



**AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DOS ACESSOS DE GOIABEIRA  
PERTENCENTES AO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA**

Fernanda Sana **Pertrini**<sup>1</sup>; Brenda Gabriela Díaz-**Hernandez**<sup>2</sup>; Carlos Augusto **Colombo**<sup>3</sup>;  
Juliana Altafin **Galli**<sup>4</sup>

**Nº 18302**

**RESUMO** – O conhecimento da diversidade genética é de suma importância nos programas de melhoramento genético para maximizar o uso adequado dos recursos genético e definir estratégias de melhoramento. Nesse sentido, o presente estudo teve como objetivo avaliar a diversidade genética de 80 acessos de *Psidium guajava* L. pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Apta Regional Centro Norte, em Pindorama-SP, por meio de marcadores moleculares SSRs. A partir da análise de 14 locos microssatélites foi obtido um total 129 alelos, com valor médio de heterozigosidade ( $H_e$ ) de 0,74, variando de 0,41 a 0,88. A média observada para o conteúdo de informações polimórficas (PIC) foi de 71,52% e o valor médio de similaridade genética (Jaccard) foi de 0,18, sendo que a maior similaridade foi de 0,68. O dendrograma gerado a partir do método UPGMA mostrou três grupos principais, porém com fraca estrutura genética e nenhuma associação com a procedência ou origem geográfica dos acessos, possivelmente em virtude da distribuição dos acessos estar associada ao uso popular. Os marcadores moleculares SSRs mostraram-se capazes de revelar importante diversidade genética em acessos de *P. guajava*, sendo, portanto, uma importante ferramenta para conservação e direcionamento de programas de melhoramento da espécie.

**Palavras-chaves:** *Psidium*, microssatélites, primers, goiabeiras, germoplasma, diversidade.

1 Autora: Fernanda Sana Pertrini, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em ciências biológicas, PUC, Campinas-SP; fspertrini@gmail.com

2 Colaboradora: Brenda Gabriela Díaz-Hernandez: Doutoranda do curso de Genética e Biologia Molecular, IB / Unicamp, Campinas-SP.

3 Colaborador: Carlos Augusto Colombo, Pesquisador do Centro de Recursos Genéticos Vegetais, Instituto Agrônomo, Campinas-SP.

4 Orientadora: Juliana Altafin Galli, Pesquisadora do Apta Regional Centro Norte, Pindorama-SP; julianagalli@apta.sp.gov.br



**ABSTRACT** – Knowledge of genetic diversity is very important in breeding programs to maximize the appropriate use of genetic resources and to define breeding strategies. In this sense, the present study had the objective of evaluating the genetic diversity of 80 accessions of *Psidium guajava* L. belonging to the Germoplasma Active Bank of the Central North Apt, in Pindorama-SP, using molecular markers SSRs. From the analysis of 14 microsatellite loci a total of 129 alleles were obtained, with a mean value of heterozygosity ( $H_e$ ) of 0.74, ranging from 0.41 to 0.88. The mean observed for polymorphic information content was 71.52% and the mean genetic similarity value (Jaccard) was 0.18, and the highest similarity was 0.68. The dendrogram generated from the UPGMA method showed three main groups, but with a weak genetic structure and no association with the origin or geographical origin of the accessions, possibly due to the distribution of the accesses being associated to the popular use. The molecular markers SSRs were able to reveal important genetic diversity in accessions of *P. guajava*, being, therefore, an important tool for conservation and direction of breeding programs of the species.

**Keywords:** *Psidium*, microsatellites, primers, guava, germplasm, diversity

## 1. INTRODUÇÃO

*Psidium guajava* L., popularmente conhecida como goiabeira, é uma planta encontrada em regiões tropicais e subtropicais do mundo, e que possui um grande interesse econômico para o Brasil, pois é amplamente comercializada tanto em sua forma in natura como também na forma de doces e para a produção de outros alimentos. O país está entre os maiores produtores de goiaba do mundo (PEREIRA; KAVATI, 2011; PEREIRA; NACHTIGAL, 2002).

A goiabeira pertence à família Myrtaceae e tem seu centro de origem no continente americano, entre o México, Peru e Brasil. (PEREIRA; KAVATI, 2011). A planta ainda é classificada como *Psidium guajava* L, não havendo definição de espécies com base nas variações existentes em relação à cor e forma do fruto (PEREIRA; NACHTIGAL, 2002).

*Psidium guajava* L., pode se adaptar facilmente às condições edafoclimáticas distintas e se propagar através das sementes, o que confere o sucesso na distribuição global dessa espécie. Além



**12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018**  
**01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-145-5**

disso, a fecundação cruzada realizada e a utilização de sementes originárias de progenitores heterozigotos na produção de mudas, faz com que esta planta tenha uma alta diversidade genética. Há uma grande variabilidade entre as goiabeiras cultivadas no Brasil, devido ao uso continuado da propagação seminal. No entanto, esta prática de propagação pode influenciar em alguns fatores, tais como produtividade, hábito de crescimento e porte das plantas, arquitetura da copa, cor, sabor, consistência e tamanho dos frutos, além de rendimento de polpa. (ALVES; FREITAS, 2007; PEREIRA; NACHTIGAL, 2002)

A goiabeira teve seu melhoramento genético iniciado há muito tempo, possivelmente através dos navegadores espanhóis e portugueses que a introduziram em diversas regiões do mundo visando as plantas capazes de produzir os frutos mais atrativos (PEREIRA; KAVATI, 2011; PEREIRA; NACHTIGAL, 2002).

Devido à grande demanda comercial pelos frutos de *Psidium guajava* L. e sua alta variabilidade genética, programas de melhoramento genético buscam cada vez mais a obtenção de plantas mais adaptadas, mais resistentes a pragas e que produzam os melhores frutos para o consumo humano. Os programas atuais de melhoramento fazem uso do método clássico associado a ferramentas biotecnológicas como marcadores moleculares, o que permite a identificação da variabilidade genética entre os indivíduos em um período mais curto de tempo. (XAVIER et al., 2005). Dentre os marcadores moleculares, os microssatélites são os mais informativos e já foram utilizados em inúmeros estudos com goiabeiras para avaliação de diversidade genética (SÁNCHEZ-TEYER et al., 2010; VALDÉS-INFANTE HERRERO et al., 2010; VALDÉS-INFANTE et al., 2007).

Estudar a variabilidade genética de um banco de germoplasma permite caracterizar as coleções, sendo estratégico para guiar um programa de melhoramento da espécie, bem como identificar geneticamente os acessos, enriquecer o BAG e definir estratégias de coleta e conservação da espécie para futuros programas de melhoramento (WALTER, 2010). Neste sentido, estudos utilizando dados moleculares para analisar genótipos de diferentes localidades podem contribuir para uma melhor compreensão da diversidade de *P. guajava*, e a identificação de genótipos divergentes para reprodução (NOGUEIRA et al., 2014).

Desta maneira, o presente estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade genética nos acessos de goiabeira do banco ativo de germoplasma através do uso de marcadores microssatélites (SSR), com a finalidade de obter informações sobre a variabilidade genética entre os acessos que



possam ser usadas na conservação do germoplasma e no estabelecimento de diretrizes de melhoramento genético.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Material vegetal**

Foram analisados 80 acessos de goiabeira pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG), do polo da Apta Regional Centro Norte, em Pindorama-SP. O BAG está localizado na área experimental, a 21º 13' de latitude sul e 48º 55' de longitude oeste, altitude de 527 m, com temperatura média anual de 22,8º C, precipitação média anual de 1.390,3 mm e umidade relativa média anual de 71,6% (Tabela 1).

### **2.2 Obtenção do DNA total**

Aproximadamente 1,5 g de material vegetal foi macerado com nitrogênio líquido utilizando almofariz e pistilo. 0,5g do material vegetal macerado foi colocado em microtubos de 2mL para extração do DNA. O restante do material macerado foi colocado em vidros âmbar, identificados com os respectivos números do genótipo e armazenado à -20°C.

A extração do DNA foi feita de acordo com o protocolo de extração usando CTAB Doyle & Doyle (1990) e a qualidade do DNA extraído foi avaliada através de gel de agarose à 1,5% (eletroforese).

A concentração de DNA foi determinada utilizando o espectrofotômetro NanoVue. Com base na concentração, o DNA foi diluído para padronizar a concentração a 10 ng.µl<sup>-1</sup>.



**12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018**  
**01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-145-5**

**Tabela 1.** Identificação dos acessos de *P. guajava* com seus respectivos locais de origem.

ID	Acesso	Origem	ID	Acesso	Origem
1	R.S. E.E.F.T. C.A. B.A.	Jundiaí	43	L5P19	Campinas
2	Australiana Vermelha	Jundiaí	44	L4P16	Campinas
3	Guanabara	Jundiaí	45	L8P32A	Campinas
4	FAO EEFT C.A. B.A.	Jundiaí	46	L8P32B	Campinas
5	Rubi Supreme	Jundiaí	47	Mirtácea (Campinas)	Campinas
6	IAC – 4	Jundiaí	48	Ogawa x Kumagai	Promissão
7	Tetraplóide	Jundiaí	49	Rica – J – 2	Jaboticabal
8	Campos	Jundiaí	50	FAO – UNESP	Jaboticabal
9	Indiana	Jundiaí	51	Paluma	Jaboticabal
10	Webber Supreme	Jundiaí	52	Patillo	Jaboticabal
11	Monte Alto	Jundiaí	53	EEF – 3	Jaboticabal
12	Torrão de Ouro	Jundiaí	54	Creme Arredondada (UNESP)	Jaboticabal
13	Supreme BA.	Jundiaí	56	IAC – 4 - UNESP	Jaboticabal
14	Vermelha Redonda (Shimoda)	Valinhos	57	Indiana - UNESP	Jaboticabal
15	Vermelha Comprida (Shimoda)	Valinhos	58	Kumagai Branca	Valinhos
16	L3P8	Campinas	59	Saito	Valinhos
17	L8P31	Campinas	60	vermelha perfumada	Jundiaí
18	L6P23	Campinas	61	Ogawa 1	Mogi das Cruzes
19	L6P25	Campinas	62	Ogawa 3	Mogi das Cruzes
20	L5P21	Campinas	63	propr. de Tadao Ogawa	Mogi das Cruzes
21	L5P18	Campinas	64	Red Selection	Monte Alto
22	L6P22	Campinas	65	Supreme	Monte Alto
23	L8P30	Campinas	66	IAC – 4 – Cica	Monte Alto
24	L7P28	Campinas	67	Taquaritinga comum	Monte Alto
25	L6P24	Campinas	68	Kioshi 1	Monte Alto
26	L7P26	Campinas	69	Kioshi 2	Monte Alto
28	L5P20	Campinas	70	Kioshi 3	Monte Alto
29	L1P3	Campinas	74	Ruby Supreme 2	Monte Alto
30	L4P17	Campinas	75	Ruby Supreme 3	Monte Alto
31	L2P4	Campinas	76	EEFT 1 (Cruz das Almas)	Monte Alto
32	L4P14	Campinas	77	EEFT 2 (Cruz das Almas)	Monte Alto
33	L3P10	Campinas	78	EEFT 3	Monte Alto
34	L3P9	Campinas	79	EEFT 4	Monte Alto
35	L4P15	Campinas	82	Goiaba polpa amarela	Limeira
36	L4P13	Campinas	84	Monte Alto - Branca	Valinhos
37	L1P2	Campinas	85	Patillo – Ba.	Jundiaí
38	L3P11	Campinas	87	Supreme Branca	Jundiaí
39	L2P6	Campinas	88	Australiana Branca	Jundiaí
40	L2P5	Campinas	89	EEFT – CA - BA	Jundiaí
42	L3P12	Campinas	90	Goiaba vermelha (Cingapura)	Linhares-ES

### 2.3 Diversidade genética de *P. guajava* mediante SSRs

Foram utilizados 14 marcadores microssatélite (SSRs) desenhados por Risterucci *et al* (2005) para a caracterização molecular dos 80 acessos de *P. Guajava* (Tabela 2). Para a reação de PCR, foi utilizado 2 µl DNA genômico a 10 ng/µl, 3 µl de master mix (5x FIREPol® Master Mix PCR), 0,5 µM de primer forward e reverse e 9 µl água, totalizando um volume final de 15 µl para a reação.



As reações de PCR para a amplificação foram conforme as especificações de Risterucci *et al* (2005): desnaturação inicial a 94 °C durante 4 min; 30 ciclos a 94 °C por 45 s, 55 °C durante 60 s e 72 °C durante 60 s; e um alongamento final a 72 °C durante 8 min. A temperatura de anelamento para todos os primers foi de 55°C. Posteriormente as reações de PCR foram submetidas à eletroforese em agarose 2% para verificar a presença dos amplicons.

#### **2.4 Genotipagem por meio do equipamento Fragment Analyzer**

Cinco microlitros da reação de PCR foram utilizados para a aplicação e separação dos alelos amplificados por meio de corrida eletroforética por 80 min, com uma corrente de 9 Kw no genotipador automático de capilar (Fragment Analyser Automated CE System da empresa Advanced Analytical) utilizando o Kit DNF- 905–K0500, que permite observar fragmentos de 1 bp até 500 bp, com capacidade de separação de 3-5 pares de bases.

#### **2.5 Análise de diversidade**

Após leitura automática dos géis e determinação dos alelos de cada loco, foram determinadas as frequências alélicas, a diversidade genética, a riqueza alélica e a heterozigotidade observada ( $H_0$ ) e esperada ( $H_e$ ) e visualizada a dispersão dos acessos por Análise de Coordenadas Principais (PCoA) utilizando o programa GenAlEx 6.2 (Peakall e Smouse, 2006).

Através das informações das bandas obtidas com os marcadores foi construída uma matriz binária, onde a presença da banda corresponde a 1 e a ausência corresponde a 0. Partindo-se dessa matriz, foi determinado o índice de similaridade de Jaccard entre todos os acessos. As similaridades genéticas foram utilizadas para a construção de um dendrograma, por meio do método UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average), na rotina SAHN (Sequential Agglomerative, Hierarchical and Nested Clustering), no programa NTSYS-pc 2.02 (ROHLF, 1990).

### **3. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Um total de 129 alelos foram encontrados para os 14 primers utilizados, com uma média de 9,21 alelos por loco. O maior número de alelos foi observado nos primers mPgCIR10, mPgCIR17, e mPgCIR19 com um total de 13 alelos por loco, e o menor número de alelos foi observado no primer mPgCIR 07, que apresentou apenas 3 alelos (Tabela 2 e Figura 1). Dados semelhantes foram reportados por CHAITHANYA *et al* (2014) que, com o uso de 48 marcadores microssatélites, verificaram um total de 249 alelos amplificados em 72 acessos de goiabeiras, com o número de alelos



**12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018**  
**01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-145-5**

por loco variando de 2 a 11. Já COSTA E SANTOS (2013) detectaram um total de 183 alelos através de 13 marcadores SSRs em 61 acessos de goiabeira, mas com um maior número de alelos por loco, variando de 7 a 22 alelos por loco. Quando comparado com os dados obtidos por RISTERUCCI et al. (2005) no desenvolvimento e validação dos primers, a maioria dos locos utilizados no presente estudo apresentaram maior número de alelos, o que pode ser devido ao respectivos germoplasmas avaliados e às técnicas de genotipagem utilizadas.

A média observada para conteúdo de informações polimórficas (PIC) foi de 71,52% e os locos mPgCIR07 (36,32) e mPgCIR17 (84,10) apresentaram os menores e os maiores valores, respectivamente (Tabela 3). PESSANHA et al (2011) ao utilizar 28 marcadores RAPD em 20 acessos de *Psidium spp.* coletados no Rio de Janeiro, detectaram 97,5% de polimorfismo. A riqueza alélica e os conteúdos de polimorfismo dos SSRs evidenciam a eficiência do marcador para estudos de diversidade genética em goiaba.

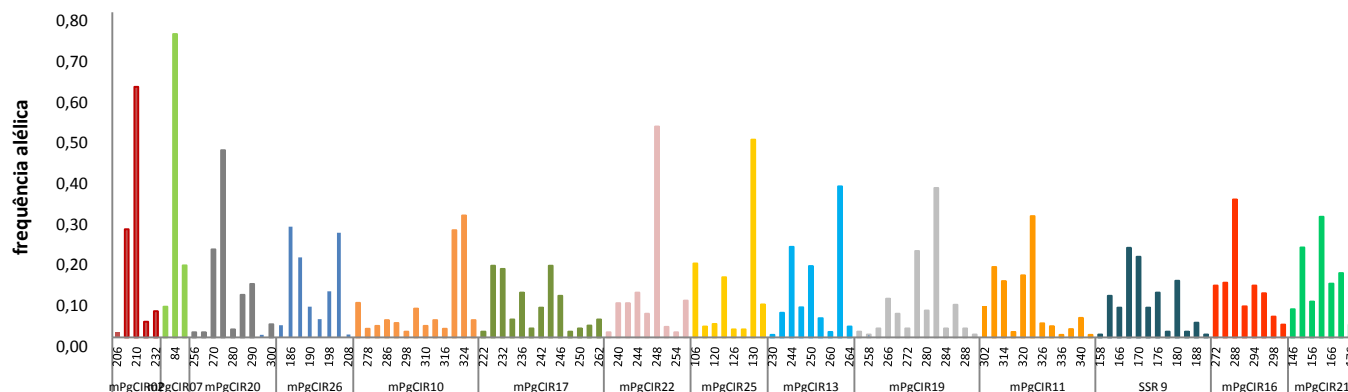
**Tabela 2.** Características dos marcadores SSR utilizados e estimativas de diversidade: Número de alelos (Na); número de alelos efetivos (Ne); Índice de Shannon (I); heterozigosidade observada (Ho); heterozigosidade esperada (He); heterozigosidade esperada com fator de correção para tamanho amostral (uHe).

Locos	Repeat motif	Foward (5'-3')	Reverse (5'-3')	Allele size	N	Na	Ne	PIC (%)	I	Ho	He	uHe
mPgCIR02	(GA)20	AGTGAACGACTGAAGACC	ATTACACATTGAGCACTT	202-230	77	5	2,19	48,33	1,01	0,08	0,54	0,55
mPgCIR07	(CA)13AA(GAA)3	ATGGAGGTAGGTTGATG	CGTAGTAATCGAAGAAATG	148-160	79	3	1,68	36,32	0,72	0,00	0,41	0,41
mPgCIR09	(GA)19	GCGTGTGCTATTGTTTC	ATTTTCTTCTGCTTGTC	156-176	68	12	6,99	84,10	2,11	0,62	0,86	0,86
mPgCIR10	(CT)12	GTTGCTCTTATTTGGT	GCCCCATATCTAGGAAG	262-320	70	13	5,50	79,81	2,07	0,23	0,82	0,82
mPgCIR11	(CT)17	TGAAAGACAACAAACGAG	TTACACCCACCTAAATAAGA	298-314	72	12	5,79	80,71	2,00	0,67	0,83	0,83
mPgCIR13	AC)12(AT)4G(GA)2	CCTTTTCCCGACCAATTACA	TCCGACTGAGATTTGTGCT	240-260	74	9	4,33	73,80	1,71	0,46	0,77	0,77
mPgCIR16	(TC)25	AATACCAGCAACACCAA	CATCCGTCTCTAAACCTC	268-296	78	8	5,32	79,12	1,87	0,47	0,81	0,82
mPgCIR17	(CT)23	CCTTTCGTACATTTCACTT	CATTGGATGGTTGACAT	230-240	68	13	7,99	86,21	2,25	0,62	0,88	0,88
mPgCIR19	(CT)16	AAAATCCTGAAGACGAAC	TATCAGAGGCTTGACATA	258-280	68	13	4,84	77,14	1,94	0,31	0,79	0,80
mPgCIR20	(CT)14(CA)17	TATACCACACGCTGAAAC	TTCCCCATAAACATCTCT	270-298	76	9	3,46	67,43	1,53	0,20	0,71	0,72
mPgCIR21	(AG)15GG(AG)7	TGCCCTTCTAAGTATAACAG	AGTACAAAACCTTCTCTAAA	150-164	79	7	5,16	77,96	1,76	0,37	0,81	0,81
mPgCIR22	(GT)9(GA)14	CATAAGGACATTTGAGGAA	AATAAGAAAAGCGAGCAGA	236-252	77	9	3,24	66,86	1,59	0,27	0,69	0,70
mPgCIR25	(GA)24	GACAATCCAATCTCACTTT	TGTGTCAAGCATACCTTC	104-130	74	8	3,32	66,55	1,52	0,28	0,70	0,70
mPgCIR26	(GT)2(GA)17	CTACCAAGGAGATAGCAAG	GAAATGGAGACTTTGGAG	180-198	66	8	4,97	76,99	1,75	0,44	0,80	0,81
Media	-	-	-	-	73,3	9,21	4,63	71,52	1,70	0,36	0,74	0,75

No presente trabalho, o valor médio da heterozigosidade (He), considerando todos os locos, foi de 0,74, variando de 0,41 a 0,88 para os primers mPgCIR07 e o mPgCIR17, respectivamente. Chaithanya et al (2014) encontraram valores similares de heterozigosidade esperada, variando de 0,078 a 0,838, quando avaliaram 72 acessos de diversas espécies do gênero *Psidium*, enquanto que



Costa e Santos (2013) detectaram maiores valores de heterozigidade esperada em 61 acessos de *P. guajava*, com o maior valor igual a 1.000 e o menor igual 0,104.



**Figura 1.** Frequência de alelos por loco SSR encontrada em germoplasma de *Psidium guajava* representado por 80 acessos.

As similaridades genéticas entre os 80 acessos de *P. guajava* foram calculadas a partir do índice de Jaccard. O valor médio de diversidade genética observada para os 80 acessos analisados foi de 0,18, sendo que a maior similaridade foi 0,68 entre os acessos IAC-4-Cica e Kioshi 1, ambos provenientes de Monte Alto, enquanto que a menor similaridade foi de 0,00 entre diversos acessos. A diversidade genética encontrada entre os acessos analisados no presente trabalho foi maior ao reportado em outros estudos. Entre 43 acessos de Cuba, Rodríguez-Medina et al. (2010) reportam valores de similaridade genética (Jaccard) que variaram de 0,40 a 1,00. Entretanto, COSTA et al. (2013) com 61 acessos do Brasil, revelaram um grau de similaridade variando de 0,75 a 1,00, superior aos valores encontrados em nosso estudo.

Com base na matriz de similaridade de Jaccard foi gerado um dendrograma para ilustrar o parentesco entre os acessos adotando-se o método UPGMA, onde foi possível observar três grupos principais de origem para os acessos (Figura 2). O grupo A sendo formado por 8 indivíduos, com 6 deles procedentes de Campinas e dois de Jundiáí. O grupo B, que se subdivide em dois grupos (B1 e B2), foi o grupo com maior número de acessos (53), procedentes principalmente de Campinas (24 acessos), além de nove de Jundiáí, quatro de Valinhos, um de Limeira, oito de Monte Alto, quatro de Jaboticabal, três de Mogi das Cruzes e um de Promissão. O grupo C, subdividido em C1 e C2, é



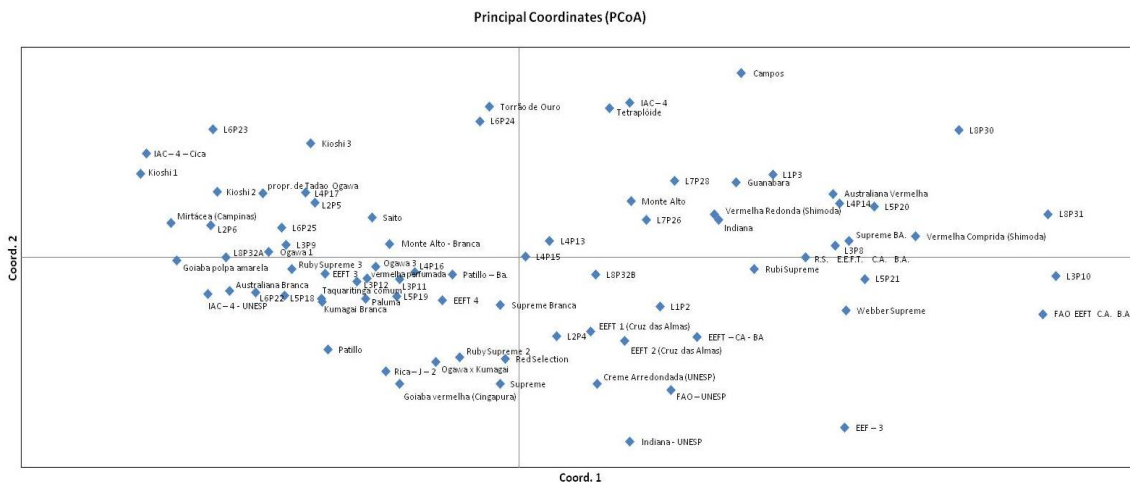


12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018  
01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo  
ISBN 978-85-7029-145-5

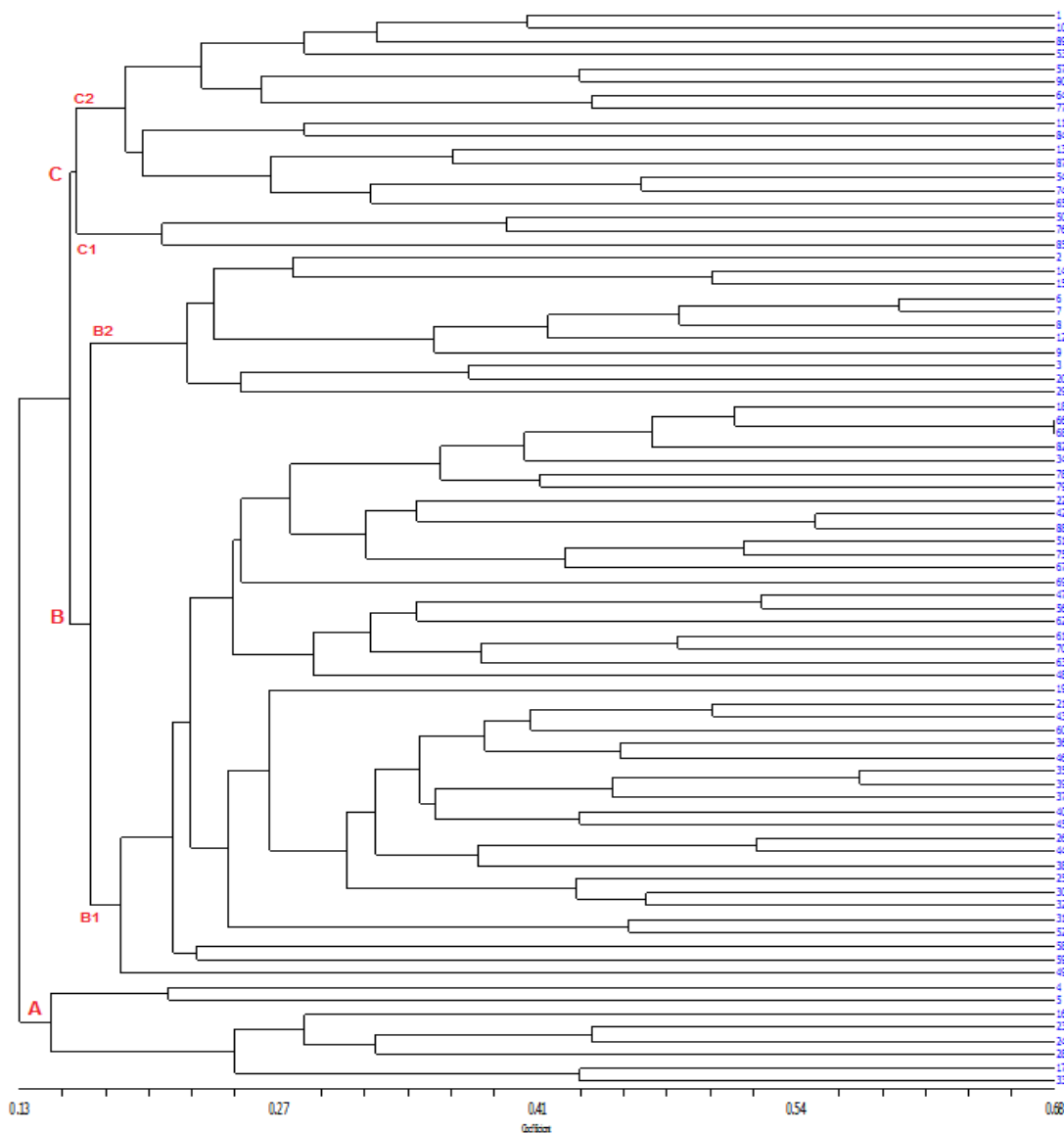
representado por 18 indivíduos: sete de Jundiaí, cinco de Monte Alto, quatro de Jaboticabal, um de Valinhos e um de Linhares- ES.

Embora os acessos tenham sido estruturados em três grandes grupos, não houve clareza quanto ao papel das origens geográficas dos acessos para explicar a estruturação genética encontrada, ou seja, observa-se que cada subgrupo inclui indivíduos de mais de um local. Este resultado também pode ser constatado mediante a análises de PCoA, onde tampouco foi possível observar formação de grupos bem definidos entre os acessos (Figura 3). A falta estruturação genética entre os acessos analisados no presente estudo pode se dever a o fato de ser uma espécie com alta taxa de polinização cruzada (Alves et al. 2007), sugerindo alto fluxo gênico entre os acessos coletados devido a se encontrarem relativamente próximos geograficamente, assim como a possível migração dos materiais devido a um efeito antropogênico, resultado do intercambio de material genético entre agricultores e ou instituições públicas, o que tem impedido que os genótipos acumulassem diferenças genéticas suficientes que permitam agrupá-los em função das suas respectivas origens botânicas ou histórias de vida.

Assim, como no presente estudo, OLIVEIRA *et al* (2009) não encontram associação entre a diversidade genética de acessos brasileiros de goiaba a partir de marcadores SSR e a origem geográfica dos acessos, concluindo que os mesmos se dispersaram livremente de um lugar para outro aumentando a variabilidade entre regiões distintas. Porém, SANTOS *et al* (2011), analisando 37 acessos *Psidium spp.*, observaram a formação de três grupos, sendo que o maior grupo era composto por indivíduos de várias regiões, enquanto nos grupos menores os acessos eram provenientes da mesma origem.



**Figura 2.** Análise de coordenadas principais (PCoA) de 80 acessos de *P. guajava* usando 14 primers SSR



**Figura 3.** Dendrograma (UPGMA) obtido a partir da similaridade genética entre 80 acessos de *P. guajava*, mediante SSRs. No eixo x, encontram-se as distâncias genética, e no eixo y, a identificação dos acessos.

#### 4. CONCLUSÃO



Com base nos dados obtidos no presente estudo conclui-se que os marcadores microssatélites foram eficientes para revelar importante diversidade genética entre acessos de *Psidium guajava* L, e que esta diversidade genética apresenta fraca estruturação genética.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, J. E.; FREITAS, B. M. Requerimentos de polinização da goiabeira. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, p. 1281–1286, 2007.

CHAITHANYA, M. V. N.; DINESH, M. R.; VASUGI, C.; LAKSHMANA REDDY, D. C.; SAILAJA, D.; ASWATH, C. Assessment of genetic diversity in guava (*Psidium guajava*) germplasm using microsatellites. **Journal of Horticultural Science**, Bangalore, v. 9, n. 2, p. 117–125, 2014.

COSTA, S. R. da; SANTOS, C. A. F. Allelic database and divergence among *Psidium* accessions by using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 6802–6812, 2013.

NOGUEIRA, A. M., FERREIRA, M. F. S.; GUILHEN, J. H. S.; FERREIRA, A. Multivariate analysis in a genetic divergence study of *Psidium guajava*. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 4, p. 10657–10668, 2014.

OLIVEIRA, M. M. de; SANTOS, C. A. F.; CORREA, L. C.; ARAÚJO, J. S.; RIBEIRO, H. L. C. Diversidade genética em acessos de goiabeira (*Psidium Guajava* L.) de diferentes origens geográficas avaliadas por marcadores microssatélites. In: JORNADA DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA EMBRAPA SEMI-ÁRIDO, 4., 2009, Petrolina. **Anais...** Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 2009. p. 94 –100.

PEAKALL, R; SMOUSE, P.E. GenAIEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology Notes**, Hoboken, v.6, n.1, p. 288–295, 2006.

PEREIRA, F. M.; KAVATI, R. Contribution of the Brazilian scientific research in the development of some fruit trees of Subtropical climate. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, p. 92–108, 2011.

PEREIRA, F. M.; NACHTIGAL, J. C. **Goiabeira**. In: BRUCKNER, C.H. (Ed.). Melhoramento de fruteiras tropicais. Viçosa: Editora UFV, 2002. p.267–289.



12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018  
01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo  
ISBN 978-85-7029-145-5

PESSANHA, P. G. O.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SOUZA, R. M.; TEXEIRA, M. C.; PEREIRA, M. G. Avaliação da diversidade genética em acessos de *Psidium* spp. via marcadores moleculares RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.33, n.1, p.129-136. 2011.

RISTERUCCI, A. M.; DUVAL, M. F.; ROHDE, W.; BILLOTTE, N. Isolation and characterization of microsatellite loci from *Psidium guajava* L. **Molecular Ecology Notes**, Hoboken, v. 5, n. 4, p. 745–748, 2005.

RODRÍGUEZ-MEDINA, N.N.; VALDÉS-INFANTE, J.; GONZÁLEZ, G.; FUENTES, V.; CAÑIZARES, J. Genetic resources of guava (*Psidium guajava*) in Cuba: germplasm characterization and breeding. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 849, p. 341-348, 2010.

ROHLF, F.J. Morphometrics. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Palo Alto, v.21, p.299-316, 1990.

SÁNCHEZ-TEYER, L. F.; BARRAZA-MORALES, A.; KEB, L.; BARREDO, F.; QUIROZ-MORENO, A.; O'CONNORSÁNCHEZ, A.; PADILLA-RAMÍREZ, J.S. Assessment of genetic diversity of mexican guava germplasm using DNA molecular markers. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 849, p. 133-138, 2010.

SANTOS, M. A. C. dos; QUEIROZ, M. A. de; SANTOS, A. da S.; SANTOS, L. C. dos; CARNEIRO, P. C. S. Diversidade genética entre acessos de araçá de diferentes municípios do semiárido baiano. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 27, n. 2, p. 48–57, 2014.

VALDÉS-INFANTE, J.; RODRÍGUEZ-MEDINA, N.N.; ALOR, M. B.; ORTÍZ-GARCÍA, M. M.; MORENO, A. Q.; TEYER, L. F. S.; RISTERUCCI, A. M.; ROHDE, W. Microsatélites desarrollados en guayabo (*Psidium guajava* L.) y su utilidad para evaluar diversidad en la familia Myrtaceae. **Revista Colombiana de Biotecnología**, Bogotá, v. 12, n. 1, p. 64–76, 2010.

VALDÉS-INFANTE, J.; RODRÍGUEZ, N. N.; BECKER, D.; VELÁZQUEZ, B.; SOURD, D.; ESPINOSA, G.; ROHDE, W. Caracterización por microsatélites de la colección de germoplasma de guayabo (*Psidium guajava* L.) en Cuba. **Cultivos Tropicales**, San José de las Lajas, v. 28, n. 3, p. 61–67, 2007.

WALTER, B. M. T. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal**: coleta de germoplasma. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 15p. (Documentos, 309).



**12º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2018**  
**01 a 03 de agosto de 2018 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-145-5**

XAVIER, G. R.; MARTINS, L. M. V.; RUMJANEK, N. G.; FREIRE FILHO, F. R. Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 4, p. 353–359, 2005.