

Divergência genética por análise multivariada de caracteres fenotípicos de *Anacardium humile* (St. Hilaire)¹

Rosinalva da Cunha dos Santos^{2*}, José Eustáquio dos Santos Júnior³

<http://dx.doi.org/10.1590/0034-737X201562060007>

RESUMO

A espécie *Anacardium humile* (St. Hilaire) é uma fruteira nativa do Cerrado, utilizada tradicionalmente, tanto no consumo *in natura* como na forma de sucos, doces e geleias, mas ainda pouco explorada economicamente. Em uma área de cerrado campo sujo, com transição para cerrado campo rupestre, localizada no município de Patrocínio, Minas Gerais, Brasil, 38 genótipos de uma população dessa espécie foram estudados; com o objetivo de avaliar a diversidade fenotípica, estimada por análise multivariada, bem como características morfológicas promissoras para programas de melhoramento e conservação. Assim, o estudo mostrou variabilidade genética satisfatória dentro da população estudada, destacando-se os genótipos 6, 10, 24, 36 e 38 por elevada produção de frutos e maiores pedúnculos e por se apresentarem distantes geneticamente, sendo indicados para futuros trabalhos de melhoramento genético, para serem multiplicados e utilizados em plantios comerciais e de conservação da espécie.

Palavras-chave: Anacardiaceae, caracterização morfológica, variabilidade fenotípica e conservação.

ABSTRACT

Genetic divergence by multivariate analysis of phenotypic characters of *Anacardium humile* (St. Hilaire)

Anacardium humile (St. Hilaire) is a fruit native of the Cerrado, traditionally used for both fresh consumption and the preparation of juices, sweets and jellies, but it is insufficiently explored commercially. Thirty eight genotypes of a population of this species were studied in an area of *cerrado campo sujo* with transition to *cerrado campo rupestre* in the municipality of Patrocínio, State of Minas Gerais-Brazil. The objective of this study was to evaluate the phenotypic diversity estimated by multivariate analysis and the morphological characteristics that are promising for programs of improvement and conservation. This study showed satisfactory genetic variability within the population studied: the genotypes 6, 10, 24, 36 and 38 showed high production of fruits, weighed cashews apples and genetically distant. These genotypes can be indicated in future breeding programs to be multiplied and used in commercial plantations and conservation of the specie.

Key words: Anacardiaceae, morphological characterization, phenotypic variability e conservation.

Submetido em 01/02/2014 e aprovado em 13/08/2015.

¹ Este trabalho é parte da monografia de graduação da primeira autora.

² Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Biologia Geral, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil. rosicunhacbio@gmail.com

³ Universidade Federal de Minas Gerais, Departamento de Biologia Geral, Laboratório de Biodiversidade e Evolução Molecular, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil. Jrsantos140782@yahoo.com.br

*Autora para correspondência: rosicunhacbio@gmail.com

INTRODUÇÃO

O Cerrado é o segundo maior bioma da América do Sul, ocupa cerca de 22% do território brasileiro e é conhecido pela enorme diversidade genética de espécies de plantas e animais. A crescente pressão antrópica, como os desmatamentos e queimadas relacionados com o rápido estabelecimento de atividades agrícolas e agropastoris, vem causando um esgotamento progressivo da biodiversidade deste bioma (MMA, 2015), o que torna imprescindível a realização de estudos da riqueza natural, de forma a pactuar utilização, manejo e conservação desta biodiversidade (Klink & Machado, 2005).

A flora do Cerrado destaca-se por ser constituída por espécies de grande importância para o uso medicinal, que podem ser usadas na recuperação de solos degradados, e pela presença de fruteiras nativas comestíveis que são regularmente consumidas pela população local e vendidas nos centros urbanos, como a espécie *Anacardium humile* (St. Hilaire) (MMA, 2015). Essa fruteira ocupa lugar de destaque no ecossistema do Cerrado e pertence à família Anacardiaceae, e seu fruto é conhecido popularmente como cajuzinho-do-campo, cajuzinho-do-cerrado ou cajuí. Apresenta ocorrência natural em campo sujo e cerrado *stricto sensu*, e encontra-se distribuída nos Estados de Rondônia, Bahia, Distrito Federal, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, São Paulo e Minas Gerais (López-Naranjo & Pernía, 1990; Almeida *et al.*, 1998; Lorenzi, 2006).

O cajuzinho-do-cerrado se caracteriza por ser um subarbusto hermafrodita, cuja época de floração varia entre os meses de junho e novembro e a frutificação ocorre de outubro a novembro (Almeida *et al.*, 1998). O pedúnculo é muito apreciado na região do Cerrado pelo valor nutritivo e sabor especial, sendo consumido *in natura* ou como sucos, doces, sorvetes e geleias (Almeida *et al.*, 1998; Silva *et al.*, 2001), e a castanha é consumida torrada (Silva *et al.*, 2001).

Por ser referência nutricional de grande importância para a população local, esta espécie tornou-se uma das fruteiras de elevado potencial para a exploração sustentada do Bioma Cerrado, o que torna importante a sua inclusão em cultivos para produção em larga escala, para que não ocorra o uso predatório ou até mesmo a extinção da espécie (Londe, 2010). No entanto, diante da carência de informações genéticas sobre esta espécie, alguns estudos vêm sendo desenvolvidos, como os de Pinto *et al.* (2011), que estudaram polimorfismo genético entre populações naturais de *A. humile*; de Carvalho *et al.* (2012), que analisaram a variabilidade genética da espécie com técnica molecular de marcadores RAPD, indicando grande variabilidade genética entre acessos e os

estudos de Cota *et al.* (2012) e Soares *et al.* (2013), em que marcadores microssatélites foram transferidos da espécie *Anacardium occidentale* para o *A. humile*, obtendo loci altamente polimórficos que servirão como ferramentas robustas nas análises genéticas de populações desta espécie.

Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar e avaliar a dissimilaridade genética existente dentro de uma população de *A. humile*, por meio de análise multivariada de caracteres fenotípicos quantitativos (morfométricos) e qualitativos (multicategóricos), apontando genótipos mais produtivos para serem multiplicados e utilizados em plantios comerciais, e identificar e sugerir genótipos mais dissimilares e promissores para programas de melhoramento genético e de preservação da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi desenvolvido em área caracterizada como cerrado campo sujo, com transição para cerrado campo rupestre, localizada no município de Patrocínio, Minas Gerais, Brasil, entre as coordenadas geográficas de 18° 53' 31.06 S" e 46° 59' 54.92" W. A área foi escolhida pela grande ocorrência da espécie *A. humile*, pouca ação antrópica e fácil acesso. Para a obtenção dos dados, as plantas foram marcadas aleatoriamente, com GPS (Sistema de Posicionamento global) e identificadas por placas numeradas, sendo que cada planta foi considerada como um genótipo. Foram marcados 132 genótipos da espécie, dos quais 38 compuseram a amostra final para as análises biométricas. Atingiu-se esse número porque, do total de genótipos marcados, alguns foram perdidos por queima acidental, outros não floresceram, 47 floresceram e destes 38 produziram frutos.

A floração dos genótipos marcados iniciou-se em junho de 2008 e se estendeu até agosto. O aparecimento do fruto e a maturação deu-se entre setembro e final de outubro. Os caracteres botânico-agronômicos foram avaliados mensalmente, na fase vegetativa, e semanalmente, na fase reprodutiva, durante o período de janeiro a outubro de 2008, com visitas diárias durante os picos de floração e de frutificação.

Observou-se, por avaliação das plantas e de suas estruturas reprodutivas, um total de 33 características, relacionadas na lista de descritores do cajueiro, estabelecida pelo *International Board for Plant Genetic Resources*, (IBPGR, 1986). Para as análises estatísticas, foram utilizadas 13 características como variáveis morfométricas, referentes à inflorescência, pedúnculo, castanha e porte da planta, e 20 características como variáveis multicategóricas, referentes a folha, inflorescência, pedúnculo, castanha e hábito de crescimento (Tabela 1). Foram realizadas dez medições por indivíduo

para cada uma das características, sendo que para aqueles genótipos cujas características não atingiram esse total, foram realizadas medidas até o número máximo de inflorescência, fruto e pedúnculo presentes. Também contou-se com desenhos esquemáticos da lista de descritores do cajueiro IBPGR (1986), para a determinação das categorias de cada uma das variáveis multicategóricas.

Para os dados morfométricos, as medidas de dissimilaridade foram calculadas de acordo com o Quadrado da Distância Euclidiana Média (Dias, 1998). Também foi utilizada a técnica de componentes principais, para identificação da variável que mais contribuiu e a que menos contribuiu para a diferenciação dos genótipos. Assim, foram consideradas de menor importância, as variáveis com maiores pesos, desde o último autovetor até aquele associado a um autovalor igual ou inferior a 0,70 (Cruz & Carneiro, 2003). Os dados multicategóricos foram analisados por meio do índice de dissimilaridade considerado: $d_{ij} = \frac{D}{C + D}$, em que C é a concordância de categoria e D é discordância de categoria (Cruz, 2006). Os dados morfométricos e multicategóricos foram agrupados pelos métodos de Agrupamento de Otimização de

Tocher e Método Hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*). Todas as análises foram realizadas com o programa GENES (Cruz, 2008).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A espécie estudada se caracterizou por apresentar baixa taxa de floração e de produção de frutos. De acordo com Coutinho (1998), esta espécie depende quantitativa e qualitativamente da queimada para florescer, sendo conhecida por responder rapidamente a perturbações causadas pelo fogo, por meio de elevadas taxas de crescimento (Fernandes, 2012). Segundo observações do proprietário da área de estudo, nos três últimos anos não ocorreram queimadas na área, que antes eram frequentes e era observada maior produção de frutos pela espécie.

Outro fator que interfere na produção de frutos é a quantidade de flores hermafroditas presentes na inflorescência. Assim, verificou-se que a percentagem de flores hermafroditas para o total de flores, nos 47 genótipos que floresceram, foi baixa para 23 genótipos, intermediária para 16 deles e alta para oito genótipos. De acordo

Tabela 1: Lista das 13 variáveis morfométricas e 20 variáveis multicategóricas utilizadas. As medidas referentes à altura, comprimento, diâmetro, espessura e largura estão em centímetros e, as referentes ao peso, em gramas; para o diâmetro médio da copa consideraram-se os eixos N-S e W-E, em metros

Variáveis Morfométricas		Variáveis Multicategóricas	
1	Comprimento da inflorescência		Folha
2	Largura máxima da inflorescência	14	Formato do limbo
3	Número de ramificações da inflorescência	15	Formato do ápice do limbo
4	Comprimento do pedúnculo	16	Ângulo de inserção no caule
5	Diâmetro da base do pedúnculo	17	Plano de secção do limbo
6	Diâmetro do ápice do pedúnculo		Pedúnculo
7	Peso do pedúnculo	18	Formato geral
8	Comprimento da castanha	19	Formato da base
9	Largura da castanha	20	Formato do ápice
10	Espessura da castanha	21	Tipo da cavidade do ápice
11	Peso da castanha	22	Cor do pedúnculo maduro
12	Altura máxima da planta		Castanha
13	Diâmetro médio da copa	23	Formato da base
		24	Sutura da castanha
		25	Posição relativa sutura x ápice
		26	Tipo de Flancos da castanha
		27	Formato do ápice
			Inflorescência
		28	Formato geral
		29	Grau de compactação
		30	Tipo de ramificação
		31	Cor da flor
		32	Proporção de flores hermafroditas para total de flores
			Hábito de crescimento
		33	Formato da copa

do com o estudo de Castro *et al.* (2011) sobre a variabilidade morfológica de *A. occidentale*, *A. othonianum* e *A. humile*, a proporção de flores hermafroditas para flores masculinas foi consideravelmente menor em *A. humile* do que nas outras espécies. A espécie apresenta acima de 80 flores por inflorescência e uma relação aproximada de 4:1 entre flores masculinas e hermafroditas, sendo este um caráter importante a ser considerado em melhoramento genético (Almeida *et al.*, 1998). Também foi observada, durante a época de frutificação, a presença de pedúnculos intactos nas plantas ou caídos no solo, com o fruto perfurado e sem a semente, indicando que esta foi predada por algum animal silvestre. Esse fato é considerado importante, porque há uma diminuição dos frutos, prejudicando a dispersão da espécie.

A matriz de distâncias genéticas, expressa como o Quadrado da Distância Euclidiana Média Padronizada, gerada para os 38 genótipos, a partir das 13 características morfométricas, apresentou como menos divergentes os genótipos 5 e 9, com distância genética de 2,49 e como mais divergentes os genótipos 10 e 36, com distância de 123,36. A importância relativa dos caracteres empregados na discriminação dos grupos, avaliada pelo critério de peso das variáveis nos autovalores, considerou de menor importância as variáveis de maior peso nos menores autovalores. Assim, a variável de menor importância foi o peso do pedúnculo (PPE) e a que mais contribuiu para a divergência da espécie (maior valor no 1º autovetor) foi o comprimento do pedúnculo (CPE). As variáveis de maiores pesos nos primeiros autovetores devem limitar-se ao valor mínimo de 80% (Cruz & Carneiro, 2003); assim, na Tabela 2 é possível observar que a soma dos dois primeiros componentes principais (Y1 e Y2) acumularam somente 52,60% da variância total e, para acumular um limite de 80%, sugerido pelos autores, é preciso a soma de quatro autovetores para representar a diversidade total. Isto mostra a importância de todas as características para o estudo da variabilidade, sendo possível o descarte somente da variável peso do pedúnculo, que apresenta alta correlação com a variável diâmetro do ápice do pedúnculo (DAPE).

No estudo de Alves *et al.* (2011) sobre variabilidade morfológica de frutos e pseudofrutos de *A. Humile*, utilizaram-se apenas 08 descritores morfológicos, que foram suficientes para agrupar os acessos de forma consistente, mostrando eficácia para a caracterização dos frutos e pseudofrutos e que existe variabilidade morfológica entre os acessos estudados. O descritor que mais contribuiu para a divergência genética foi o comprimento do pedúnculo; os descritores que menos contribuíram para o aumento da variabilidade foram massa do fruto e largura do fruto.

Tabela 2: Estimativas de autovalores e autovetores associados aos componentes principais, obtidos da matriz de correlação entre 13 variáveis morfométricas de 38 genótipos de *A. humile*

CP	V	V (%)	% A	CIN	LIN	NRIN	CPE	DBPE	DAPE	PPE	CCA	LCA	ECA	PCA	AMP	DMC
Y ₁	3.89	29.94	29.94	0.2745	0.3139	0.2421	0.3814	-0.1087	-0.021	0.2085	0.3524	0.372	-0.0863	0.2903	0.3324	0.3187
Y ₂	2.94	22.66	52.61	-0.2759	-0.1953	-0.2793	0.2814	0.3781	0.435	0.4382	0.1715	0.1444	0.2281	0.1993	-0.2453	-0.0457
Y ₃	2.41	18.56	71.18	0.255	0.2717	0.276	-0.025	0.4309	0.3746	0.2611	-0.3707	-0.3241	-0.0382	-0.2829	0.2041	0.1564
Y ₄	1.16	8.92	80.1	0.0804	0.2592	0.2818	-0.145	0.0701	0.0492	-0.1975	-0.0006	0.0463	0.7347	0.2809	0.0699	-0.3923
Y ₅	0.69	5.34	85.44	-0.2582	-0.0072	-0.3061	-0.2162	0.0754	-0.0474	-0.1435	-0.0144	-0.3188	0.2358	0.3444	0.3625	0.5974
Y ₆	0.48	3.71	89.16	0.0598	0.3127	-0.1168	-0.3674	0.2386	0.0729	0.0023	0.1804	-0.1465	-0.5179	0.5141	-0.0701	-0.3104
Y ₇	0.4	3.13	92.3	0.7882	-0.2206	-0.5247	-0.0494	0.1291	-0.0762	-0.018	-0.0184	0.0722	0.1481	0.0066	0.0384	-0.0228
Y ₈	0.36	2.83	95.13	0.0017	-0.6074	0.2089	0.0071	-0.0322	0.3023	-0.101	0.1328	-0.0803	-0.1455	0.087	0.5923	-0.2849
Y ₉	0.24	1.87	97.01	0.2445	-0.4145	0.5138	-0.1567	0.0676	-0.0633	0.0381	0.1115	-0.1779	0.0281	0.2793	-0.4857	0.3332
Y ₁₀	0.18	1.39	98.4	0.0356	-0.0371	-0.0287	0.5822	-0.1398	-0.1875	0.0326	-0.5198	-0.3288	-0.0649	0.4344	-0.0319	-0.172
Y ₁₁	0.1	0.77	99.18	0.0996	0.0895	-0.0769	0.0089	-0.363	0.7003	-0.4218	-0.2144	0.1785	-0.078	0.1238	-0.2075	0.1834
Y ₁₂	0.06	0.52	99.7	-0.1205	-0.1455	0.1029	-0.086	0.4624	-0.1807	-0.2087	-0.4626	0.6239	-0.1345	0.1457	0.0749	0.0903
Y ₁₃	0.03	0.29	100	-0.0054	-0.0666	-0.0096	-0.4455	-0.4524	0.0222	0.6342	-0.34	0.1951	0.0571	0.1522	0.0931	-0.0289

CP - Componentes Principais; V - Variância; V (%) - Variância; % A - % Acumulada; CIN - comprimento da inflorescência; LIN - largura da inflorescência; NRIN - número de ramificações da inflorescência; CPE - comprimento do pedúnculo; DBPE - diâmetro da base do pedúnculo; DAPE - diâmetro do ápice do pedúnculo; PPE - peso do pedúnculo; CCA - comprimento da castanha; LCA - largura da castanha; ECA - espessura da castanha; PCA - Altura média da planta; DMC - Diâmetro médio da copa.

Ávila *et al.* (2009) analisaram a biometria do fruto (castanha) de *A. humile*, somente com as variáveis comprimento, largura, espessura e peso do fruto, constatando que a variável peso do fruto foi determinante nas relações biométricas, principalmente com relação ao comprimento, em que frutos maiores foram os mais pesados. Foi observada também grande amplitude de variação entre os valores mínimos e máximos de todos os caracteres avaliados, indicando possivelmente um alto potencial genético da espécie.

O agrupamento de Tocher com base na matriz de dissimilaridade e o dendrograma obtido pelo método UPGMA (Figura 1), em torno de 50% de dissimilaridade, revelaram a formação de dois grupos (A e B), sendo o grupo B formado pelo genótipo 10 e o grupo A formado pelos demais genótipos. Quando se observa a linha de corte traçada em torno de 33% da variação total no dendrograma, é possível visualizar quatro grupos: grupo A com 30 genótipos, grupo B com seis genótipos (3, 31, 32, 33, 35, 37), grupo C com o genótipo 4 e o grupo D com o genótipo 10. O fato de o genótipo 4 encontrar-se isolado no grupo C pode ser justificado pelo maior tamanho e espessura da castanha e pelo caráter peso da castanha, que foi o mais alto entre os de todos os genótipos, com uma média de 2,6 g. Para os caracteres relacionados com o comprimento e com o peso do pedúnculo, as medidas estavam dentro da média. Quanto ao grupo B, nota-se a reunião dos genótipos que apresentaram menor comprimento do pedúnculo e alta produção de frutos por planta, em média de 59 frutos. Os resultados da caracterização física dos pedúnculos e castanhas, quanto ao comprimento e ao peso, dos quais se estimaram as médias, os desvios padrão, os coeficien-

tes de variação e os valores máximos e mínimos, encontram-se na Tabela 3.

O Genótipo 10 está em um grupo à parte, tanto no agrupamento de Tocher como por UPGMA, em função da presença de características exclusivas; sendo o genótipo que apresentou a maior altura média, com 102 cm, e maior diâmetro médio da copa, de 254 x 252 cm. As inflorescências também apresentaram grande comprimento, com uma média de 23,7 cm, e maior porcentagem de flores hermafroditas por inflorescência, o que resultou na produção de mais de 120 frutos, sobressaindo-se como o genótipo que mais frutificou. O comprimento médio dos pedúnculos foi de 2,94 cm e, o peso médio, de 7,19 g, sendo também o genótipo que produziu os maiores pedúnculos. Já para comprimento, espessura e peso da castanha, esses caracteres não diferiram significativamente dos mesmos caracteres dos outros genótipos. Este genótipo, juntamente com os de números 6, 24, 36 e 38, sobressaíram-se por produzirem maior número de frutos e os maiores pedúnculos e por serem distantes geneticamente (Figura 1), sendo considerados promissores em programas de melhoramento, com o objetivo de obter populações segregantes, que apresentem características morfométricas favoráveis.

A matriz de distâncias genéticas, gerada para os 38 genótipos, a partir de 20 características multicategóricas, apresentou como menos divergentes os genótipos 13 e 22; 20 e 26; 31 e 36, com distâncias de 0,15 e, como os que mais divergiram, os genótipos 10 e 11, apresentando uma distância de 0,80. O genótipo 10 também se distinguiu em relação às variáveis multicategóricas, por ser muito diferente dos demais, caracterizando-se por hábito de crescimento ereto e compacto e inserção

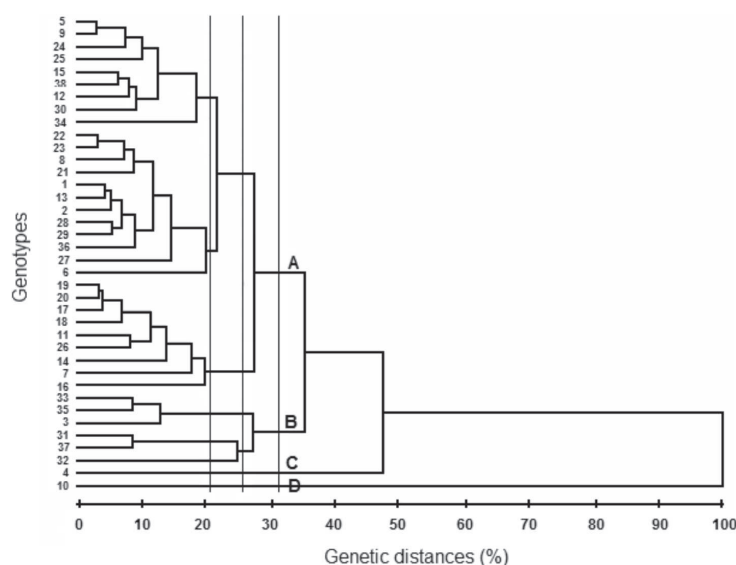


Figura 1: Dendrograma obtido por meio do método UPGMA a partir de distâncias genéticas, expressas pelo Quadrado da Distância Euclidiana Média Padronizada, estimadas entre 38 genótipos e baseadas em 13 variáveis morfométricas.

Tabela 3: Caracterização dos pedúnculos e frutos (castanha), quanto a comprimento do pedúnculo (CPE), peso do pedúnculo (PPE), comprimento da castanha (CCA) e peso da castanha (PCA)

Parâmetro	Caracteres			
	CPE (cm)	PPE (g)	CCA (cm)	PCA (g)
Média	1,72	3,26	1,40	1,00
Desvio Padrão	0,40	1,42	0,31	0,39
CV%	23,50	43,50	22,10	39,00
Máximo	2,94	7,19	2,05	2,60
Mínimo	0,80	0,89	0,90	0,48

das folhas no caule formando um ângulo obtuso, por ser o único com limbo oblongo e ápice indentado; as inflorescências de formato piramidal e flores avermelhadas desde o botão floral, sendo que a cor vermelha se intensifica com o envelhecimento da flor, e pelo caráter formato geral do pedúnculo, que foi cilíndrico somente para esse genótipo. Enquanto o genótipo 11 apresenta hábito de crescimento aberto e projetado horizontalmente; o ângulo agudo de inserção das folhas no caule; limbo obovado e ápice arredondado; inflorescências menores e cônicas, flores de cor rosa, tornando-se avermelhadas à medida que envelhecem; pedúnculo com formato cônico a obovado, ápice oblíquo e coloração vermelha. Este genótipo foi o único que apresentou o estado alternativo ápice oblíquo para o caráter formato do ápice do pedúnculo, enquanto todos os outros apresentaram o ápice do pedúnculo nivelado.

O agrupamento de Tocher, baseado na matriz de distâncias genéticas, destacou nove grupos (Tabela 4) e a análise de agrupamento, com base nas distâncias genéticas, utilizando-se o método UPGMA, em torno de 65% de dissimilaridade (Figura 2), também define nove grupos, porém diferentes daqueles definidos por Tocher. São eles grupo A com 13 genótipos (31, 36, 35, 38, 37, 32, 27, 34, 8, 33, 29, 7, 21); grupo B com sete genótipos (9, 12, 13, 22, 23, 6, 24); grupo C com cinco genótipos (15, 17, 2, 28, 1); grupo D com um genótipo (3); grupo E formado por dois genótipos (5 e 18); grupo F com

três genótipos (11, 25 e 14); grupo G com cinco genótipos (16, 19, 20, 26 e 4); grupo H com um genótipo (30) e o grupo I também com um genótipo (10).

O grupo D formado por UPGMA com o genótipo 3 corresponde ao grupo F do agrupamento de Tocher, genótipo que se destacou pelo hábito de crescimento aberto e ramos vegetativos horizontais; folhas obovadas; inflorescências deltoides, com uma proporção intermediária de flores hermafroditas e flores de cor rosa; pedúnculos redondos e avermelhados. Enquanto os genótipos 5 e 18, pertencentes ao grupo E, formado por UPGMA, correspondeu ao grupo D do agrupamento de Tocher; esses dois genótipos são muito próximos, apresentando hábito de crescimento ereto e aberto; folhas com limbo obovado; inflorescências piramidais frouxas, baixa proporção de flores hermafroditas; pedúnculos cônicos a obovados, mas diferindo na coloração, que, para o genótipo 5 foi vermelho-laranja e, para o 18, vermelha. Para o grupo H, formado por UPGMA, houve correspondência com o grupo G de Tocher (genótipo 30); este apresentou hábito de crescimento aberto e projetado horizontalmente; folhas de limbo obovado; inflorescências piramidais e flores vermelhas, com baixa proporção de flores hermafroditas; pedúnculos de formato cônico a obovado, com coloração vermelha. E o grupo C (15, 17, 2, 28, 1), formado por UPGMA, destacou-se por apresentar genótipos com inflorescências de flores rosa, baixa proporção de flores hermafroditas e pedúnculos redondos e vermelhos e, juntamente, caracterizaram-se por baixa produção de frutos.

Ao estudar a variabilidade morfológica de três espécies de caju, entre elas *A. occidentale*, *A. othonianum* e *A. humile*, Castro *et al.* (2011) constataram que existe alta variabilidade fenotípica, entre e dentro das espécies, para a maioria dos caracteres morfológicos. A maioria dos acessos de *A. humile* mostrou-se como plantas de baixa estatura, diferindo significativamente somente de *A. occidentale*, que teve a maior altura média. A maioria dos acessos dessa espécie também mostrou folhas maduras verdes e coriáceas, com formato do limbo obovado. Os autores ainda ressaltam a importância da avaliação físico-química de fruteiras como as das dife-

Tabela 4: Grupos de genótipos estabelecidos pelo método de Tocher, a partir da matriz de distâncias genéticas, obtida pelo Índice de Dissimilaridade para 20 Variáveis Multicategóricas estimadas entre 38 genótipos de *A. humile*

Grupo	Indivíduos
<A>	13 22 23 2 6 24 9 12 21 17 15
	20 26 4 19 16 14
<C>	31 36 35 38 33 32 27 37 29 7 34 28 8
<D>	5 18
<E>	11 25
<F>	3
<G>	30
<H>	1
<I>	10

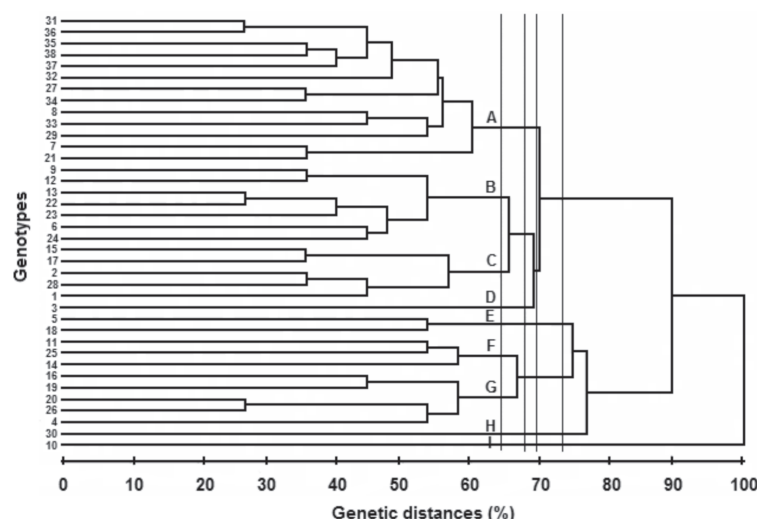


Figura 2: Dendrograma obtido por meio do método UPGMA, a partir de distâncias genéticas expressas pelo Índice de Dissimilaridade para 20 Variáveis Multicategóricas estimada entre 38 genótipos.

rentes espécies de caju existentes no Brasil, que são estudos que servem de base para a seleção de acessos para uso em programas de melhoramento.

As variáveis multicategóricas são muito utilizadas em estudos, por apresentarem grande importância para programas de melhoramento genético, com objetivo de se obterem cultivares comerciais, que apresentem características procuradas pelos produtores e consumidores, como a forma, a coloração e o tamanho do fruto (Cruz & Carneiro, 2003), além de constituir uma alternativa viável para se avaliar a divergência entre genótipos (Sudré *et al.*, 2006).

Estudos já existentes sobre as informações genéticas de *A. humile* mostram que existe uma grande variabilidade genética, provavelmente em função das estratégias reprodutivas adotadas pela espécie ao longo de sua evolução (Pinto *et al.*, 2011). Ao analisar a variabilidade genética de 122 acessos de *A. humile*, procedentes de 11 municípios do Cerrado de Goiás e Mato Grosso, por meio de marcadores RAPD, Carvalho *et al.* (2012) concluíram que a técnica RAPD mostrou-se eficiente na caracterização genética da espécie, ocorrendo alta variabilidade genética entre os acessos procedentes de diferentes municípios e entre acessos dos mesmos municípios, formando grupos heterogêneos. Essa alta variabilidade genética para a espécie também foi encontrada por Souza *et al.* (2013), que avaliaram a diversidade genética de 40 acessos, oriundos de 04 municípios do sudoeste do cerrado. De acordo com esse estudo, a distribuição da diversidade genética, entre e dentro das populações, mostra que 12,09% da variabilidade está entre populações e 32% dentro das populações, sugerindo que existem locos, em todas as populações, que apresentam elevada diversidade, esperada para um loco com dois alelos.

O genótipo 10, tanto nas análises das distâncias genéticas de caracteres morfométricos quanto de multicategóricos, destacou-se por ser muito diferente dos analisados. Constataram-se as presenças de características multicategóricas exclusivas para o formato do limbo e o formato do ápice do limbo, as altas proporções de flores hermafroditas e de frutos cilíndricos e de características exclusivas quanto aos caracteres morfométricos, como altura elevada em relação aos outros genótipos, intensa floração, inflorescências de diâmetro e altura também elevados e intensa frutificação, com produção de pedúnculos maiores e mais pesados que a média dos outros genótipos. De acordo com Mitchell & Mori (1987), espécies do planalto central brasileiro, *Anacardium occidentale*, *Anacardium othonianum*, *Anacardium humile* e *Anacardium nanum*, florescem no mesmo período, com flores muito parecidas em sua morfologia e polinizadas por abelhas. Segundo os autores, parece haver poucas barreiras extrínsecas ao cruzamento entre elas. Esses fatores explicariam a existência de indivíduos nas populações naturais que são intermediários entre *A. occidentale* e *A. humile*, assim como entre *A. humile* e *A. nanum*. Assim é possível que o genótipo 10 seja um híbrido, mas para que esse fato seja comprovado são necessários mais estudos.

CONCLUSÕES

Este estudo mostrou variabilidade genética dentro da população estudada de *Anacardium humile* (St. Hilaire), tanto para variáveis morfométricas como para multicategóricas, apresentando os genótipos 6, 10, 24, 36 e 38 como os que mais se destacaram por maior proporção de flores hermafroditas para o total de flores, elevada

produção de frutos e maiores pedúnculos, entre os dos genótipos estudados, e por se apresentarem distantes geneticamente no dendrograma produzido por variáveis morfométricas. São indicados para futuros trabalhos de melhoramento genético, para serem multiplicados e utilizados em plantios comerciais e de conservação da espécie.

REFERÊNCIAS

- Almeida SP, Proença CEB, Sano SM & Ribeiro JF (1998) Cerrado: Espécies vegetais úteis. Planaltina, Embrapa-CPAC. 464p.
- Alves HPS, Reis EF, Carvalho RS & Pinto JFN (2011) Variabilidade Morfológica de Frutos e Pseudofrutos de Acessos de Cajuzinho-do-Cerrado (*Anacardium Humile* A.St. Hill). In: 6^o Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Búzios. Anais, SBMP. p.1-5.
- Ávila MA, Santos PF, Braga LL, Rodrigues PL, Veloso MDM, Nunes YRF & Fernandes GW (2009) Biometria e Germinação de frutos de *Anacardium humile* A. ST. - HIL. (Anacardiaceae) provenientes da APA Pandeiros, Minas Gerais. In: IX Congresso de Ecologia do Brasil, São Lourenço. Anais, SEB. p.1-3.
- Carvalho RS, Pinto JFN, Reis EF, Santos SC & Dias LAS (2012) Variabilidade genética de cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* ST. HILL.) por meio de marcadores RAPD. Revista Brasileira de Fruticultura, 34:227-233.
- Castro ACR, Sobreira Júnior OV, Bordallo PN, Oliveira KGS & Bezerra CF (2011) Morphological Variability of Cashews from the Brazilian Savannah. Acta Horticulturae, 2:863-869.
- Cota LG, Moreira PA, Menezes EV, Gomes AS, Ericsson ARO, Oliveira DA & Melo AF (2012) Transferability and characterization of simple sequence repeat markers from *Anacardium occidentale* to *A. humile* (Anacardiaceae). Genetics and Molecular Research, 11:4609-4616.
- Coutinho LM (1998) Contribuição ao conhecimento do papel ecológico das queimadas na floração de espécies do cerrado. In: Almeida SP, Proença CEB, Sano SM & Ribeiro JF (Eds.) Cerrado: espécies vegetais úteis. Planaltina, Embrapa. p.31-34.
- Cruz CD (2006) Programa Genes: análise multivariada e simulação. Viçosa, Editora UFV. 175p.
- Cruz CD (2008) Programa Genes - Diversidade Genética. Viçosa, Editora UFV. 278p.
- Cruz CD & Carneiro PCS (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Editora UFV. 358p.
- Dias LAS (1998) Análises multidimensionais. In: Alfenas AC (Ed.) Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins. Viçosa, Editora UFV. p. 405-473.
- Fernandes TA (2012) Sobrevivência e crescimento inicial de espécies de Cerrado após perturbação por fogo. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Tocantins, Palmas. 31p.
- IBPGR - International Board for Plant Genetic Resources (1986) Cashew Descriptors. Rome, IBPGR. 33p.
- Klink CA & Machado RB (2005) A conservação do Cerrado brasileiro. Megadiversidade, 1:147-155.
- Londe LN, Ribeiro EB, Sousa CS, Kerr WE & Bonetti AM (2010) Divergência genética entre populações de *Anacardium humile* St. Hill por marcadores AFLP. Belo Horizonte, Epamig. p.1-4. (Circular técnica Epamig, 105).
- López-Naranjo H & Pernía NE (1990) Anatomía y ecología de los órganos subterráneos de *Anacardium humile* A. St.-Hil. (Anacardiaceae). Revista Forestal Venezolana, 34:55-77.
- Lorenzi H, Sartori SF, Bacher LB & Laerda MTC (2006) Frutas brasileiras e exóticas cultivadas (de consumo in natura). São Paulo, Instituto Plantarum. 672p.
- Mitchell JD & Mori SA (1987) The cashew and its relatives (Anacardium: Anacardiaceae). Memoirs of the New York Botanical Garden, 42:01-76.
- MMA - Ministério do Meio Ambiente (2015) O Bioma Cerrado. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biomas/cerrado>>. Acessado em: 29 de julho 2015.
- Pinto JFN, Carvalho RS, Santos SC, Reis EF & Dias LAS (2011) Polimorfismo Genético entre Populações Naturais de *Anacardium humile* a. St. Hill Utilizando Marcadores Moleculares RAPD. In: 6^o Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Búzios. Anais, SBMP. p.1-4.
- Silva DB, Silva JA, Junqueira NTV & Andrade LRM (2001) Frutas do Cerrado. Brasília, Embrapa Informação Tecnológica. 179p.
- Soares TN, Sant'Ana LL, Oliveira LK, Telles MPC & Collevatti RG (2013) Transferability and characterization of microsatellite loci in *Anacardium humile* A. St. Hil. (Anacardiaceae). Genetics and Molecular Research, 12:3146-3149.
- Souza JM, Reis EF, Carvalho RS & Pinto JFN (2013) Variabilidade genética de *Anacardium humile* utilizando marcadores RAPD. In: VII Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Uberlândia. Anais do VII Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, SBMP. p.3406-3409.
- Sudré CP, Cruz CD, Rodrigues R, Riva EM, Amaral Júnior AT, Silva DJH & Pereira TNS (2006) Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. Horticultura Brasileira, 24:88-93.