

Julho e Agosto de 1999

VOL. XLVI | Nº 266

Viçosa – Minas Gerais

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM
Eucalyptus camaldulensis DEHNH, POR MEIO DA
ANÁLISE MULTIVARIADA¹**

Carlos Alberto Scapim²

Ismael Eleotério Pires³

Cosme Damião Cruz³

Antônio Teixeira do Amaral Júnior²

Alessandro de Lucca e Braccini²

Valter Rodrigues Oliveira²

1. INTRODUÇÃO

A diversidade genética em um grupo de progenitores tem sido avaliada para a identificação de combinações híbridas com maior efeito heterótico e maior heterozigose, de forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (6). Com esse objetivo, vários estudos têm sido realizados nas mais diferentes culturas: feijão-de-vagem (8), pimentão (9), mandioca (12), cana-de-açúcar (18), milho (5), arroz (11), algodão (3) e cacau (7).

¹ Aceito para publicação em 07.08.1998.

² Departamento de Agronomia, UEM- Maringá, Avenida Colombo, 5790, 87020-900 Maringá-PR.

³ Universidade Federal de Viçosa, 36571-000 Viçosa-MG.

Na predição dessa diversidade genética vários métodos multivariados têm sido aplicados. Dentre eles, destacam-se os métodos aglomerativos e as análises por componentes principais e variáveis canônicas (6).

Os métodos aglomerativos diferem dos demais, em razão de dependerem, fundamentalmente, de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância euclidiana média ou a distância generalizada de Mahalanobis, dentre outras. Já pelos métodos dos componentes principais e da análise canônica, o objetivo é avaliar a similaridade dos progenitores por intermédio de uma dispersão gráfica, em que se consideram, em geral, dois eixos cartesianos (6).

Existem poucos estudos de diversidade genética em *Eucalyptus*, empregando análise multivariada, relatados na literatura, segundo Davidson (1973), citado por XAVIER (19), RESENDE e HIGA (14), RESENDE e HIGA (15) e SCAPIM *et al.* (16). A maioria desses estudos objetivou gerar informações para auxiliar no processo de seleção de progênies, bem como na alocação espacial destas no futuro pomar de sementes, na busca de cruzamentos entre as mais divergentes.

Nesse contexto, este trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética entre 30 famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis*, por meio do agrupamento de Tocher, com base na distância euclidiana média, e os procedimentos multivariados dos componentes principais e das variáveis canônicas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Utilizaram-se os dados de um teste de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., de origem de Petford-Queensland e procedência de Brasilândia-MG, com 67 meses de idade, implantado em área da Mannesmann Florestal S.A., no município de Paraopeba, MG. O experimento envolvendo 30 famílias de meios-irmãos, no espaçamento de 3,0 m x 1,5 m e bordadura geral simples, foi disposto no delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições.

A diversidade genética entre as 30 famílias de meios-irmãos foi avaliada em relação a cinco caracteres: diâmetro à altura do peito (cm), altura total (m), volume comercial sem casca ($m^3/\text{árvore}$), volume da casca ($m^3/\text{árvore}$) e densidade básica da madeira (g/cm^3).

Empregaram-se neste estudo os métodos multivariados dos componentes principais, das variáveis canônicas e o método aglomerativo de Tocher fundamentado na distância euclidiana média (6).

A importância relativa de cada característica na diversidade entre as famílias de meios-irmãos foi avaliada com base nas metodologias dos componentes principais.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (4).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferenças significativas entre as médias das famílias de meios-irmãos, a 1% de probabilidade, em todos os caracteres (Quadro 1). Essa variação genética é indicativo da facilidade de discriminação entre as progênes e da possibilidade de melhoramento dessas características e posterior ganho genético por seleção.

Em relação aos coeficientes de variação experimental, nota-se que são valores comumente encontrados em outros artigos científicos sobre *Eucalyptus*, indicando boa precisão experimental (Quadro 1).

QUADRO 1 - Esquema da análise de variância de cinco caracteres avaliados em 30 famílias de meios-irmãos (FMI) de *Eucalyptus camaldulensis*, aos 67 meses de idade, em Paraopeba-MG, 1994

FV	GL	Quadrados médios				
		DAP	AP	VOCOSC	VCASCA	DBÁSICA
Blocos	3	5,953	6,675	0,00113	0,000091	0,00025
FMI	29	2,036*	1,960*	0,00033*	0,000022*	0,00097*
Resíduo	87	0,802	0,623	0,00009	0,0000088	0,00021
Médias		10,160	15,910	0,0511	0,0160	0,5988
C.V. (%)		8,82	4,96	19,56	18,57	2,44

* Significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

DAP - diâmetro à altura do peito (cm); AP - altura da planta (m); VOCOSC - volume comercial sem casca (m³/árvore); VCASCA - volume da casca (m³/árvore); DBÁSICA - densidade básica da madeira (g/cm³).

As famílias 1, 2, 3, 4, 6, 9, 10, 11, 13, 16, 17, 19, 20, 23, 24, 27, 28 e 30 destacaram-se, apresentando médias superiores em pelo menos duas entre as três características mais importantes, ou seja, diâmetro à altura do peito, volume comercial sem casca e densidade básica da madeira (Quadro 2). Todas as famílias apresentaram valores de densidade básica de madeira superiores a 530 kg/m³. A densidade da madeira é uma característica de grande importância, tendo influência significativa na qualidade da celulose (2). Na indústria siderúrgica, madeiras de densidades mais altas resultam

em maior quantidade de carbono por metro cúbico de madeira, com reflexos importantes na produtividade dos altos fornos (1).

QUADRO 2 - Médias de 30 famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* referentes a cinco caracteres florestais, aos

3	11,262 a	17,020 a	0,065 a	0,018 a	0,608 a
4	10,358 a	16,754 a	0,058 a	0,018 a	0,565 b
5	9,808 b	15,925 b	0,048 b	0,013 b	0,596 a
6	10,230 a	16,620 a	0,052 a	0,016 a	0,608 a
7	9,604 b	15,733 b	0,048 b	0,014 b	0,588 a
8	9,520 b	15,816 b	0,044 b	0,013 b	0,588 a
9	11,633 a	16,683 a	0,073 a	0,021 a	0,617 a
10	10,430 a	15,721 b	0,052 a	0,016 a	0,601 a
11	10,571 a	15,600 b	0,052 a	0,019 a	0,610 a
12	9,430 b	14,866 b	0,038 b	0,012 b	0,600 a
13	10,900 a	16,112 b	0,061 a	0,020 a	0,613 a
14	9,320 b	15,554 b	0,043 b	0,014 b	0,600 a
15	9,600 b	14,637 b	0,042 b	0,014 b	0,560 b
16	10,630 a	15,733 b	0,053 a	0,018 a	0,610 a
17	10,266 a	15,720 b	0,048 b	0,017 a	0,600 a
18	8,946 b	15,000 b	0,037 b	0,011 b	0,560 b
19	10,446 a	16,116 b	0,054 a	0,017 a	0,600 a
20	10,925 a	16,650 a	0,062 a	0,017 a	0,600 a
21	9,191 b	15,050 b	0,038 b	0,013 b	0,600 a
22	9,475 b	16,000 b	0,043 b	0,013 b	0,607 a
23	10,833 a	15,625 b	0,050 b	0,016 a	0,621 a
24	10,233 a	16,000 b	0,051 a	0,016 a	0,624 a
25	9,241 b	14,721 b	0,038 b	0,013 b	0,601 a
26	9,725 b	15,887 b	0,046 b	0,013 b	0,606 a
27	10,800 a	16,808 a	0,064 a	0,017 a	0,601 a
28	11,000 a	16,537 a	0,060 a	0,017 a	0,601 a
29	9,000 b	14,700 b	0,040 b	0,013 b	0,605 a
30	10,287 a	15,866 b	0,052 a	0,016 a	0,600 a

*Médias seguidas da mesma letra, em cada coluna, pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o critério de agrupamento de SCOTT-KNOTT (17) a 5% de probabilidade. DAP - diâmetro à altura do peito (cm); AP - altura da planta (m); VOCOSC - volume comercial sem casca (m³/árvore); VCASCA - volume da casca (m³/árvore); DBÁSICA - densidade básica da madeira (g/cm³).

Isso é de fundamental importância, pois na escolha de materiais superiores deve-se levar em consideração tanto o desempenho "per se" quanto suas divergências genéticas. Pelo exposto, conclui-se ser mais adequado recomendar cruzamentos entre indivíduos divergentes, mas que também apresentem médias altas.

O método de agrupamento, comumente empregado no melhoramento genético, é o de otimização proposto por Tocher, citado por RAO (13), aplicado à medida de dissimilaridade da distância euclidiana média. Esse método tem como princípio básico manter a homogeneidade dentro e heterogeneidade entre grupos. Por meio dele, houve a formação de sete grupos (Quadro 3). O padrão de distribuição das famílias nos grupos, ou seja, com concentração de indivíduos no grupo II e os demais dispersos em seis grupos, evidencia a ampla diversidade das famílias. No entanto, de modo geral, interessam ao melhorista apenas as famílias superiores em relação às características mais importantes. Logo, considerando as médias das famílias (Quadro 2) e o agrupamento (Quadro 3), destacam-se no grupo I as famílias 2, 3, 6, 13, 20, 27 e 28; no grupo III as famílias 10, 11, 16, 17, 19 e 30; no grupo IV as famílias 23 e 24; no grupo V as famílias 1 e 4; e no grupo VII a família 9. Sendo as famílias colocadas dentro dos grupos menos divergentes e entre grupos mais divergentes, prioridade deverá ser dada para o intercruzamento de famílias superiores e de grupos distintos.

QUADRO 3 - Agrupamento das 30 famílias de meios-irmãos de <i>Eucalyptus camaldulensis</i> pelo método de Tocher, baseado na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média										
Grupos	Famílias de meios-irmãos									
I	20	28	27	3	2	6	13			
II	25	29	21	12	14	8	22	26	5	7
III	11	16	10	19	17	30				
IV	23	24								
V	1	4								
VI	15	18								
VII	9									

As técnicas de agrupamento, embora eficientes no estabelecimento de grupos de similaridade, não possibilitam reconhecer os grupos mais próximos ou mais distantes, uma vez que, com o agrupamento, as informações em nível de indivíduos são perdidas, restando apenas as médias de grupos. Para obter tal informação, complementa-se a análise de agrupamento com as técnicas multivariadas baseadas na dispersão gráfica: componentes principais e variáveis canônicas (6), por meio das quais a distância relativa dos genótipos pode ser visualizada. A utilização dessas técnicas tem por finalidade proporcionar uma simplificação estrutural dos dados, de modo que a diversidade, influenciada a princípio por um conjunto

n-dimensional ($n =$ número de caracteres no estudo), possa ser avaliada por um complexo bi ou tridimensional, de fácil interpretação geométrica (10).

O resultado, pela técnica das variáveis canônicas, evidenciou que foram necessárias três primeiras variáveis canônicas para explicar mais de 80% da variação total disponível (Quadro 4). Nesse caso, o melhorista tem duas opções: fazer análise tridimensional ou complementar a dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes. Entretanto, a distorção seria grande e a representação gráfica não tão adequada, o que poderia resultar em interpretações equivocadas (6). Em razão disso, a dispersão gráfica não foi realizada.

O resultado, pela técnica dos componentes principais, evidenciou que os dois primeiros componentes principais envolveram mais de 90% da variação total disponível (Quadro 5), sendo seu uso satisfatório em estudos da diversidade genética, por meio da dispersão dos escores em gráficos cujos eixos são os referidos componentes (Figura 1).

QUADRO 4 - Estimativas das variâncias (autovalores, λ), associadas às variáveis canônicas, e respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) de cinco caracteres avaliados em 30 famílias de meios-irmãos (FMI) de *Eucalyptus camaldulensis*

Variáveis canônicas	Variância (autovalor) λ	Variância acumulada (%)	Coeficientes de ponderação associados à importância relativa dos caracteres				
			DAP	AP	VOCOSC	VCASCA	DBÁSICA
VC ₁	1,317	34,149	0,0825	-0,9271	-1,4887	1,9196	0,3423
VC ₂	1,840	66,310	0,0110	-0,3644	1,1514	-0,5821	0,8981
VC ₃	0,651	83,195	0,0080	-0,9106	0,9702	0,5673	-0,3832
VC ₄	0,453	94,940	0,2548	1,1688	-1,9810	1,3460	-0,0920
VC ₅	0,195	100,00	-1,7990	-0,0427	0,9725	0,6332	0,1250

DAP - diâmetro à altura do peito (cm); AP - altura da planta (m); VOCOSC - volume comercial sem casca (m³/árvore); VCASCA - volume da casca (m³/árvore); DBÁSICA - densidade básica da madeira (g/cm³).

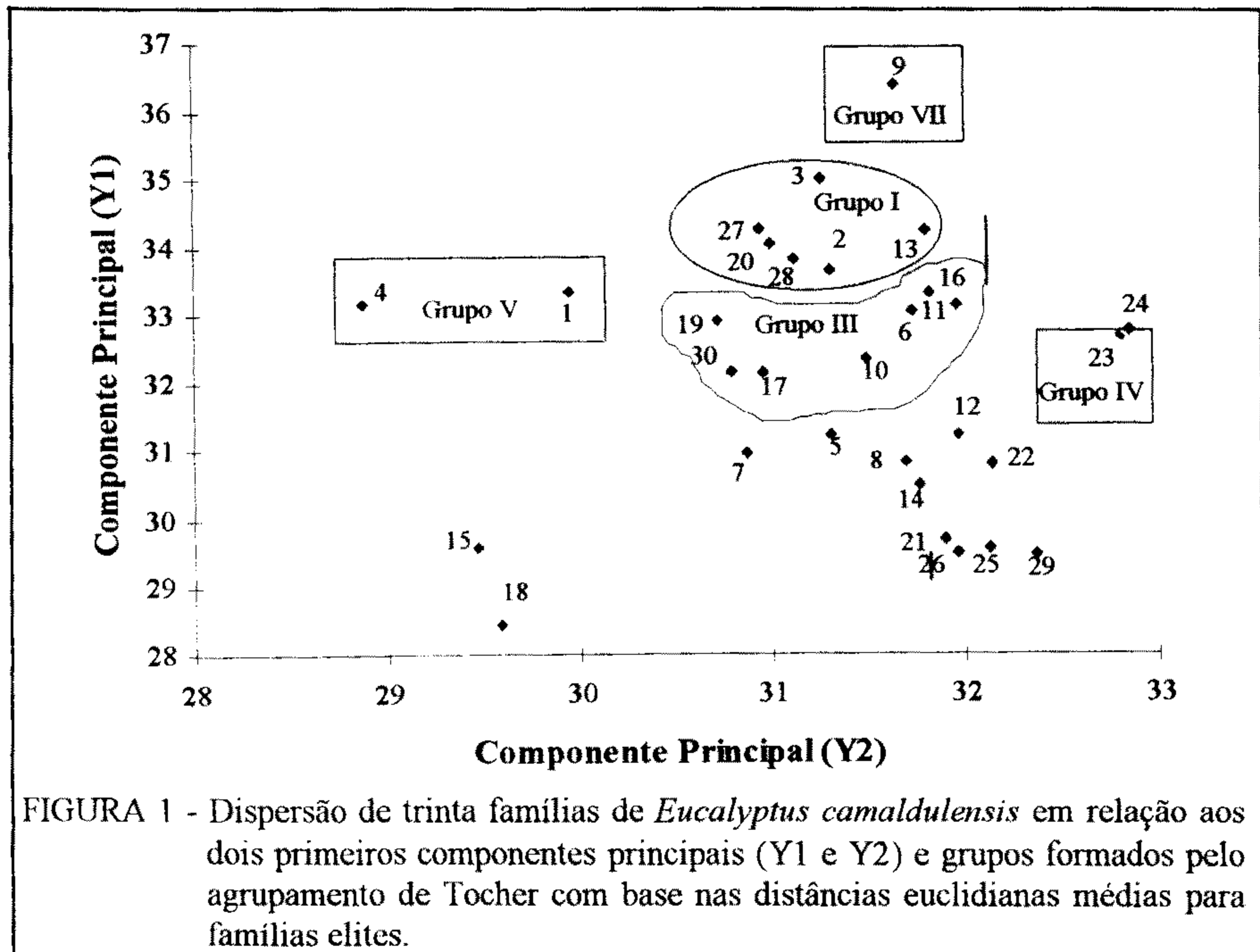
QUADRO 5 - Estimativas das variâncias (autovalores, λ), associadas aos componentes principais, e respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) de cinco caracteres avaliados em 30 famílias de meios-irmãos (FMI) de *Eucalyptus camaldulensis*

Componentes principais	Variância (autovalor) λ	Variância acumulada (%)	Coeficiente de ponderação associado à:				
			DAP	AP	VOCOSC	VCASCA	DBÁSICA
Y1	3,666	73,336	0,5022	0,4540	0,5064	0,4848	0,2230
Y2	0,867	90,686	-0,0397	-0,1653	-0,1627	-0,0811	0,9680
Y3	0,326	97,207	-0,2750	0,8073	0,0048	-0,5152	0,0840
Y4	0,093	99,074	-0,6200	-0,2327	-0,2337	0,6973	0,0260
Y5	0,046	100,000	-0,5350	-0,2460	0,8013	-0,0810	0,0630

DAP - diâmetro à altura do peito (cm); AP - altura da planta (m); VOCOSC - volume comercial sem casca (m³/árvore); VCASCA - volume da casca (m³/árvore); DBÁSICA - densidade básica da madeira (g/cm³).

Visualizam-se na Figura 1 cinco grupos elites, formados com base no método de otimização de Tocher, utilizando-se da dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média. Pela disposição no gráfico, destacam-se os grupos IV (família 23), o grupo V (famílias 1 e 4) e o grupo VII (família 9) como os mais distantes entre si e portanto mais divergentes. O grupo I (famílias 2, 3, 13, 20, 27, 28) está mais próximo do grupo III (famílias 6, 10, 11, 16, 17, 19 e 30). Logo, esses dois grupos são menos divergentes em relação aos demais. Portanto, recomenda-se evitar cruzamentos entre as famílias de grupos similares, grupos I e III, para que a variabilidade, indispensável em qualquer programa de melhoramento, não seja restrita, inviabilizando os ganhos a serem obtidos por seleção (5).

Pelo exposto, todas as combinações de grupos de famílias, com exceção das famílias do grupo I com as do grupo III, poderão compor o “pomar de sementes de mudas”. Ou ainda, na formação de “pomares clonais”, a partir dessas progênes, informações quanto à divergência genética podem auxiliar na seleção das famílias mais divergentes, bem como orientar na sua distribuição espacial no futuro pomar, a fim de facilitar os cruzamentos entre as progênes mais divergentes, visto que progenitores geneticamente divergentes são os mais convenientes para produzir alto efeito heterótico e, também, maior variabilidade genética em gerações segregantes (19).



Outra informação importante que a técnica dos componentes principais proporciona é a importância relativa dos caracteres avaliada pela magnitude do coeficiente de ponderação destes caracteres a partir dos últimos componentes. Baseado neste procedimento, os caracteres volume comercial sem casca, volume da casca e altura da planta, com maiores pesos em Y5 (0,8013), Y4 (0,6973) e Y3 (0,8073) (Quadro 5) foram os de menor importância.

Verifica-se, na matriz de correlação genotípica (Quadro 6), que o volume comercial sem casca tem correlação alta com o diâmetro à altura do peito ($r_g=0,99$) e a altura da planta ($r_g=0,87$), o volume da casca tem correlação alta com o diâmetro à altura do peito ($r_g=0,97$) e o volume comercial sem casca ($r_g=0,88$), e a altura da planta tem correlação alta com o diâmetro à altura do peito ($r_g=0,82$), além da alta correlação com o volume comercial sem casca. Portanto, as variáveis volume comercial sem casca, volume da casca e altura da planta caracterizam-se pela redundância, por já estarem correlacionadas com outras variáveis em estudo.

QUADRO 6 - Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica correspondentes às combinações de cinco caracteres de <i>Eucalyptus camaldulensis</i> , aos 67 meses de idade				
Caráter	AP	VOCOSC	VCASCA	DBÁSICA
DAP	0,82	0,99	0,97	0,45
AP	-	0,87	0,66	0,26
VOCOSC	-	-	0,88	0,32
VCASCA	-	-	-	0,38

DAP - diâmetro à altura do peito (cm); AP - altura da planta (m); VOCOSC - volume comercial sem casca (m³/árvore); VCASCA - volume da casca (m³/árvore); DBÁSICA - densidade básica da madeira (g/cm³).

4. RESUMO E CONCLUSÕES

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética entre 30 famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis*, empregando-se o método de otimização de Tocher e as técnicas multivariadas dos componentes principais e variáveis canônicas com base em cinco caracteres: diâmetro à altura do peito (cm), altura total (m), volume comercial sem casca (m³/árvore), volume de casca (m³/árvore) e densidade básica da madeira (g/cm³). O método de otimização proposto por Tocher, baseado na distância euclidiana média, revelou sete grupos distintos, indicando ampla diversidade genética. Na dispersão gráfica pela

técnica dos componentes principais, com base na distância euclidiana média, foram selecionados cinco grupos elites. Devem-se evitar cruzamentos entre as famílias do grupo I (2, 3, 13, 20, 27, 28) com o grupo III (6, 10, 11, 16, 17, 19 e 30). Todas as outras combinações de grupos de famílias poderão compor um “pomar de sementes de mudas”.

5. SUMMARY

(EVALUATION OF GENETIC DIVERSITY IN *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH USING MULTIVARIATE ANALYSIS)

This work aims to determine the genetic diversity among thirty half-sib families of *Eucalyptus camaldulensis* by using the optimization method of Tocher and the multivariate analysis of the principal components and canonical variables based on five characters: diameter at breast height (cm), total height (m), commercial bark volume (m³ per tree), commercial volume without bark (m³ per tree) and basic wood density (g/cm³). The optimization method of Tocher, based on the estimates of average Euclidean distance, revealed seven distinct groups, indicating high genetic diversity. In the dispersion graphic by the technique of principal components, based on average Euclidean distance, five elite groups were selected. Crossing the families of group I (2, 3, 13, 20, 27, 28) with the families of group III (6, 10, 11, 16, 17, 19, 30) must be avoided. The remaining combinations of family groups will form a “seedling orchard”

6. LITERATURA CITADA

1. ASSIS, T.F. Melhoramento genético do eucalipto. *Informe Agropecuário*, 18 (185):32-51, 1996.
2. BARRICHELO, L.E.G. & BRITO, J.O. *A madeira das espécies de eucalipto como matéria prima para a indústria de celulose e papel*. Brasília, PRODEPEF, 1976. 143p. (Série Divulgação, 3).
3. CARVALHO, L.P. *Divergência genética e análise dialélica de *Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.* Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1993. 203p. (Tese D.S.).
4. CRUZ, C.D. *Programa Genes. Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa, Editora UFV, 1997. 442p.
5. CRUZ, C.D., VENCOSKY, R. & CARVALHO, S.P. Estudos sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. *Revista Ceres*, 41: 191-201, 1994.
6. CRUZ, C. D. & REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, UFV, Impr. Univ., 1994. 390p.
7. DIAS, L.A.S. *Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)*. Piracicaba, ESALQ, 1994. 94p. (Tese D.S.).

8. MALUF, W.R. & FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, 1: 31-34, 1983.
9. MIRANDA, I.E.C.; CRUZ, C.D. & COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Brasileira de Genética*, 11: 929-937, 1988.
10. MARDIA, K.V., KENT, J.T. & BIBBY, J.M. *Multivariate analysis*. London, Academic Press, 1979. 521p.
11. MORAIS, O.P. *Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercrossamento, usando macho-esterilidade*. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1992. 251p. (Tese D.S.).
12. PEREIRA, A.V. *Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (Manihot esculent Crantz)*. Piracicaba, ESALQ, 1989. 180p. (Tese D.S.).
13. RAO, R. C. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York, John Wiley and Sons, 1952. 390p.
14. RESENDE, M.D.V. & HIGA, A.R. Estratégias de melhoramento para eucaliptos visando a seleção de híbridos. *Boletim de Pesquisa Florestal*, 21:49-60, 1990.
15. RESENDE, M.D.V. & HIGA, A.R. Aplicación de técnicas de analisis multivariado en el estudio de la divergencia genética entre procedencias de *Eucalyptus viminalis*. In: JORNADAS SOBRE EUCALYPTOS DE ALTA PRODUCTIVIDAD, Buenos Aires, 1991. *Actas...*Buenos Aires, CIEF, 1991, p.139-154.
16. SCAPIM, C.A., PIRES, I.E. & CRUZ, C.D. Estudo da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis*. In: WORKSHOP: MÉTODOS DE SELEÇÃO, Belo Horizonte, 1994. *Anais*, Viçosa, Universidade Federal de Viçosa-Sociedade de Investigações Florestais, 1995, p.45-57.
17. SCOTT, A. J.& KNOTT, M. A cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30:507-512, 1974.
18. VIANA, J.M.S. *Divergência genética, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar (Saccharum spp)*. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1990. 108p. Tese (M.S.).
19. XAVIER, A. *Aplicação da análise multivariada da divergência genética no melhoramento de Eucalyptus spp*. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1996. 126p. Tese (D.S.).