

Seleção de Descritores Para Caracterização Genética do Cupuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Willd. Ex Spreng.) K. Schum, Através de Análise Multivariada de Componentes Principais

Rafael Moysés Alves^[1], Antônio V. O. Figueira^[2] e Eniel David Cruz^[3]

Introdução

A Região Amazônica é apontada como a única reserva de variabilidade genética do cupuaçuzeiro, uma fruteira nativa dessa região, que apresenta excelente potencial mercadológico. Porém, as populações naturais encontram-se ameaçadas pela ação antrópica promovida por agricultores, madeireiros e pecuaristas. Para tentar minimizar as perdas desse germoplasma, têm sido efetuadas coletas e os acessos ficam conservados em coleções *ex situ*, denominados Banco Ativo de Germoplasma.

A utilização eficiente de um Banco de Germoplasma depende da disponibilidade das informações sobre a diversidade genética nele contida. Para acessar essas informações, uma das alternativas é a caracterização realizada com base em listas, contendo grande número de descritores morfológicos. Porém, devido à complexidade dessas listas, tem havido necessidade de serem identificados, dentre os descritores propostos, aqueles que mais contribuem para explicar a variabilidade, sem ocasionar perdas significantes de informações.

Este trabalho teve por objetivo selecionar, a partir de 53 variáveis botânico-agronômicas, aquelas mais importantes para constituir uma lista mínima de descritores para ser utilizada na caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro.

Material e Métodos

Foram empregadas variáveis de folha (14), flor (18), fruto (16) e caracteres agronômicos (5). Para avaliá-los, foram utilizados 31 acessos (clones) que compõem parte do BAG de cupuaçuzeiro, coleção - Belém. Para realizar o descarte das variáveis menos informativas, utilizaram-se a metodologia de análise multivariada por componentes principais. Foram realizadas, inicialmente, quatro análises de componentes principais, uma para cada conjunto de variáveis. Procedeu-se o primeiro descarte de variáveis, dentro de cada conjunto, em que, provavelmente, as variáveis deveriam estar mais fortemente correlacionadas. As variáveis pré-selecionadas foram reanalisadas conjuntamente, e então procedida última análise, para o descarte final.

Foram adotados dois critérios para descarte. O primeiro consistiu em descartar a variável de maior coeficiente (autovetor), em cada componente com autovalor menor que 0,70, conforme as proposições de Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979), que denominaram método I. O segundo, foi uma adaptação da estratégia adotada por Cury (1993) e Dias (1994), em que a cada caráter descartado, era realizada nova análise com os caracteres remanescentes, sendo obtidos os novos autovalores. Nesta pesquisa, porém, adotou-se o mesmo critério do método anterior, para determinar o número de variáveis que seriam descartadas. Esse segundo método foi denominado método II.

Assim, de posse dos dois resultados, o descarte era realizado somente quando a variável era indicada para descarte pelos dois critérios. Esse critério de seleção foi chamado método Misto.

Foram efetuadas estimativas dos coeficientes de correlação entre as variáveis dentro dos quatro grupos, bem como correlações entre os componentes principais do grupo original e cada grupo selecionado par, através de 29 descritores, a verificar a eficiência do descarte. Com base nas variáveis selecionadas estimou-se estimada a divergência genética entre os acessos, sendo utilizada a distância Euclidiana média padronizada e o agrupamento dos acessos, visualizado pelo método hierárquico das ligações médias não ponderadas - UPGMA.

Após essa fase, as variáveis selecionadas foram submetidas à última análise por componentes principais, sendo novamente verificada a eficiência de descarte para a obtenção da lista mínima de descritores para caracterização do cupuaçuzeiro.

Resultados e Discussão

Os resultados demonstraram que, com base nas análises preliminares, foram pré-selecionadas 29 variáveis que constituíram o conjunto pré-selecionado, o que representou um descarte de 45% em relação as variáveis utilizadas originalmente. Esse conjunto foi também utilizado nos estudos de divergência genética entre os acessos do BAG de cupuaçuzeiro.

As variáveis pré-selecionadas foram: **Folha** - LLTOPO – largura no topo do limbo; CPF - comprimento do pecíolo foliar; EL - espessura do limbo; CA - comprimento do acume; LA – largura do acume; ANB - angulação das nervuras da base; DN - distância entre nervuras; **Flor** - CBE - comprimento do botão estriado; TFL - tamanho da flor, CP - comprimento do pedúnculo; DP - diâmetro do pedúnculo; CLP - comprimento das lâminas das pétalas; CES - comprimento dos estaminóides; CE - comprimento do estilete; DO - diâmetro do ovário; NO - número de óvulos; VGP - viabilidade dos grãos de pólen; **Fruto** - DL - diâmetro longitudinal; PCA - peso da casca; ECA - espessura de casca; DTS - diâmetro transversal da semente; SN - número de sementes normais; SC - número de sementes chochas (abortadas); AC - Acidez; BRIX – brix; PH - pH; **Agronômicos** - BOTAO - número de botões caídos ao solo; FRUIMA - número de frutos imaturos caídos precocemente; e NV - número de vassoura-de-bruxa produzida.

Para a obtenção da lista mínima de descritores de cupuaçuzeiro, realizou-se última análise de componentes principais, com base nessas 29 variáveis, considerando-as conjuntamente, seguindo o mesmo procedimento metodológico da etapa anterior.

Foi possível observar que, nessa segunda etapa, ainda houve possibilidade de descartar mais 10 variáveis, que apresentavam redundância intergrupo. A taxa de descarte final foi, portanto, de 64% do total de descritores propostos inicialmente.

Após os dois ciclos de seleção, a lista mínima ficou então composta por 19 descritores a saber: **Folha** (4) - CPF, EL, LA, ANB; **Flor** (7) - CBE, CP, DP, DO, NO, CLP, CE; **Fruto** (5) - DTS, SC, AC, BRIX, PH; **Agronômicos** (3) - BOTAO, FRUIMA e NV.

As relações genéticas entre os acessos podem ser visualizadas na Fig. 1. Com base nesse dendrograma foi possível observar a distribuição da variabilidade existente dentro do Banco Ativo de Germoplasma, bem como identificar os acessos mais similares e mais distantes.

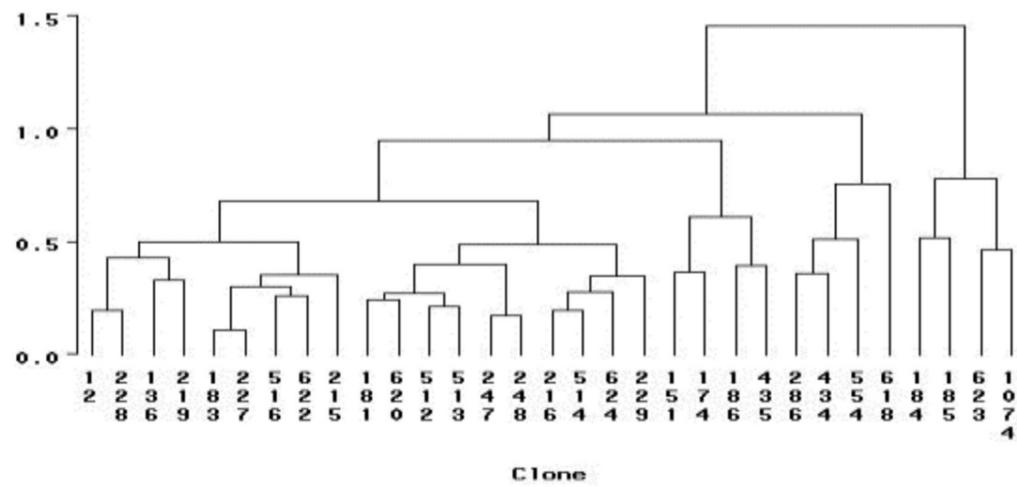


Fig. 1 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA, entre 31 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de cupuaçuzeiro - Belém. PA.

Conclusão

Definiu-se uma lista mínima de descritores botânico agrônômicos para ser usada na caracterização do cupuaçuzeiro. O estudo de divergência fenética entre os acessos permitirão nortear o direcionamento de novas coletas e orientar na escolha dos parentais a serem utilizados no programa de cruzamentos para produção de híbridos e retrocruzamentos.

Referências Bibliográficas

- CURY, R. **Dinâmica evolutiva e caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura autóctone do sul do Estado de São Paulo**. 1993. 103f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- DIAS, L .A. S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. **Applied Statistics**, v.21, n.2, p. 160-173, 1972.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II: Real data. **Applied Statistics**, v.21, n.1, p. 21-31, 1973.
- MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 520p.

[1] Eng. Agrônomo, M.Sc., Pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental, Doutorando da Universidade de São Paulo, ESALQ, Departamento de Genética. E-mail: ralves@esalq.usp.br

[2] Universidade de São Paulo, CENA, Lab. Melhoramento de Plantas, C. Postal 96, CEP13.400-970, Piracicaba, SP.

[3] Eng. Agrônomo, M.Sc., Pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental, C. Postal, 48, CEP 66.017-970, Belém, PA.