

## AGRUPAMENTO DE JENIPAPEIROS DE QUATRO PROCEDÊNCIAS DO RECÔNCAVO BAIANO

Cássia da Silva Sousa<sup>1</sup>, Simone Alves Silva<sup>2</sup>, Ricardo Franco Cunha Moreira<sup>2</sup>, Carlos Alberto da Silva Ledo<sup>3</sup>, Luiz Marcos da Silva Matos<sup>4</sup>, Carlos Magno Marques de Souza<sup>4</sup>, Luciel dos Santos Fernandes<sup>4</sup>, Diego dos Santos Carvalho<sup>5</sup>

### Resumo

O objetivo deste estudo foi avaliar a dissimilaridade genética de caracteres silviculturais de jenipapeiros procedentes de quatro municípios do Recôncavo Baiano, através da técnica de agrupamento. Os caracteres silviculturais avaliados foram diâmetro a 1,30 m de altura do solo (dap); altura total (HT); altura do fuste (HF); área basal (AB); qualidade do fuste (QF); iluminação de copa (IC) e qualidade de copa (QC) em 50 genótipos de jenipapeiro, nos municípios de Cruz das Almas, Sapeaçu, Governador Mangabeira e Cabaceiras do Paraguaçu. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento utilizando o algoritmo de Gower. Houve a formação de dois grupos considerando as procedências dos jenipapeiros: o primeiro constituído por árvores procedentes de Cruz das Almas, Sapeaçu e Governador Mangabeira e o segundo por Cabaceiras do Paraguaçu.

### Introdução

O jenipapo é uma árvore caducifólia, alta, de copa grande e arredondada, de até 20 m de altura, tronco geralmente reto, casca pouco espessa, lisa, de cor verde acizentada, com diâmetro de 20 a 40 cm, ramificação abundante e verticilada (SOUZA, 1996; MARTINS et al., 2002).

A espécie consiste em uma boa opção para os pequenos agricultores, tanto pela madeira como pelos frutos de valor comercial. Também é utilizada na arborização urbana e na medicina popular (Costa et al., 2005). Na produção de cosméticos, tinturas, carvão e para fins madeireiros, ornamentais e alimentícios (SALOMÃO & PADILHA, 2006).

O estudo silvicultural do jenipapeiro é extremamente atraente principalmente pela espécie ser utilizada na recuperação de áreas degradadas, florestamento e exploração da madeira para fins industriais. Segundo Tonini et al. (2005), espécies nativas como o jenipapeiro, deixam de ser estudadas por não conseguirem despertar interesse equivalente, na maioria das vezes, pela inexistência de informações relativas a sua ecologia, silvicultura e biometria.

Santos et al. (2007) ressalta que a estimativa da dissimilaridade genética no jenipapeiro, poderá ser de extrema importância na identificação de genitores, destinados aos cruzamentos e na identificação de genitores com máxima similaridade para propagação vegetativa, resultando em populações com desenvolvimento vegetativo uniforme e sem que a base genética seja restrita a uma única fonte.

A análise de agrupamento, permite reunir, por algum critério de classificação, os genitores em grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ, 1990).

O algoritmo de Gower (1971) permite a análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas, fornece uma matriz semi-definida positiva e está disponível tanto no programa SAS (Mumm e Dudley, 1995), como em um software de acesso livre, designado como "R" (R Development Core

<sup>1</sup> Doutoranda em Biologia Vegetal e produtividade das plantas cultivadas, Università Degli Studi de Milano, Milano, Itália, CEP 20122. E-mail: [agrocal2004@yahoo.com.br](mailto:agrocal2004@yahoo.com.br)

<sup>2</sup> . Professor Adjunto do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, CEP 44380-000. E-mail: [sas@ufpb.edu.br](mailto:sas@ufpb.edu.br)

<sup>3</sup> Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, BA, CEP 44380-000. E-mail: [ledo@cnpmf.embrapa.br](mailto:ledo@cnpmf.embrapa.br)

<sup>4</sup> Estudante de graduação do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, CEP 44380-000. E-mail: [agrocal2004@yahoo.com.br](mailto:agrocal2004@yahoo.com.br)

<sup>5</sup> Estudante de pós-graduação do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, CEP 44380-000. E-mail: [diegoagrufba@yahoo.com.br](mailto:diegoagrufba@yahoo.com.br)

Apoio financeiro: CAPES.

Team, 2006). Tal técnica apresenta como vantagem a geração de informações mais abrangentes da diversidade genética disponível em um banco genético (GONÇALVES et al., 2009).

O presente estudo teve como objetivo avaliar a dissimilaridade genética de jenipapeiros procedentes de quatro regiões do Recôncavo Baiano, através da análise de agrupamento, com base no algoritmo de Gower.

## Material e Métodos

Os dados dos caracteres silviculturais foram coletados em 50 genótipos de jenipapeiros procedentes de Cruz das Almas, Sapeaçu, Governador Mangabeira e Cabaceiras do Paraguaçu.

Os caracteres avaliados foram o diâmetro a 1,30 m de altura do solo (*dap*), altura total (HT), altura do fuste (HF), área basal (AB), qualidade do fuste (QF), iluminação de copa (IC) e qualidade de copa (QC), conforme classificação estabelecida por AMARAL et al., (1998).

Uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos foi realizada para determinação da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

em que K é o número de variáveis ( $k = 1, 2, \dots, p$  = número total de características avaliadas); i e j dois indivíduos quaisquer;  $W_{ijk}$  é um peso dado a comparação  $ijk$ , atribuindo valor 1 para comparações válidas e valor 0 para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos);  $S_{ijk}$  é a contribuição da variável k na similaridade entre os indivíduos i e j, ele possui valores entre 0 e 1. Para uma variável nominal, se o valor da variável k é a mesma para ambos os indivíduos, i e j, então  $S_{ijk} = 1$ , caso contrário, é igual a 0; para uma variável contínua  $S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k$  onde  $x_{ik}$  e  $x_{jk}$  são os valores da variável k para os indivíduos i e j, respectivamente, e  $R_k$  é a amplitude de variação da variável k na amostra. A divisão por  $R_k$  elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo [0, 1] e pesos iguais.

O agrupamento hierárquico foi obtido pelo método de UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (Sokal e Rohlf, 1962).

O programa estatístico utilizado foi o R (R Development Core Team, 2006) para a análise de distância genética, agrupamentos hierárquicos e de correlação cofenética. A significância da correlação cofenética foi calculada pelos testes t e de Mantel (1000 permutações) no programa estatístico Genes (CRUZ, 2008).

## Resultados e Discussão

Na análise de agrupamento, verificou-se a formação de apenas dois grupos pelo método de cluster com base no algoritmo de Gower para as procedências dos jenipapeiros avaliados (Figura 1).

Os jenipapeiros procedentes de Cruz das Almas, Sapeaçu e Governador Mangabeira formaram o primeiro grupo. O segundo grupo foi formado pelos jenipapeiros procedentes de Cabaceiras do Paraguaçu. Hansen et al. (2007) avaliando a dissimilaridade genética dos caracteres físicos de frutos de jenipapeiros, observou a ocorrência de indivíduos de diferentes procedências dentro do mesmo grupo, dando indicativo de comportamento semelhante.

A distância de ligação entre os grupos foi de aproximadamente 0,46 e o coeficiente de correlação cofenética foi de 0,75\* significativo a 5% pelo teste de Mantel com 1000 permutações. Segundo

Sokal e Rohlf (1962) valores de correlação cofenética igual ou acima de 0,80 são considerados satisfatórios quando correlacionam matriz de distância e a matriz de agrupamento. Entretanto, valores de coeficiente de correlação cofenética abaixo de 0,80 foram observados por Bonato et. al., (2006) avaliando a similaridade genética em plantas de soja cultivadas e lançadas no Brasil.

Recomenda-se o cruzamento de jenipapeiros com comportamento superior dos diferentes grupos com a finalidade de obtenção de ganhos genéticos. Silva et al. (2007) ressalta que o cruzamento de indivíduos que apresentam elevada distância genética possibilita selecionar genitores, formando populações de interesse para o melhoramento, assumindo que genótipos superiores e geneticamente dissimilares têm grande probabilidade de originarem populações com ampla variabilidade genética.

## Conclusões

Existe variabilidade genética entre as procedências dos jenipapeiros avaliados.

Houve a formação de dois grupos considerando as procedências dos jenipapeiros: o primeiro constituído por árvores procedentes de Cruz das Almas, Sapeaçu e Governador Mangabeira e o segundo por Cabaceiras do Paraguaçu.

## Referências

AMARAL, P.; VERÍSSIMO, A; BARRETO, P; VIDA, E. *Floresta para sempre: um manual para a produção de madeira na Amazônia*. Belém: 1998. 155 p.

BONATO, A.L.V; CALVO, E.S; GERALDI, I.O; ARIAS, C. A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. *Genetics and Molecular Biology*, São Paulo, v. 29, n. 4, p.692-704. 2006 .

COSTA. M. C.; ALBUQUERQUE, M. C. F.; COELHO, M. F. B. Substratos para produção de mudas de jenipapo (*Genipa Americana* L.) *Pesquisa Agropecuária Tropical*. Goiânia, v.35, n. 1, p. 19-24, 2005.

CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. 1990. 188f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C.D. *Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 2008.

GONÇALVES, L. S. A. RODRIGUES, R ; AMARAL JUNIOR, A. T ; KARASAWA, M; SUDRÉ, C.P. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v. 8, n. 1, p. 364-374, 2009.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, Arlington, v. 27, n. 4, p. 857-874. 1971.

HANSEN, D.S; SILVA, S.A; FONSECA, A.A.O; SALDANHA, R.B; SILVA, S.M.P.C; GARCIA, F.R. Jenipapeiros nativos do Recôncavo Baiano: Dissimilaridade e caracterização física dos frutos. *Magistra*, Cruz das Almas-BA, v.19, n. 4, p. 359-366, 2007.

MARTINS, L; COUTINHO, E. L; PANZANI, C. R; XAVIER, N. J. D. *Fruteiras nativas do Brasil e exóticas*, Campinas, CATI, 1 p. p.112, 2002.

MUMM R. H and DUDLEY J. W. A PC SAS computer program to generate a dissimilarity matrix for cluster analysis. *Crop Science*. 35: 925-927, 1995.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. *A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2006.

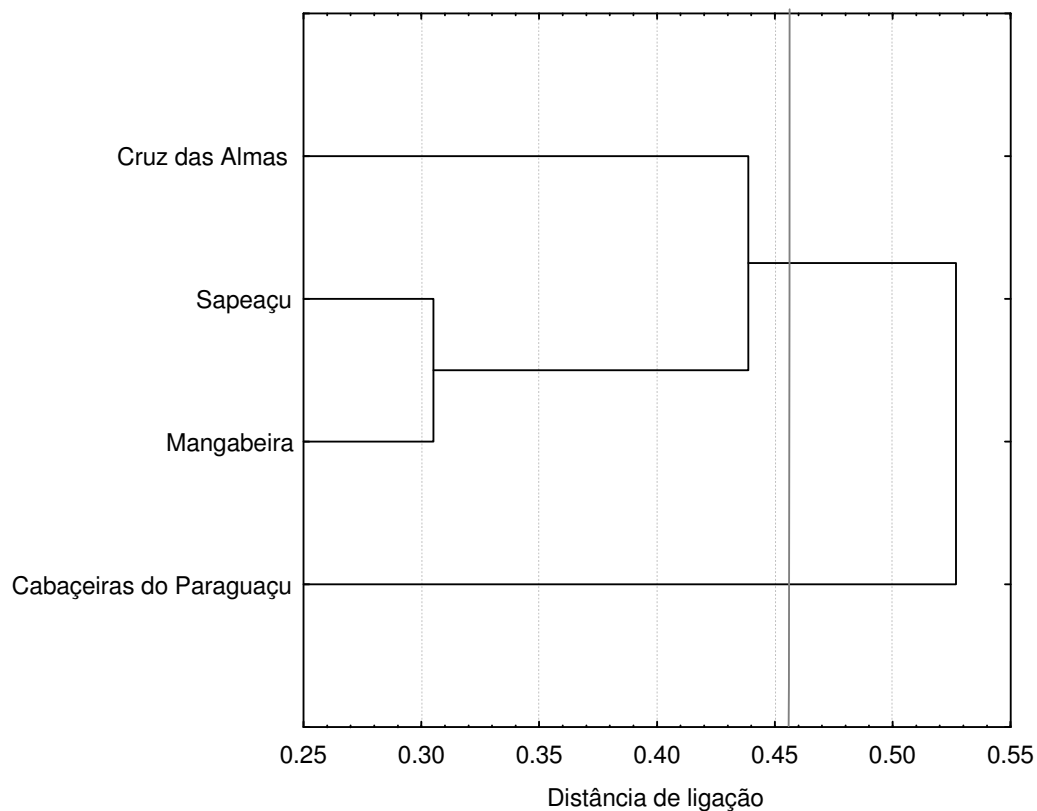
SALOMÃO, A. N; PADILHA, L. S. *Avaliação preliminar da germinabilidade e da micoflora associada às sementes de Genipa americana em diferentes estágios de maturação*. Circular técnica. Brasília, DF, 9p. 2006.

SANTOS, R. O. S; Dantas, A. C. V. L; Fonseca, A. A. O; Silva, S. A; Lordelo, L. S; Santos, K. V. Dispersão da variabilidade fenotípica de jenipapeiros de Cruz das Almas, Bahia. *Magistra*, Cruz das Almas-BA, v. 19, n. 4, p. 337-345, 2007.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, Utrecht, v.11, n. 2, p.33-40, 1962.

SOUZA, A. das G. C. de.; et al. *Fruteiras da amazônia*. Brasília: Embrapa-SPI; Manaus: EMBRAPA-CPPA, 1996. 204p.

TONINI, H; ARCO-VERDE, M. F; SA, S. P. P. Dendrometria de espécies nativas em plantios homogêneos no estado de Roraima: andiroba (*Carapa guianensis* Aubl), castanha-do-Brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpl.), ipê-roxo (*Tabebuia avellanedae* Lorentz ex Griseb) e jatobá (*Hymenaea courbaril* L.). *Acta Amazônica*. [online]. 2005, v. 35, n. 3, pp. 353-362.



**Figura 1.** Dendrograma obtido a partir de caracteres silviculturais de jenipapeiros de quatro procedências do Recôncavo Baiano. Recôncavo Baiano, 2009.