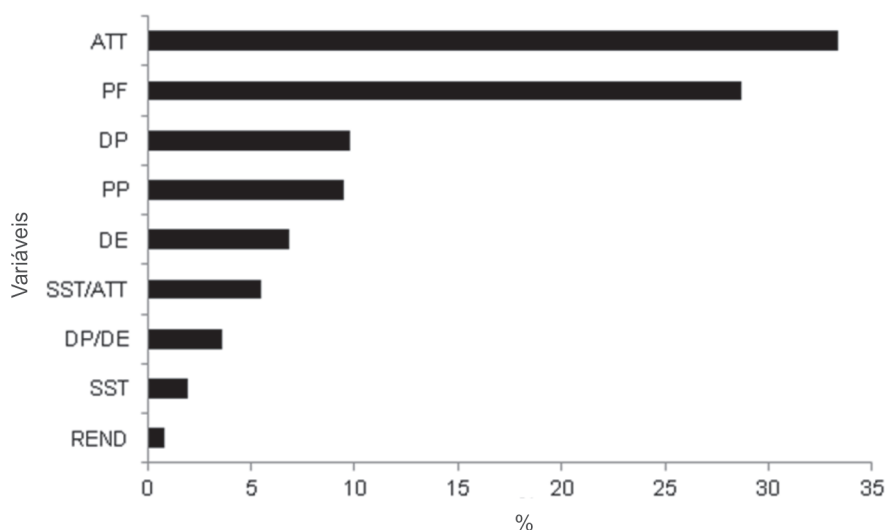


Figura 1. Contribuição relativa das variáveis para a diversidade, critério de Singh (1981) baseado em D² de Mahalanobis. DP: diâmetro polar (mm), DE: diâmetro equatorial (mm), DP/DE: razão entre diâmetro polar e diâmetro equatorial, PF: peso de fruto (g), PP: peso de polpa (g), REND: rendimento de polpa (%), ATT: acidez total titulável (% de ácido cítrico por volume de polpa), SST: sólidos solúveis totais (°Brix), SST/ATT: razão entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável.

Tabela 4. Agrupamento dos 35 genótipos de *Spondia mombin* L., pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética

| Grupos | Genótipos |
|--------|---|
| I | P. 7 RD. 2 RD. 8 C. 1 RD. 10 RD. 7 RD. 4 RD. 1 RD. 6 RD. 3 RD. 12 RD. 9 P. 11 P. 12 C. 2 SA. 4 SA. 2 P. 13 P. 8 RD. 5 P. 1 P. 9 SA. 1 SA. 3 P. 3 P. 10 RD. 11 P. 5 P. 6 P. 2 |
| II | C. 10 C. 11 C. 7 C. 4 |
| III | C. 3 |

dos no estudo de divergência genética de acessos de umbu-cajazeira (*Spondias* sp.).

Verifica-se que o agrupamento dos acessos pelo método UPGMA foi similar ao do método de Tocher, quando da formação de grupos heteróticos. A semelhança entre estas duas técnicas pode ser constatada pelo fato de os genótipos pertencentes aos grupos I, de Tocher, terem sido os mesmos dos agrupamentos pelo UPGMA, e o acesso C.3 ter formado também o grupo isolado no método hierárquico (Tabela 4 e Figura 2).

De acordo com Abreu *et al.* (2004), a concordância entre as técnicas multivariadas e as de agrupamento é importante no estudo de diversidade genética, pois possibilita a recomendação de cruzamento entre genitores mais divergentes possível, a fim de ampliar a base genética e, conseqüentemente, o aumento da variabilidade. Entretanto, essa recomendação deve levar também em

consideração o comportamento *per se* de cada genótipo, sendo de maior relevância aqueles que apresentem desempenho superior para as características agrônômicas de interesse.

Diante disso, espera-se que sejam promissoras as recomendações de cruzamento entre o genótipo C.3, presente nos grupos heteróticos III e IV pelo agrupamento de Tocher e UPGMA, respectivamente, com os genótipos C.1, RD.10, RD.3, RD.12, P.13, SA.2 e SA.4 do grupo I. Esses acessos apresentam elevadas médias para as principais características de interesse agroindustrial de cajazinho, além do que são distantes geneticamente do acesso C.3, possibilitando a obtenção de materiais segregantes, pelo efeito da heterose, e, por consequência, matrizes produtivas de cajazinho (*Spondias mombin* L.), a serem utilizadas na região norte do Espírito Santo.

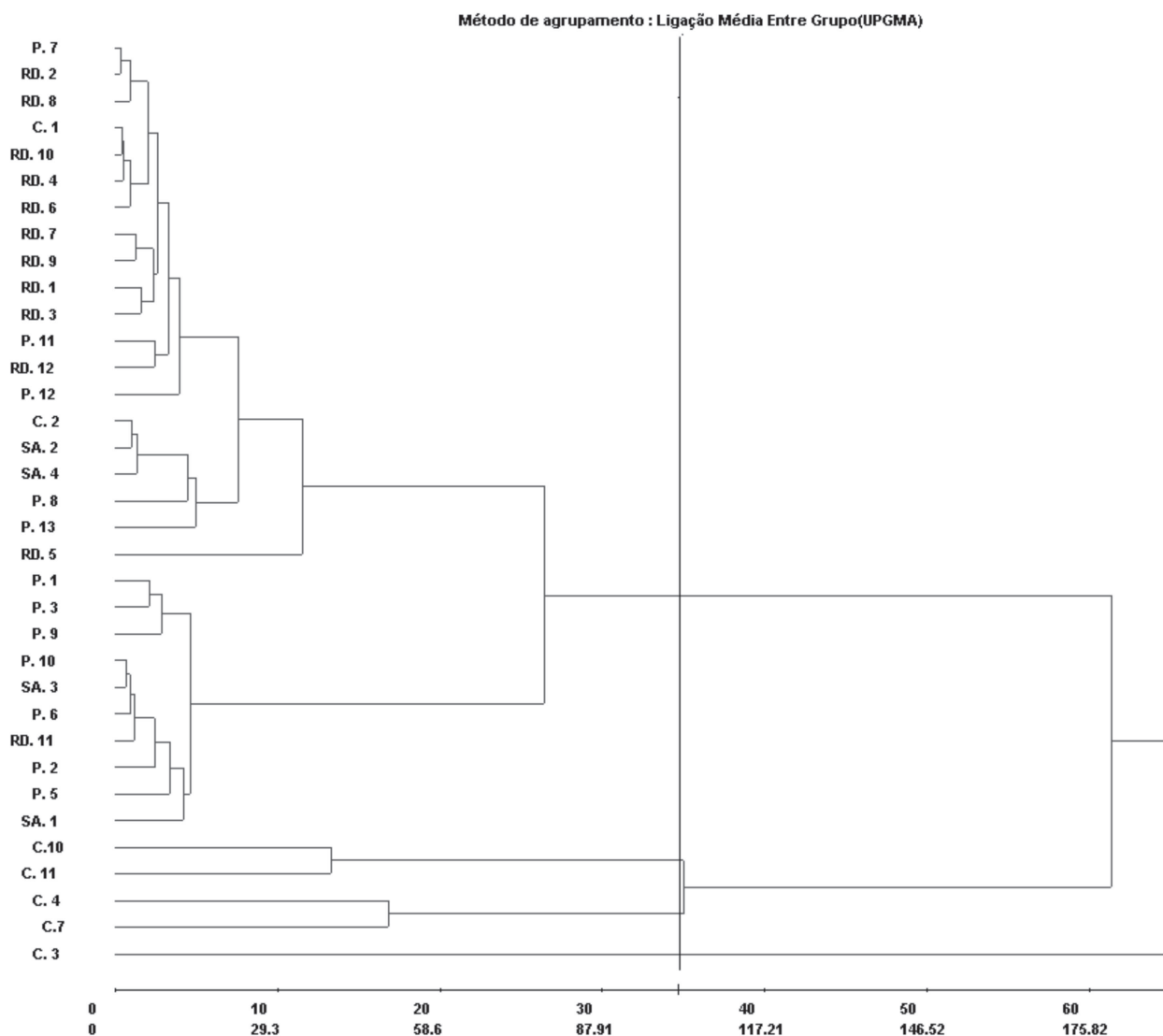


Figura 2. Dendrograma resultante da análise de 35 genótipos de *Spondia mombin* L., obtido pelo método de agrupamento UPGMA e utilizando a distância de Mahalanobis como medida de distância genética. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,86**.

CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os acessos *Spondias mombin* L. para todos os caracteres mensurados.

Existe divergência genética entre os acessos de *Spondias mombin* L. sendo o genótipo C.3 o mais divergente.

Os métodos de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA foram parcialmente concordantes quanto à formação dos grupos heteróticos de progênies de *Spondias mombin* L. no norte do Espírito Santo.

As características que mais contribuíram para a divergência genética foram acidez total titulável (33,33%), peso de polpa (28,68%) e o diâmetro polar (9,80%).

REFERÊNCIAS

- Abreu FB, Leal NR, Rodrigues R, Amaral JRAT & Silva DJH (2004) Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*, 22:547-552.
- Alves RE, Filgueiras HAC & Moura CFH (2000) Caracterização de frutas nativas da América Latina. Jaboticabal, Funep. 66p.
- Alves RM, Garcia AAF, Cruz AD & Figueira A (2003) Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38:807-818.
- Bertan I, Carvalho FIF, Oliveira AC, Vieira EA, Hartwig I, Silva JAG, Shimidt DAM, Valério IP, Busato CC & Ribeiro G (2006) Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência*, 12:279-286.
- Borém A (2006) Aplicação dos marcadores moleculares no melhoramento de plantas. In: Borém A & Caixeta ET (Eds.) *Marcadores Moleculares*. Viçosa, UFV. p.79-84.
- Bosco J, Soares KT, Aguiar Filho SP & Barros RV (2000) *A Cultura da Cajazeira*. João Pessoa, Emepa. 229p. (Documentos, 28).
- Brasil (1999) Instrução Normativa nº 122, de 10 de setembro de 1999. Diário Oficial da República Federativa do Brasil. Brasília, Ministério da Agricultura e do Abastecimento. p.72-76.
- Brasil (2005) Ministério da Saúde. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Instituto Adolfo Lutz. *Métodos Físico-Químicos para Análise de Alimentos*. 4ª ed. Brasília, Editora MS. 1018p.
- Cassimiro CM, Macêdo LS & Menino IB (2009) Avaliação de acessos de cajazeira (*Spondias mombin*) do Banco Ativo de Germoplasma da Emepa, PB. *Tecnologia e Ciência Agropecuária*, 3:01-06.
- Carvalho PCL (2006) Variabilidade morfológica, avaliação agrônômica, filogenia e citogenética em *Spondias* (Anacardiaceae) no Nordeste do Brasil. Tese de Doutorado. Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana. 155p.
- Carvalho PCL, Ritzinger R, Soares Filho WS & Ledo CAS (2008) Características morfológicas, físicas e químicas de frutos de populações de umbu-cajazeira no Estado da Bahia. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:140-147.
- Chitarra MIF & Chitarra AB (2005) Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e manuseio. Lavras, ESAL/FAEPE. 785p.
- Costa AMC, Lima EM, Cavalcante LF, Pereira WE & Cavalcante IHL (2008) Atributos externos e internos dos frutos de cajazeira no brejo paraibano. In: Simpósio Brasileiro sobre umbu, cajá e espécies afins, Recife. Anais, IPA. CD-ROM.
- Cruz CD, Regazzi AJ & Carneiro PCS (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed. Viçosa, UFV. 480p.
- Cruz CD (2008) Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, UFV. 648p.
- Gois IB, Silva MANNR & Ferreira RA (2009) Diversidade genética de *Spondias lutea* L. em uma população do baixo São Francisco sergipano, por meio de isoenzimas. *Scientia Forestal*, 37:55-60.
- Lira Junior JS, Musser RS, Liderman IE & Martins LSS (2008) Variabilidade entre genótipos de um banco de germoplasma de cajámbuzeiro (*Spondias* spp.) na Zona da Mata de Pernambuco. *Revista Ciência Agrária*, 3:116-120.
- Lima ATB, Souza VAB, Gomes RLF & Lima PSC (2011) Molecular characterization of cajá, *Spondias mombin* (Anacardiaceae), by RAPD markers. *Genetics and Molecular Research*, 10:2893-2904.
- Lins ACA, Maranhão CMC, Sátiro PV, Melo EA, Galvão VL & Maciel MIS (2008) Caracterização físico-química de polpas de cajá com e sem casca. In: Simpósio Brasileiro sobre umbu, cajá e espécies afins, Recife. Anais, IPA. CD-ROM.
- Mendonça RU, Moura CFH, Alves RE & Figueredo RW (2008) Caracterização Física de Frutos da Cajazeira (*Spondias mombin* L.) Oriundos da Região Meio-Norte do Brasil. In: XX Congresso Brasileiro de Fruticultura and LIV Annual Meeting of the Interamerican Society for Tropical Horticulture, Vitória. Anais, SBF. CD-ROM.
- Milligan GW & Cooper MC (1985) An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. *Psychometrika*, 50:159-179.
- Mojema R (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, 20:359-363.
- Pinto WS, Dantas ACVL, Fonseca AAO, Ledo CAS, Jesus SC, Calafange PLP & Andrade EM (2005) Caracterização física, físico-química e química de frutos de genótipos de cajazeiras. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38:1059-1066.
- Santana IBB, Oliveira EJ, Soares Filho WS, Ritzinger R, Amorim EP, Costa MAPC & Moreira RFC (2011) Variabilidade genética entre acessos de umbu-cajazeira mediante análise de marcadores ISSR. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33:868-876.
- Santos CAF & Oliveira VR (2008) Inter-relações genéticas entre espécies do gênero *Spondias* com base em marcadores AFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:731-735.
- Santos MB, Cardoso RL, Fonseca AAO & Conceição MN (2010) Caracterização e qualidade de frutos de umbu-cajá (*Spondias tuberosa* x *S. mombin*) provenientes do recôncavo sul da Bahia. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32:1089-1097.
- Souza FX de (2008) Propagação das *Spondias* e alternativas para clonagem da cajazeira. In: Lederman IE, Lira Júnior JS & Silva Junior JF de (Eds.) *Spondias no Brasil: umbu, cajá e espécies afins*. Recife, IPA/UFPE. p.97-107.
- Scott AJ & Knott MA (1974) Clusters analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512.
- Silva CJD (2009) Caracterização Genética de Cajazeiras (*Spondias mombin* L.) (Anacardiaceae) por Meio de Marcadores Moleculares. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife. 55p.
- Singh D (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41:237-245.
- Soares EB (2005) Avaliação de genótipos de cajazeira (*Spondias mombin* L.): caracterização físico-química dos frutos e repetibilidade de caracteres morfoagronômicos. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Piauí, Teresina. 50p.
- Soares EB, Gomes RLF, Carneiro JGM & Nascimento FN (2006) Característica física e química de frutos de cajazeira. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 28:518-519.
- Sokal RR & Rohlf FJ (1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxonomy*, 11:33-40.