

Universidade de Brasília Instituto de Biologia Tópicos em Zoologia 2

Padrão de distribuição espacial de galhas em folhas de *Psidium laruotteanum* Cambess (Myrtaceae)

Ana Carolina Martins Ferreira / 170119891
Débora Silva Tonelli / 160080011
Edgar Sampaio de Barros / 160005213
Roberto Júnio / 170044696
Veida Raquel Meireles Pierre / 150150628

1. Introdução

A espécie arbórea *Psidium laruotteanum*, conhecida popularmente como araçá-cascudo, é uma planta ocorrente na fitofisionomia vegetal de Cerrado *stricto sensu*, pertencente à família Myrtaceae. Amplamente distribuída no Brasil, é encontrada nas regiões Centro-Oeste, Sudeste e Sul (BEZERRA et al., 2016). Com troncos de até 23 centímetros de diâmetro, essa espécie é caracterizada pelas folhas coriáceas, pilosas ou glabras que comumente apresentam galhas globosas avermelhadas nas folhas senescentes (adaptação da descrição de Silva-Júnior, 2005).

As galhas, também chamadas de cecídias, são células, tecidos ou órgãos de plantas formadas por hipertrofia (aumento do tamanho da célula) ou hiperplasia (multiplicação da célula), em consequência da interação interespecífica com patógenos presentes nesses organismos. Sua ocorrência é comum, e pode aparecer em qualquer parte da planta, sendo mais encontrada na estrutura foliar. As galhas são produzidas geralmente por nematelmintos, ácaros, aranhas, insetos, bactérias e fungos, entre outros, e caracteriza-se pelo crescimento anormal de tecidos vegetais (FERNANDES et al., 1988).

As galhas entomógenas são as mais comuns, sendo formadas devido a interação interespecífica entre a planta e inseto. Assim, tanto elas, quanto os insetos grelhadores, são consideradas bioindicadores de qualidade ambiental. Além disso, apresentam grande importância para a agricultura, devido aos prejuízos causados nas espécies vegetais cultivadas (SANTOS et al., 2012).

Quanto à organização das galhas nas estruturas vegetais, existem três padrões possíveis em que elas podem se distribuir (KREBS, 1999). O padrão aleatório é aquele onde a presença de uma galha não influencia na presença da outra. Já na distribuição uniforme, a localização dessas estruturas estão associadas, apresentando distâncias semelhantes entre elas. Por último, pode-se encontrar o padrão agregado, onde as galhas se encontram agrupadas em um espaço.

Assim, o presente trabalho tem como objetivo analisar os padrões de distribuição das galhas em folhas de *P. laruotteanum*, localizadas em uma área de Cerrado, analisando se os dados seguem distribuição estatística de Poisson.

Material e métodos

O referente estudo foi realizado no dia trinta de abril de 2019, na Universidade de Brasília, em uma pequena área de Cerrado antropizado localizada nas proximidades do Centro Olímpico (-15.760054, -47.859262).

Para a coleta de dados, realizou-se o método de contagem de galhas em folhas de duas árvores de *Psidium laruotteanum* (Figura 1). Em cada planta, cinco ramos foram selecionados, onde contabilizou-se o número de galhas (Figura 2) em cada folha.



Figura 1. Psidium Iaruotteanum no Cerrado stricto sensu



Figura 2. Galhas em folhas de P. laruotteanum

O estudo de distribuição espacial e as análises estatística foram realizadas utilizando o *software* R Studio. Os *scripts* criados para as análises estão descritos abaixo.

2.1 Script das galhas da árvore 1

#Usamos a função Import Dataset para importar a planilha excel Galhas - arvore-1.xlsx

```
View(Galhas_arvore_1)
galhas=Galhas_arvore_1
View(galhas)
```

#Instale o pacote vcd para poder usar a funcao goodfit: instalamos o pacote usando a função install.packages("vcd")

#Calcular media para gerar distribuicao esperada meangalhas <- sum(galhas\$numgalhas*galhas\$Freq)/sum(galhas\$Freq)

```
#Calcular frequencias esperadas
galhaesper <- dpois(0:30, lambda = meangalhas)
View(galhaesper)
```

#Calcular a soma das probabilidades de 1 a 30 prob1a30 <- sum (galhaesper)

#resultado deu 1 ou seja todas as freqs contempladas folhastotal <- sum(galhas\$Freq)
View(folhastotal)

#Calcular numero esperado de galhas em folhas galhasnumesp <- galhaesper * folhastotal

```
View(galhasnumesp)
#Juntar no mesmo dataframe os valores observados e esperados
galhasobsesp <- data.frame(galhas,galhasnumesp)</pre>
options("scipen"=100, "digits"=4)
View(galhasobsesp)
#Plotar os valores observados e esperados
plot(galhasobsesp$numgalhas,galhasobsesp$Freq, col="blue", ylab = "Número de
Folhas", xlab = "Número de Galhas")
points(galhasobsesp$numgalhas,galhasobsesp$galhasnumesp, col="red")
#Juntar as classes com frequencia menor do que 5 para poder fazer um
qui-quadrado
galhasobsesp$grupo <- cut(galhasobsesp$numgalhas, breaks = c(0,1,2,3,31), right
= FALSE, labels = c("0","1","2","3 ou mais"))
galhasobsesp
View(galhasobsesp)
#Criar os novos grupos com a soma das classes
galhaobsgrupo <- tapply(galhasobsesp$Freq, galhasobsesp$grupo, sum)</pre>
galhaobsgrupo
galhaespgrupo <- tapply(galhasobsesp$galhasnumesp, galhasobsesp$grupo, sum)
galhaespgrupo
#Montar a tabela do qui-quadrado
tblobsesp = table(galhaobsgrupo, galhaespgrupo)
View(tblobsesp)
#Fazer o qui-quadrado
chisq.test(tblobsesp)
#Resultado:
```

```
#
      Pearson's Chi-squared test
#
      data: tblobsesp
#
      X-squared = 12, df = 9, p-value = 0.2
#Logo p>0,05, então aceito H0 e a distribuição é normal.
#resultado do qui-quadrado foi nao significativo
#unlist galhas para usar o goodfit
galhasnum <- unlist(galhas$numgalhas)</pre>
galhasfolh <- unlist(galhas$Freq)
galhasunlist <- data.frame(galhasnum, galhasfolh)
galhasunlist
View(galhasunlist)
result= goodfit(galhasunlist, type="nbinomial")
summary(result)
       Goodness-of-fit test for nbinomial distribution
#
#
          X<sup>2</sup> df
#
#Likelihood Ratio 312.7 6
#
                                          #P(> X^2)
#Likelihood Ratio
#Para análise da razão média/variância importar Dataset da planilha "Arvore_1"
#Visualização da planilha com os dados brutos da árvore 1
View(Arvore_1)
mean(Arvore_1$`N° de galhas por folha`)/var(Arvore_1$`N° de galhas por folha`)
#O resultado obtido da razão foi: 0,0610788
```

2.2 Script das galhas da árvore 2

#Import Dataset da planilha "Galhas_arvore_2.xlsx"
#Visualização da planilha com dados da árvore 2

```
View(Galhas arvore 2)
galhas=Galhas arvore 2
View(galhas)
#Instale o pacote vcd para poder usar a funcao goodfit: instalamos o pacote usando
a função install.packages("vcd")
#Calcular media para gerar distribuicao esperada
meangalhas <- sum(galhas$numgalhas*galhas$totalfolhas)/sum(galhas$totalfolhas)
#Calcular frequencias esperadas
galhaesper <- dpois(0:30, lambda = meangalhas)
View(galhaesper)
#Calcular a soma das probabilidades de 1 a 30
prob1a30 <- sum (galhaesper)</pre>
#resultado deu 1 ou seja todas as fregs contempladas
folhastotal <- sum(galhas$totalfolhas)
View(folhastotal)
#Calcular numero esperado de galhas em folhas
galhasnumesp <- galhaesper * folhastotal
View(galhasnumesp)
#Juntar no mesmo dataframe os valores observados e esperados
galhasobsesp <- data.frame(galhas,galhasnumesp)</pre>
options("scipen"=100, "digits"=4)
View(galhasobsesp)
#Plotar os valores observados e esperados
plot(galhasobsesp$numgalhas,galhasobsesp$totalfolhas, col="blue", ylab = "Número
de Folhas", xlab = "Número de Galhas")
points(galhasobsesp$numgalhas,galhasobsesp$galhasnumesp, col="red")
```

```
#Juntar as classes com frequencia menor do que 5 para poder fazer um
qui-quadrado
galhasobsesp$grupo <- cut(galhasobsesp$numgalhas, breaks = c(0,1,2,3,31), right
= FALSE, labels = c("0","1","2","3 ou mais"))
galhasobsesp
View(galhasobsesp)
#Criar os novos grupos com a soma das classes
galhaobsgrupo <- tapply(galhasobsesp$totalfolhas, galhasobsesp$grupo, sum)
galhaobsgrupo
galhaespgrupo <- tapply(galhasobsesp$galhasnumesp, galhasobsesp$grupo, sum)
galhaespgrupo
#Montar a tabela do qui-quadrado
tblobsesp = table(galhaobsgrupo, galhaespgrupo)
View(tblobsesp)
#Fazer o qui-quadrado
chisq.test(tblobsesp)
#Resultado:
#
             Pearson's Chi-squared test
      data: tblobsesp
#
      X-squared = 12, df = 9, p-value = 0.2
#
#Logo p>0,05, então aceito H0 e a distribuição é normal.
#resultado do qui-quadrado foi nao significativo
#unlist galhas para usar o goodfit
galhasnum <- unlist(galhas$numgalhas)</pre>
galhasfolh <- unlist(galhas$totalfolhas)</pre>
galhasunlist <- data.frame(galhasnum, galhasfolh)</pre>
```

```
galhasunlist
View(galhasunlist)
result= goodfit(galhasunlist, type="nbinomial")
summary(result)
#
      Goodness-of-fit test for nbinomial distribution
#
#
                X<sup>2</sup> df
                               P(> X^2)
#Likelihood Ratio 107.9 7 0.00000000000000000002532
#Para análise da razão média/variância importar Dataset da planilha "Arvore_2"
#Visualização da planilha com os dados brutos da árvore 2
View(Arvore_2)
mean(Arvore_2$`N° de galhas por folha`)/var(Arvore_2$`N° de galhas por folha`)
#O resultado obtido da razão foi: 0.07136388
      2.3 Script de histogramas
      Importamos os dados do Excel, em forma de tabelas, com os respectivos
números de galhas em cada árvore, para o R e fizemos dois histogramas.
Árvore 1:
table(Arvore_1)
HistogramaArvore1=table(Arvore 1)
```

barplot(HistogramaArvore1,main="Histograma de Galhas da Árvore

1",xlab="Número de galhas",ylab="Número de folhas")

Árvore 2:

table(Arvore 2)

HistogramaArvore2=table(Arvore_2)

barplot(HistogramaArvore2,main="Histograma de Galhas da Árvore 2",xlab="Número de galhas",ylab="Número de folhas")

2. Resultados

O teste qui-quadrado utilizado para comparação entre a frequência observada com a esperada a partir dos dados da árvore 1 apresentou como resultado o valor 312.7, e na árvore 2 obteve-se o valor 107.9.

Além de possibilitar a comparação entre duas ou mais amostras, esse método possibilita analisar a significância de associação entre duas variáveis. A estatística do teste X² (qui-quadrado), mede a diferença entre as frequências observadas e as que são esperadas encontrar em cada célula (intersecção da linha com a coluna de uma tabela de contingência), supondo-se que as variáveis sejam independentes. No entanto, para utilizar esse teste como referência se faz necessário que as amostras sejam grandes (BARBETTA, 2004), o que não corresponde com nosso número amostral.

Ademais, o teste de qui-quadrado não consegue calcular com eficiência dados com altas frequências de zero. Procurando corrigir esses dois empecilhos (número amostral baixo e amostra com alta frequência de zero) agregamos às amostras em grupos de folhas com zero galhas, folhas com uma galha, folhas com duas galhas e folhas com três galhas ou mais, isso permitiu executarmos o teste.

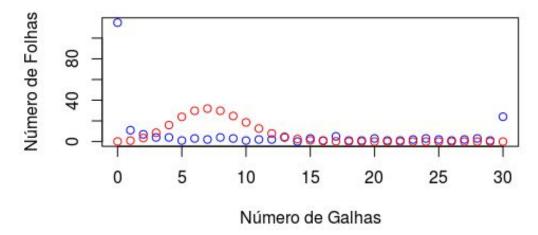


Figura 3. Número de galhas esperadas (em vermelho) e observadas (em azul) em folha da árvore 1 de *P. laruotteanum*

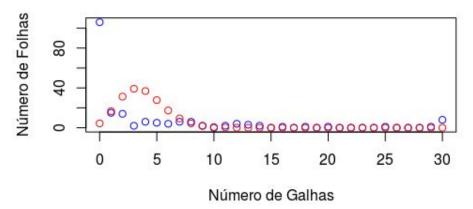
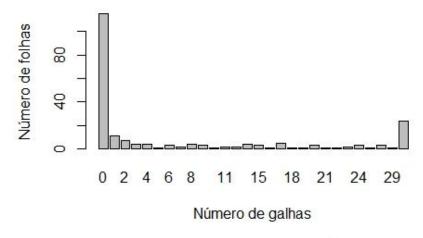


Figura 4. Número de galhas esperadas (em vermelho) e observadas (em azul) em folha da árvore 2 de *P. laruotteanum*

Nas Figuras 3 e 4, podemos observar uma discrepância entre os valores de galhas observadas, em azul, e o valor de galhas esperadas por folha, em vermelho.

Histograma de Galhas da Árvore 1



Histograma de Galhas da Árvore 2

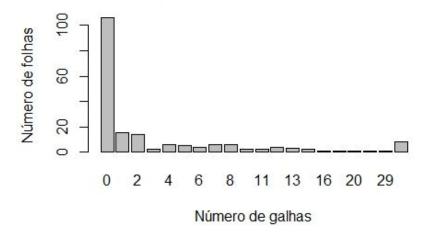


Figura 5. Histograma de galhas das árvores de P. laruotteanum

Analisando os histogramas da Figura 5, nota-se uma grande concentração da ocorrência de folhas com 0 galha nas duas árvore, além de uma maior aglomeração de folhas com 30 ou mais galhas. Assim, é possível observar uma frequência agregada por meio da leitura gráfica.

Os resultados obtidos com a razão média/variância das árvores 1 e 2 foram respectivamente 0,0610788 e 0.07136388, demonstrando então que as distribuições não são agregadas, visto que, para que essa razão confirmasse uma distribuição agregada seria necessário resultar em 1, pois os valores de média e variância seriam iguais para cada árvore.

3. Discussão e conclusão

Ao usarmos o teste de Pearson's Chi-squared observamos que o Valor de P (p=0,2) é maior que 0,05 (p> 0,05), assim aceitamos H0 (hipótese nula) e chegamos ao resultado de que as galhas seguem a distribuição de poisson (aleatória). Porém, ao analisarmos os histogramas, percebemos que os dados de ambas as árvores aparentam ser agregados, tendo em vista que se tem uma alta frequência de folhas com zero galhas, uma frequência que aumenta com trinta ou mais galhas e uma frequência que se apresenta baixa para demais quantidades de galhas.

Para verificar nossa análise nos baseamos no valor de X² (qui-quadrado). Segundo Barbetta, para que H0 fosse tida como verdadeira, o valor de X² deve-se aproximar de 0, de modo que os valores das frequências esperadas tenderiam às observadas. Tendo em vista que o valor de X² obtido é maior que zero (X²=12), H0 não será verdadeiro, apesar do Valor de P ser maior que 0,05.

Levando isso em consideração, a afirmação de que as galhas seguem uma distribuição de Poisson pode ser errônea devido ao baixo N Amostral (número de amostras), que se apresenta como insuficiente para os cálculos. Com um N Amostral maior, seria possível ter uma resposta mais coerente com a realidade.

Concluímos assim que, a partir das análises dos histogramas, a frequência observada do número de galhas por folhas indica a ocorrência de uma distribuição agregada, apesar da frequência esperada apontar para uma distribuição aleatória.

Além disso, na literatura foi possível encontrar que a distribuição das galhas é agregada tendo em vista a altura de voo de insetos e comportamento de oviposição por fêmeas. Alguns estudos afirmam que as fêmeas de insetos têm preferência por ramos maiores para a deposição dos ovos (WHITHAM, 1978; AHMAN, 1984).

Em pesquisa realizada em área de Mata Atlântica, observou-se um padrão de distribuição de galhas em árvores e lianas respondendo ao gradiente vertical de estratificação vegetal, constatou-se nessa pesquisa que ocorre uma distribuição agregada, sendo as galhas encontradas em alturas entre 9 a 15 m. As galhas apresentam maior abundância em áreas abertas (SILVA et al.).

Não realizamos medições para inferir se os ramos que apresentam maior quantidade de galhas são maiores. No entanto, é provável que o padrão de distribuição agregado tenha ocorrido por um único evento de oviposição, onde muitos ovos foram depositados na porção média do dossel da planta, como observado na Figura 1.

4. Referências bibliográficas

AHMAN, I. 1984. Oviposition and larval performance of *Rhabdophaga terminalis* on *Salix* ssp. with special consideration to bud size of host plants. Entomol. Exp. Appl., 35: 129-136.

BARBETTA, P. A.; REIS, M. M.; BORNIA, A. C. 2004. Estatística para cursos de engenharia e informática. 2ª ed, São Paulo: Atlas, 410p.

BEZERRA, J. E. F.; LEDERMAN, I. E.; SILVA-JUNIOR, J. F.; FRANZON, R. C.; SOUSA-SILVA, J. C.; CAMPOS, L. Z. O.; PROENÇA, C. E. B. 2016. Psidium spp. In: Plantas para o Futuro - Região Centro-Oeste. (VIEIRA, R. F.; CAMILLO, J.; CORADIN, L.) Ministério do Meio Ambiente, Brasília, DF.

FERNANDES, G. W. A.; NETO, E. T.; MARTINS, R. P. 1988. Ocorrência e caracterização de galhas entomógenas na vegetação do campus pampulha da Universidade Federal de Minas Gerais. Rev. Bras. Zool, 5(1): 11-29.

KREBS, C. J. 1999. Ecological Methodology. 2^a ed. Benjamim/Cummings, Menlo Park.

SANTOS, B. B.; RIBEIRO, B. A.; SILVA, T. M.; ARAÚJO, W. S. 2012. Galhas de insetos em uma área de cerrado sentido restrito na região semi-urbana de Caldas Novas (Goiás, Brasil). R. bras. Bioci., 10(4): 439-445.

SILVA, O. V.; BREIER, T. B.; ROCCA, M. A. A.; VALLE, V. Padrões de distribuição de epífilas e galhas em um gradiente vertical. IB, Unicamp. Disponível em https://www2.ib.unicamp.br/profs/fsantos/relatorios/ne313-c6.pdf Acesso em: 24 de Maio de 2019.

SILVA-JUNIOR, M. C. 2005. 100 Árvores do Cerrado: guia de campo. Brasília, DF: Rede de Sementes do Cerrado,. 278 p.

WHITHAM, T. G. 1978. Habitat selection by *Pemphigus aphids* in response to resource limitation and competition. Ecology, 59: 1164-1176.