

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA NOS  
MUNICÍPIOS DE CASTRO ALVES E SANTA TERESINHA  
NO ESTADO DA BAHIA

LEONARDO SILVA SOUZA

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA  
FEVEREIRO - 2014

**CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA NOS  
MUNICÍPIOS DE CASTRO ALVES E SANTA TERESINHA NO ESTADO  
DA BAHIA**

**LEONARDO SILVA SOUZA**

Engenheiro Florestal

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2011

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais.

**Orientador: Prof. Dr. RICARDO FRANCO CUNHA MOREIRA**

**Coorientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. ANDREA VITA REIS MENDONÇA**

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2014

## FICHA CATALOGRÁFICA

S729c

Souza, Leonardo Silva.

Caracterização de genótipos de catingueira nos Municípios de Castro Alves e Santa Teresinha no Estado da Bahia: formas de agrupamento de genótipos de catingueira com base em características morfológicas / Leonardo Silva Souza. \_ Cruz das Almas, BA, 2014. 50f.; il.

Orientador: Ricardo Franco Cunha Moreira.

Coorientadora: Andrea Vita Reis Mendonça.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas.

1.Plantas – Melhoramento genético. 2.Plantas – Variabilidade genética. 3.Semi-árido (Região Nordeste). I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Título.


CDD: 581.35

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS  
VEGETAIS CURSO DE MESTRADO

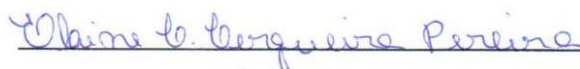
COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE  
LEONARDO SILVA SOUZA



Prof. D. Sc. Ricardo Franco Cunha Moreira.  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB  
(Orientador)



Prof. D. Sc. Valdir José de Almeida Fonseca  
Instituto Federal Baiano - IFBAIANO



D<sup>a</sup>. Sc. Elaine Costa Cerqueira Pereira  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB

Dissertação homologada pelo Colegiado do Curso de Mestrado em  
Recursos Genéticos Vegetais em .....  
Conferindo o Grau de Mestre em Ciências Agrárias em  
.....

## **DEDICO.**

A minha filha Lara pelo carinho, amor e pela presença essencial na minha vida;

A minha esposa Teresa, pelo amor, companheirismo e dedicação.

## AGRADECIMENTO

Meus sinceros agradecimentos a todos que contribuíram para que esta dissertação se tornasse uma realidade.

- A Deus, por tudo de bom que tem me proporcionado hoje e sempre;
- À FAPESB, pela concessão da bolsa;
- À Universidade Federal do Recôncavo de Bahia e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pela oportunidade;
- Ao proprietário da fazenda Sr. Eduardo Nascimento em Castro Alves-Ba, pela disponibilidade da área para coleta de material para a realização da pesquisa;
- Ao meu orientador Ricardo Franco Cunha Moreira, pela orientação, e paciência;
- A professora Andrea Vita Reis Mendonça pelas sugestões apresentadas e pela atenciosa coorientação para realização deste trabalho, e a todos os Professores do Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pelos ensinamentos;
- Ao professor Carlos Alberto da Silva Ledo, pelas sugestões na análise estatística;
- A minha mãe Celly Antonia da Silva Souza, pelo exemplo de vida, amor, dedicação e apoio em todos os momentos da minha vida.  
A meu pai Helio dos Anjos Souza (*in memoria*), pelos valorosos e inesquecíveis ensinamentos e exemplo.
- A todos os colegas da UFRB, em especial, ao Lucas Silva Barbosa e Isabella Santos Oliveira pelo apoio durante na coleta dos dados;
- E a todos os que me ajudaram direta e indiretamente na realização deste trabalho.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO.....	01
<b>CAPITULO 1</b>	
FORMAS DE AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS.....	11
<b>CAPITULO 2</b>	
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CANTIGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS DAS PLÂNTULAS.....	32
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	49

# **CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA NOS MUNICÍPIOS DE CASTRO ALVES E SANTA TERESINHA NO ESTADO DA BAHIA**

Autor: Leonardo Silva Souza

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

Coorientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Andrea Vita Reis Mendonça

**RESUMO:** O presente trabalho visou caracterizar genótipos de catingueira com base em características morfológicas, possibilitando a geração de informações para os programas de conservação e melhoramento genético da espécie em estudo. Foram analisados 11 genótipos de catingueira, localizados nos municípios de Castro Alves-Ba e Santa Teresinha-Ba. Os genótipos foram identificados, georreferenciados e avaliados quanto às características morfológicas das plantas, dos frutos e das plântulas. Foram realizadas as análises: variância, descritiva, correlação de Pearson entre as variáveis além da análise de agrupamento utilizando-se a distância Euclidiana Média e a de Mahalanobis para variáveis qualitativas, e posterior agrupamento para definição da diversidade genética entre genótipos de catingueira utilizando a como ponto de corte o pacote “NbClust” e a média da matriz. Na caracterização morfológica das plantas e dos frutos permitiu a formação de onze grupos. Houve variabilidade entre os genótipos e as maiores distâncias genéticas encontram-se entre os genótipos de genótipos G7ST e G1ST (Santa Teresinha) e os G1CA (Castro Alves) e G8ST (Santa Teresinha), tendo como variável com maior contribuição para divergência entre os genótipos o número de perfilhos. Na divergência genética entre genótipos de catingueira com base em características das plântulas usadas foram formado três grupos, demonstrando a existência da variabilidade entre os genótipos, as plântulas mais divergentes foram G6ST e G9ST(Santa Teresinha), e a variável que mais contribuiu para divergência entre os genótipos foi o tamanho de epicótilo.



**Palavras-chave:** *Poincianella pyramidalis*, morfometria, análise multivariada, diversidade

## **CHARACTERIZE GENOTYPES CATINGUEIRA IN THE MUNICIPALITIES OF CASTRO ALVES AND SANTA TERESINHA THE STATE OF BAHIA**

Author: Leonardo Souza Silva

Advisor: Prof.. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

Co-Advisor: Prof.. Dr. Andrea Vita Reis Mendonça

**ABSTRACT:** The present study was to characterize genotypes catingueira based on morphological characteristics, allowing the generation of information for the programs of conservation and genetic improvement the species under test. Were analyzed 11 genotypes catingueira, located in the municipalities of Castro Alves and Santa Teresina - Ba. The genotypes were identified, georeferenced and evaluated for morphological characteristics of plants, fruits and seedlings. The analyzes were performed: variance, descriptive, Pearson correlation between variables beyond the the clustering analysis utilizing Euclidean distance Average and of Mahalanobis for qualitative variables, and posterior clustering to define the genetic diversity among genotypes catingueira utilizing the as a point cutting the "NbClust" package and the matrix average. In the morphological characterization of plants and fruits allowed the formation of eleven groups. There was variability among the genotypes and the greatest genetic distances are between the genotypes the G7ST and G1ST (Saint Teresinha) and G1CA (Castro Alves) and G8ST (Saint Teresinha) having as variable with the greatest contribution to the divergence between the genotypes the number of tillers. In genetic divergence between genotypes cantigueira on the basis of characteristics of the seedlings used were formed three groups, demonstrating the existence of variability among genotypes, the most divergent seedlings were G6ST and G9ST (Saint Teresinha), and the variable that most contributed to the divergence between genotype was the size of epicotyl

Key-words: *Poincianella pyramidalis*, morphometry, multivariate analysis, diversity

## INTRODUÇÃO

O bioma Caatinga é o único genuinamente brasileiro, está situado em sua grande maioria na região Nordeste do país. Representa 70% da região Nordeste e 11% do território nacional, onde vivem aproximadamente 28 milhões de habitantes. A Caatinga foi reconhecida como uma das trinta e sete “Grandes Regiões Naturais do Mundo” (SANTOS et al., 2009). As condições de conservação deste bioma são precárias, estando entre os mais degradados do país, sob os efeitos antrópicos e possuindo apenas 1,3% de área protegida por unidades de conservação de proteção integral (CNIIP, 2012). Este bioma, não apresenta uma legislação específica para sua preservação a exemplo da “Mata Atlântica” com a lei 11.428 (LEI DA MATA ATLÂNTICA, 2006) que dispõe sobre a utilização e proteção da vegetação nativa do Bioma Mata Atlântica, e dá outras providências.

A caracterização da Caatinga dentre os biomas nacionais é o que apresenta maior número de tipologias, com uma formação de floresta seca composta de vegetação xerófila de porte herbáceo, arbustivo e arbóreo, com ampla variação florística e de fisionomia (SANTANA & SOUTO, 2006). Quanto à fauna Drumond et al. (2000) relata que é pobre em espécies e em número de animais por espécie, e os mamíferos são de pequeno porte, sendo os roedores os mais abundantes. De acordo o mesmo autor algumas espécies já constam como desaparecidas, ou em vias de extinção, como os felinos (onças e gatos selvagens), os herbívoros de porte médio (veado catingueiro e a capivara) e outros em processo de extinção (ararinha azul, pombas de arribação e abelhas nativas).

Na Caatinga, cerca de 70% da área está submetida ao antropismo, o que tem provocado um acentuado processo de degradação, causado principalmente pelo desmatamento, uso inadequado dos recursos naturais e manejo animal inapropriado (DRUMOND et al., 2000).

As plantas da Caatinga necessitam do conhecimento das adaptações fisiológicas objetivando o entendimento de como as espécies conseguem se estabelecer neste ambiente, exteriorizando fenótipos condicionados pelo seu patrimônio genético, permitindo-lhes a permanência e, portanto, a sua evolução nos diversos ambientes (TROVÃO et al., 2007).

Normalmente, nessa região, a vegetação está condicionada ao déficit hídrico relacionado à seca, em decorrência da irregularidade das chuvas. Analisando este fator, percebe-se que não é apenas a precipitação que provoca o déficit hídrico, mas também a associação a outros fatores característicos da região, como altas temperaturas e a alta intensidade luminosa, que provocam uma demanda evaporativa elevada e conseqüente dessecação do solo (TROVÃO et al., 2007).

A espécie *Poincianella pyramidalis* Tul., também conhecida anteriormente como *Caesalpinia pyramidalis* e popularmente como catingueira. É uma Fabacea arbórea que apresenta uma ampla dispersão no semiárido nordestino podendo ser encontrada em diversas associações vegetais, com ocorrência nos Estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Alagoas, Sergipe, Bahia e Norte de Minas Gerais, sendo bastante utilizada pelas comunidades para a obtenção de lenha e carvão (SILVA et al., 2009).

A catingueira apresenta hábito arbóreo de porte médio, sem espinhos, com 4-6 m de altura, podendo atingir até 12 m, copa aberta e irregular, quando adulta a casca é de cor cinza-claro, às vezes, castanho com manchas de cor amarela, verde e branco e libera a camada superficial em lâminas pouco alongadas. Nos melhores suprimentos de água e solos profundos chega a atingir 12 m de altura e tem caule retilíneo (30-35 cm de circunferência), enquanto nos ambientes mais secos e solos rasos chegam a 0,8 m de altura e apresenta caule tortuoso (MAIA, 2004).

O fruto utiliza-se da dispersão autocórica e, segundo Silva e Matos (1998), é um legume deiscente com 6-10 cm de comprimento por 1,7 a 2,3 cm de largura de coloração marrom esverdeada, cuja semente estenospérmica apresenta-se entre 1,0 a 1,6 cm de comprimento por 0,7 a 1,2 cm de largura com coloração castanho-escura ou verde-escura (SILVA & MATOS, 1998).

As folhas fenadas constituem boa forragem, as flores, folhas e cascas são usadas no tratamento das infecções catarrais e nas diarreias (SILVA et al., 2009). Os mesmos autores pontuam que a espécie pode ser utilizada como lenha, carvão, estacas, mourões, na construção de casas de taipa e também tem potencial para produção de álcool combustível e coque metalúrgico.

Atualmente tem-se realizado estudos de um novo inibidor de tripsina que foi purificado de sementes de *Poincianella pyramidalis* (PpTI) esse inibidor é conhecido como proteína inseticida que pode ser utilizado como forma alternativa de inseticidas ao uso dos inseticidas químicos convencional (GUIMARÃES et al., 2012).

Para alimentação de rebanhos de ovinos e bovinos em épocas de déficit hídrico, a catingueira se destacou como promissora para alimentação animal, pelo alto valor de proteína bruta (MOURA et al., 2005).

Segundo Maia (2004) a madeira da catingueira possui cinzas com alto teor de potássio e é usada para fabricação de sabão. O mesmo autor propõe que levando em consideração suas utilidades forrageiras, medicinais, para fins energéticos e construção rural, sua importância para as abelhas nativas e para a recuperação florestal de áreas degradadas, a conservação e multiplicação dessa espécie é importante tanto para fins ecológicos quanto para fins econômicos.

Estudos morfo-anatômicos são importantes para o conhecimento destas espécies. Silva et al. (2003) atestam a relevância do conhecimento da morfologia, seja do fruto, da semente, da plântula ou da muda no entendimento da fitogenia e das tendências evolutivas das estruturas vegetais.

Conforme enfatiza Oliveira (1993) a morfologia de plantas também tem merecido atenção, quer seja como parte de estudos morfo-anatômicos para ampliar o conhecimento sobre determinada espécie ou agrupamento

sistemático de plantas, ou para facilitar a identificação de plantas de uma região, dentro de um enfoque ecológico.

De acordo com Amorim et al. (2008) para os taxonomistas, as diferenças entre plantas, assim como as características em comum, são susceptíveis de avaliação em larga escala pelos caracteres morfológicos e, tais caracteres manifestam-se por componentes estruturais. O mesmo cita também que há esforços na tentativa de ampliar e tornar habitual estudo sobre aspectos morfológicos de espécies arbóreas, de modo a propiciar informações básicas para a identificação destas em laboratórios de sementes, viveiros florestais e em estudos sobre os aspectos de regeneração natural em vários ecossistemas.

Para Valls (1988) o uso dos recursos genéticos conservados em bancos de germoplasma utilizando a caracterização morfológica constitui etapa fundamental, pois já que mais de 200 mil acessos de diversas espécies vegetais encontram-se armazenados em bancos espalhados por todo país, sem as informações mínimas necessárias que facilitam o emprego dos mesmos em programas de melhoramento. Por isso o mesmo autor relata que o processo de caracterização consiste na anotação de descritores botânicos facilmente visíveis e/ou mensuráveis e que são expressos em todos os ambientes. Para caracterização dos acessos é importante compreender o conceito de descritor. Então, descritor entende-se por qualquer atributo ou caráter que permita a distinção entre acessos diferentes de uma mesma cultura, sendo o "Estado do Descritor" o valor que o descritor pode assumir (GIACOMETTI, 1988).

Segundo Ritschel et al. (2013) mesmo que existam técnicas mais avançadas como a caracterização molecular, a descrição morfológica é mais acessível e antecede outras técnicas, permitindo a orientação do trabalho a ser realizado com marcadores mais sofisticados, como os moleculares.

O emprego de marcadores morfológicos na caracterização de germoplasma é necessário à quantificação da variabilidade por meio da avaliação quantitativa e qualitativa, onde tem possibilitado a descrição da divergência genética entre acessos. Na avaliação desses estudos são aplicadas técnicas biométricas, principalmente análises multivariadas, que proporciona a obtenção de resultados mais apurados nos estudos sobre

diversidade genética entre genótipos. Assim, Cruz et al. (1994) relatam que muitos métodos multivariados podem ser aplicados, e a escolha dependerá da precisão desejada pelo pesquisador, facilidade de análise e forma com que os dados são obtidos.

A estatística multivariada é utilizada em situações nas quais muitas variáveis são medidas simultaneamente, em cada elemento amostral. Para Mingoti (2005) no geral, as variáveis são correlacionadas entre si e quanto maior o número de variáveis, mais complexa se torna a análise para métodos comuns de estatística univariada.

De um modo geral, análise multivariada refere-se a todos os métodos estatísticos que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre cada indivíduo ou objeto sob investigação (HAIR et al., 2005). Qualquer análise simultânea de mais de duas variáveis de certo modo pode ser considerada análise multivariada. Em outras palavras, a análise multivariada se constitui em um conjunto de técnicas analíticas que permitem o trato das características em conjunto, possibilitando integrar as múltiplas informações extraídas das avaliações experimentais e/ou amostrais. Portanto, pode ser considerada uma análise unificadora (AMARAL JÚNIOR, 1999).

Mota (2007) pontua que o desenvolvimento tecnológico oriundo das descobertas científicas tem alavancado o próprio desenvolvimento científico, ampliando em várias ordens de grandeza a capacidade de obter informações de acontecimentos e fenômenos que estão sendo analisados. Assim, cada vez mais estamos necessitando de ferramentas estatísticas que apresentem uma visão mais global do fenômeno que aquela possível numa abordagem univariada (MOITA NETO, 2004).

Nessas circunstâncias, técnicas multivariadas têm se revelado eficientes na descrição e seleção de vários caracteres simultaneamente, resultando em economia de tempo e recursos financeiros (CRUZ, 1990). Os dados gerados serão relevantes em programas de identificação de caracteres fenotípicos úteis, possibilitando o desenvolvimento de tecnologias de produção de mudas e sementes, ou seja, na propagação da espécie e, também, no levantamento de informações para trabalhos de melhoramento genético e conservação da espécie.

Assim, este trabalho teve como objetivo caracterizar genótipos de catingueira nos municípios de Castro Alves e Santa Teresinha com base em características morfológicas.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v.17, p.3-6, 1999.

AMORIM, I. L.; VIDE, A. C.; FERREIRA, R. A.; CHAVES, M. M. F. Morfologia de frutos, sementes, plântulas e mudas de *Senna multijuga* var. *lindleyana* (Gardner) H. S. Irwin & Barneby – Leguminosae Caesalpinioideae. **Revista Brasileira de Botânica**, v.31, n.3, p.507-516, 2008.

CNiP PNE. **Centro nordestino de informações sobre plantas do nordeste da Associação de Plantas do Nordeste**. Disponível em: <http://www.cnip.org.br/uc.html>. Acesso em: 29/06/2012.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba, 1990. 188 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/ Universidade de São Paulo.

CRUZ, C. D.; VENCovsky, R.; CARVALHO, S. P. de. Estudos sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, Viçosa-MG, v. 41, n. 234, p. 191-201, 1994.

DRUMOND, M. A.; KIILL, L. H. P.; LIMA, P. C. F.; OLIVEIRA, M. C.; OLIVEIRA, V. R.; ALBUQUERQUE, S. G.; NASCIMENTO, C. E. S.; CAVALCANTE, J. Estratégias para o uso sustentável da biodiversidade da caatinga. In: Seminário para avaliação e identificação de ações prioritárias para a conservação, utilização sustentável e repartição de benefícios da biodiversidade do bioma Caatinga. **Anais...** EMBRAPA/CPATSA, UFPE, Petrolina, 2000.

GIACOMETTI, D. C. **Descritores para caracterização e avaliação de germoplasma.** (anais): 129-147. I Encontro Sobre Recursos Genéticos, Jaboticabal, Brasil. 1988.

GIMARÃES, L. C.; OLIVEIRA, C. F. R.; MARANGONI, S.; MARIA MACEDO, L. R. Estudo da ação inseticida de um inibidor de proteinase extraído da semente de *Poincianella pyramidalis* In: XXIV Congresso Brasileiro de Entomologia 2012.

HAIR JUNINOR, J. F.; ANDERSON, R. E.; RONALD T. L. **Análise multivariada de dados.** 5. ed. Porto Alegre: Bookman, 2005.

LEI DA MATA ATLÂNTICA nº11.428/2006. Disponível em: <[http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_Ato2004-2006/2006/Lei/L11428.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_Ato2004-2006/2006/Lei/L11428.htm)>. Acesso em 25/02/2014.

MAIA, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades.** São Paulo: Leitura e Arte, p.159-169. 2004.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada.** Belo Horizonte: UFMG, 2005, 297p.



MOITA NETO, J. M. Estatística Multivariada. Uma visão didático-metodológica. **Revista de Filosofia e Ensino**, 09 maio 2004. Disponível em: [http://www.criticanarede.com/cien\\_estatistica.html](http://www.criticanarede.com/cien_estatistica.html)>. Acesso em: 23 jan . 2014.

MOTA, A. C. **Comparação de duas metodologias multivariadas no estudo de similaridade entre fragmentos de Floresta Atlântica**. 2007. 74 p. Dissertação (Mestrado em Biometria) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2007.

MOURA, Z. A.; SANTOS M. E.; FERREIRA, J. D.; ALMEIDA, J. C. C.; MACEDO JÚNIOR, G. L.; OLIVEIRA, J. S. **Composição bromatológica de leguminosas do semi-árido brasileiro**. 05 julho 2005. Disponível em: <http://www.lrrd.org/lrrd17/8/zani17087.htm>. Acesso em Acesso em: 15 jan. 2014.

OLIVEIRA, E. C. **Morfologia de plântulas florestais**. In: Sementes florestais tropicais. AGUIAR, I. B.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M.; FIGLIOLIA, M. B. (eds.). Abrates, Brasília, p.175-214, 1993.

RITSCHER, P. S.; LOPES, C. A.; HUAMÁN, Z.; FERREIRA, M. E.; FRANÇA, F. H.; MENÊZES, J. E.; TEIXEIRA, D. M. C.; TORRES, A .C.; CHARCHAR, J. M.; THOMAZELLI, L. **Organização do Banco Ativo de Germoplasma de batata-doce: situação atual e perspectivas**. Disponível em < <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/batata-doce.pdf> >. Acesso em: 10 agosto. 2013.

SANTANA, J. A. da S.; SOUTO, J. S. Diversidade e estrutura fitossociológica da caatinga na estação ecológica do Seridó-RN. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, v.6, n.2, p.232-242, 2006.

SANTOS, A. P. B.; FILHO, J. A. S.; NASCIMENTO, M. F. S.; SANTO, F. S. E. **Guia de Campo de Árvores da Caatinga** 1ed. Petrolina: Editora e gráfica Franciscana Ltda, 2009 64p.

SILVA, G. M. C.; SILVA, H.; ALMEIDA, M. V. A.; CAVALCANTI, M. L. F.; MARTINS, P. L. Morfologia do fruto, semente e plântula do mororó (ou pata de vaca) *Bauhin forticata* Linn. **Revista de Biologia e Ciência da Terra**, Campinas Grande, v. 3, n.2, 2003.

SILVA, L. B.; SANTOS, F. A. R.; GASSON, P.; CUTLER, D. Anatomia e densidade básica da madeira de *Caesalpinia pyramidalis* Tul. (Fabaceae), espécie endêmica da caatinga do Nordeste do Brasil. **Acta Botânica Brasílica**, São Paulo, v.23, n.2, p.436-445, 2009.

SILVA, L. M. M.; MATOS, V.P. Morfologia de frutos, sementes e plântulas de catingueira (*Caesalpinia pyramidalis* Tull – Caesalpinaceae) e juazeiro (*Zizyphus joazeiro* Mart – Rhamnaceae). **Revista Brasileira de sementes**, v.20, n.2, p.25-31, 1998.

TROVÃO, D. M. B. M.; FERNANDES, P. D.; ANDRADE, L. A.; DANTAS NETO, J. D. Variações sazonais de aspectos fisiológicos de espécies da Caatinga. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.11, n.3, p.307-311, 2007.

VALLS, J. F. M. **Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica vegetal**. (anais): 1. In: I Encontro Sobre Recursos Genéticos. p.106-108, Jaboticabal. 1988.

## **CAPÍTULO 1**

### **FORMAS DE AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS**

---

<sup>1</sup>Manuscrito a ser ajustado e submetido ao comitê editorial do periódico científico revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

## FORMAS DE AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

**RESUMO:** A catingueira (*Poincianella pyramidalis* (Tul.)) é uma Fabaceae, endêmica do bioma Caatinga. O objetivo deste trabalho foi obter informações sobre as características de catingueiras oriundas da mesorregião do Recôncavo baiano, através de caracteres morfológicos. Foram analisados 11 genótipos de catingueira distantes no mínimo 100 metros entre si, localizados nos municípios de Santa Teresinha e Castro Alves. Os genótipos foram identificados com placas de alumínio, georreferenciados e avaliados quanto altura, diâmetro na altura do solo, número de perfilhos, produção de fruto. Para cada genótipo foram coletados 100 frutos com a maturação fisiológica completa, os quais, após as medidas físicas (comprimento do fruto da base até o ápice, largura do fruto nas posições proximal, mediana e distal, espessura do fruto e número de lóculos), foram realizadas as análises: descritiva, correlação de Pearson entre as variáveis além da análise de agrupamento para variáveis qualitativas, e posterior agrupamento para definição da diversidade genética entre genótipos de catingueira utilizando a Distância Euclidiana Média e como ponto de corte o pacote “NbClust”. Os resultados revelaram variabilidade entre os genótipos, havendo a formação de onze grupos principais de dissimilaridade genética. As maiores distâncias genéticas encontram-se entre os genótipos G7ST e G1ST localizados no município de Santa Teresinha e os genótipos G1CA e G8ST localizados nos municípios de Castro Alves e Santa Teresinha. A variável com maior contribuição para divergência foi a número de perfilhos.

**Palavras chave:** *Poincianella pyramidalis*, caatinga, divergência genética, variabilidade.

## VARIABILITY GENOTYPES CATINGUEIRA BASED ON MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS

**ABSTRACT:** The catingueira (*Poincianella pyramidalis* (Tul.)) is one Fabaceae, endemic to the Caatinga. The objective of this study was to obtain information about the characteristics of catingueiras. Were analyzed 11 genotypes catingueira distant at least 100 meters apart, located in the municipalities of Saint Teresinha and Castro Alves. The genotypes were identified with plates of aluminum, georeferenced and assessed in relation height, diameter at the ground height, number of tillers, production of fruit. For each genotype been collected 100 fruits with full physiological maturation, which after physical measurements (fruit length from base to the apex, width of the fruit in proximal, median and distal positions, thickness of the fruit and number of locules), the analyzes were performed descriptive, Pearson correlation between variables beyond the clustering analysis for qualitative variables, and posterior grouping to define the genetic diversity among genotypes catingueira utilizing the Euclidean distance average and as the cut point "NbClust" package. Results revealed variability among the genotypes, with the formation of eleven principal groups of genetic dissimilarity. The largest genetic distances find themselves between G7ST and G1ST genotypes located in the municipality of Saint Teresinha and G1CA and G8ST genotypes located in the municipalities of Castro Alves and St. Teresinha. The variable with the greatest contribution to divergence was the number of tillers.

**Key-words:** *Poincianella pyramidalis*, Caatinga, genetic divergence, variability

## INTRODUÇÃO

O Bioma Caatinga é o único bioma exclusivamente brasileiro e se apresenta como o quarto bioma mais extenso do país, de acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2013), possui também uma área aproximada de 826.411 km<sup>2</sup> e se estende pela totalidade do estado do Ceará (100%) e mais de metade da Bahia (54%), da Paraíba (92%), de Pernambuco (83%), do Piauí (63%) e do Rio Grande do Norte (95%), quase metade de Alagoas (48%) e Sergipe (49%), além de pequenas porções de Minas Gerais (2%) e do Maranhão (1%).

A *Poincianella pyramidalis* (Tul.) L. P. Queiroz, comb. Nov. popularmente conhecida com catingueira, catinga-de-porco e pau-de-rato pertence à família Fabaceae, sendo uma espécie endêmica e uma das mais representativas da Caatinga (GIULIETTI et al., 2004).

A catingueira apresenta hábito arbóreo de porte médio, sem espinhos, com 4-6 m de altura, podendo atingir até 12 m, copa aberta e irregular, quando adulta a casca é de cor cinza-claro, às vezes, castanho com manchas de cor amarela, verde e branco e libera a camada superficial em lâminas pouco alongadas (MAIA, 2004). De acordo o mesmo autor a catingueira apresenta uma promissora potencialidade no uso veterinário, restauração florestal, sistemas agroflorestais e forragem para Alimentação de ovinos e bovinos.

Sua madeira é usada para estacas, mourões, construção de casas de taipa como também para lenha e carvão, e devido sua rusticidade é indicada para reflorestamento (LORENZI & MATOS, 2008). Além de ser considerado como uma espécie bastante rústica por se adaptar muito bem à maioria dos solos e climas e ser bastante tolerante à seca (BARROS et al., 1997).

A espécie apresenta propriedades medicinais cientificamente comprovadas (antiinflamatória, cicatrizante e antimicrobiana) (SALVAT et al., 2004).

O sucesso de um programa de melhoramento, conservação e exploração sustentável reside na existência de variabilidade genética (ZUCCHI, 2009). Por isso, é recomendado para formação de população-base o

intercruzamento entre genótipos superiores e divergentes. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras. As informações múltiplas de cada genótipo são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade que há no conjunto do sistema biológico estudado.

A determinação da dissimilaridade genética, por meio da avaliação simultânea de vários caracteres, pode ser uma ferramenta eficiente para a identificação de genótipos superiores, possibilitando a concentração de esforços nas combinações mais promissoras (MOURA et al., 1999). Deste modo, as técnicas multivariadas têm se mostrado úteis, por avaliar o indivíduo em vários aspectos e proporcionar uma visão holística de cada acesso (CRUZ et al., 2004).

A análise de agrupamento apresenta a finalidade de reunir, segundo algum critério de classificação, um conjunto de  $t$  unidades amostrais (tratamentos, progenitores, indivíduos, etc.) em grupos através da avaliação de variáveis, de modo que exista homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre os grupos (RIBEIRO JÚNIOR, 2001).

Segundo Scheeren et al. (2000) o critério de agrupamento empregado na maioria dos algoritmos, é uma medida de similaridade ou de distância estatística, entre os elementos de uma matriz de dados.

Para Rossmann (2001) a variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio dos coeficientes de correlação fenotípicas, genotípicas e ambiental, das variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos, que refletem a natureza do material genético e a ação do ambiente, permitindo assim, a predição dos ganhos decorrentes da seleção e a definição das estratégias de melhoramento que poderão ser adotadas.

Este trabalho teve por objetivo estudar as formas de agrupamento de genótipos de catingueira com base em características morfológicas.

## MATERIAL E MÉTODOS

Para realização do presente trabalho, foram utilizados onze genótipos de catingueira selecionados a partir de oito genótipos de Santa Teresinha-BA e três genótipos de Castro Alves-BA. Os genótipos foram georreferenciados com auxílio do GPS (Tabela 1) e marcados com placas de alumínio obedecendo à distância mínima de 100 metros entre si (Figura 1).

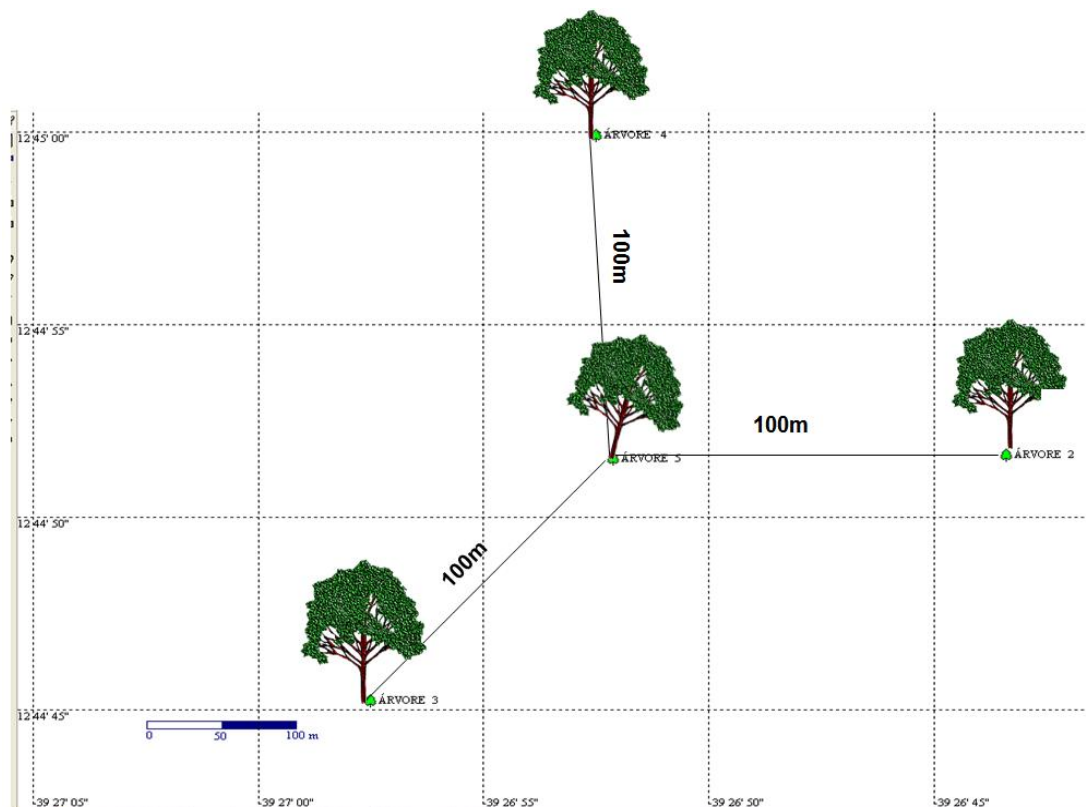


Figura1: Croqui da distância entre genótipos de catingueira utilizados neste estudo. Cruz das Almas-BA, 2014.

Os dois municípios estão inseridos no vale do rio Paraguaçu estando incluídos no Polígono das Secas, sendo o período de maior pluviosidade nos meses de maio a julho com chuvas podendo atingir uma média anual de 865 mm, variando de 1.496 mm (máxima) a 329 mm (mínima) (SILVA, 1993). A vegetação é constituída por floresta estacional decidual, caatinga-floresta estacional, floresta estacional semidecidual (QUEIROZ, 2009). O relevo apresenta-se com pequenas ondulações sendo composto em sua totalidade por tabuleiros.



Os genótipos do município de Castro Alves estão situados em meio à pastagem, enquanto que os de Santa Teresinha estão compondo uma mata ciliar do rio denominado de “preguiça”.

Tabela 1: Dados de localização de onze genótipos de catingueira georeferenciados e identificados em municípios da região semiárida da Caatinga do Estado da Bahia. Cruz das Almas-BA, 2014.

Genótipo	Coordenadas Geográficas		Procedência
	Latitude	Longitude	
G1ST	12°45'15" <b>S</b>	39°31'01" <b>W</b>	Santa Teresinha
G2ST	12°45'13" <b>S</b>	39°31'02" <b>W</b>	Santa Teresinha
G3ST	12°45'09.7" <b>S</b>	39°31'01" <b>W</b>	Santa Teresinha
G5ST	12°45'10" <b>S</b>	39°30'56" <b>W</b>	Santa Teresinha
G6ST	12°45'09" <b>S</b>	39°30'52" <b>W</b>	Santa Teresinha
G7ST	12°45'06" <b>S</b>	39°30'49" <b>W</b>	Santa Teresinha
G8ST	12°45'01.1" <b>S</b>	39°30'48" <b>W</b>	Santa Teresinha
G9ST	12°45'01.2" <b>S</b>	39°30'43" <b>W</b>	Santa Teresinha
G1CA	12°44'48" <b>S</b>	39°26'39" <b>W</b>	Castro Alves
G6CA	12°44'47" <b>S</b>	39°27'02" <b>W</b>	Castro Alves
G7CA	12°44'48.4" <b>S</b>	39°26'39.6" <b>W</b>	Castro Alves

A altura das árvores foi obtida através do uso do Hipsômetro. Os frutos foram coletados nas duas localidades entre os meses de setembro e outubro. Para auxílio na coleta foram utilizados podão, tesoura de poda, sacos plásticos e lona plástica.

Os frutos foram encaminhados ao Laboratório de Sementes da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), inicialmente foram colocados para secar a sombra sob ventilação, e sua abertura foi realizada manualmente para obtenção das sementes.

Foram considerados os seguintes aspectos para a caracterização do fruto: dimensões (comprimento, largura e espessura), textura e número de lóculos.

Estas avaliações foram feitas mediante uma amostragem aleatória de

100 frutos de cada matriz. Os frutos foram medidos com o auxílio de um paquímetro de precisão de 0,1 mm. O comprimento foi medido da base até o seu ápice, a largura em três posições (proximal, intermediária e distal do fruto), a espessura medida na linha mediana dos frutos.

Para a caracterização e avaliação dos genótipos, foram analisadas oito variáveis: altura (m), diâmetro na altura do solo (cm), número de perfilhos (unid.), produção de fruto (Kg), comprimento do fruto (cm), largura do fruto (cm), espessura do fruto (cm) e número de lóculos (unid.).

Os dados foram submetidos a estatísticas descritivas: valores mínimos e máximos, média, desvio padrão e coeficiente de variação (%). Foi realizado teste de normalidade de Shapiro-Wilks. Os coeficientes de correlação de Pearson também foram calculados e testados pelo teste t de Student a 5% e 10% de significância.

Foi realizado também o diagnóstico de multicolinearidade para a matriz de correlação linear segundo o critério de Montgomery e Peck (1981).

Em seguida, com base nas médias dos caracteres quantitativos foi estimada a distância Euclidiana Média como medida de dissimilaridade, por analisar a correlação entre os caracteres avaliados, conforme Cruz et al. (2004).

Agrupamentos hierárquicos das análises a partir da matriz de distância genética foram obtidos pelo método UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH & SOKAL, 1973). Para a contribuição relativa de cada característica avaliada de agrupamento dos dados quantitativos foi realizada uma análise de variância intergrupos através do teste t e obtida a contribuição relativa das variáveis quantitativas para divergência entre os genótipos conforme Singh (1981). Para a obtenção da matriz de distância genética e o cálculo dos coeficientes de correlação cofenético, utilizou-se o programa Genes (CRUZ, 2008). O dendrograma foi obtido pelo programa STATISTICA (STATSOFT, 2005). A análise de variância foi realizada através do programa SAS (SAS INSTITUTE, 2006).

O critério utilizado para formação dos grupos e determinação do ponto de corte foi com base no pacote "NbClust" (CHARRAD et al., 2012) pertencente ao programa computacional R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2010), onde

são determinados quinze índices para o número ideal de agrupamentos, esses índices são propostos pelos seguintes autores: Friedman & Rubin (1967), Halkidi & Vazirgiannis (2001), Frey & Van Groenewoud (1972), Duda & Hart (1973), Calinski & Harabasz (1974), Baker & Hubert (1975), Hartigan (1975), Hubert & Levin (1976), Davies & Bouldin (1979), Dunn (1974), Sarle (1983), Milligan & Cooper (1985), Krzanowski & Lai (1988), Walesiak & Dudek (2011) e Tibshirani et al. (2001), onde a escolha do melhor agrupamento é baseada no geral, levando em consideração o valor máximo, mínimo e a diferença entre os índices. A escolha do ponto de corte é de acordo com a proporção que o número de grupos se repita em maior quantidade.

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

De acordo com a Tabela 2, observa-se que o genótipo G1CA apresentou 7,5 m de altura, com isso, atingiu uma maior amplitude que o G8ST e G9ST com 3,2 m de altura, já o genótipo G7ST com 13,5 cm e o G1ST com 5,8 cm para o diâmetro na altura do solo. Já o genótipo G1ST com valor máximo 17 perfilhos e o mínimo para G6ST E G7ST com 1 perfilho, e o genótipo G1CA atingiu 9 kg de produção de fruto e G8ST com 1,3 Kg. Em relação as dimensões de fruto, o genótipo G8ST chegou ao valor máximo de 9,21 cm de comprimento de fruto e mínimo a G6CA com 6,69 cm, agora para maior largura de fruto o genótipo G2ST se destacou com 2,30 cm em relação ao G7CA com 1,63 cm, e para espessura de fruto com 0,52 cm para o genótipo G2ST e 0,29 cm para G7CA. Assim, em relação ao número de lóculos metade dos genótipos atingiram 6 lóculos por fruto.

Na Tabela 2 estão apresentadas as estatísticas descritivas dos descritores quantitativos utilizados na caracterização dos genótipos de catingueira dos municípios de Castro Alves-BA e Santa Teresinha-BA. Em relação à amplitude os coeficientes de variação variaram de 9,41 a 92,73 para os caracteres, número de lóculos e número de perfilhos, respectivamente. O maior desvio padrão foi para o caráter número de perfilhos (4,38) e o caráter espessura do fruto (0,06) obteve o menor valor para o desvio padrão.

As maiores variações dentre os caracteres observados foram para número de perfilhos da planta (1,00unid a 17,00unid), com média de 4,73 perfilhos por planta e o comprimento do fruto (1,30 cm a 9,00cm), com média de 7,97 cm por fruto e o diâmetro na altura do solo (5,80 cm a 13,50 cm) com média de 9,93 cm diâmetro por planta. As menores variações ocorreram para os caracteres espessura do fruto (0,3 cm a 0,5 cm), com média de 0,43 cm.

Tabela 2: Variáveis morfológicas referentes aos onze genótipos de catingueira nos municípios de Castro Alves e Santa Teresinha no Estado da Bahia. Cruz das Almas - BA 2014.

Genótipo	ALT(m)	DAS (cm)	NP(und)	PF(cm)	CF(cm)	LF(cm)	EF(cm)	NL(und)
G1ST	3,60	5,80	17,00	6,50	8,10	1,92	0,43	6,00
G2ST	5,50	6,80	5,00	2,00	8,93	2,30	0,52	6,00
G3ST	5,00	9,20	6,00	2,00	7,03	1,98	0,42	5,00
G5ST	4,00	10,20	4,00	8,20	8,15	1,77	0,49	6,00
G6ST	4,70	12,74	1,00	4,50	7,40	1,76	0,43	6,00
G7ST	5,60	13,52	1,00	3,00	7,96	2,14	0,44	5,00
G8ST	3,20	6,76	4,00	1,30	9,21	2,19	0,48	5,00
G9ST	3,20	6,81	3,00	2,30	7,71	2,00	0,46	5,00
G1CA	7,50	10,32	5,00	9,00	8,49	1,92	0,42	6,00
G6CA	4,70	9,54	4,00	3,50	6,69	1,90	0,34	5,00
G7CA	3,40	6,53	2,00	1,50	8,00	1,63	0,29	6,00
Média	4,58	9,93	4,73	3,98	7,97	1,95	0,43	5,54
Máximo	7,50	13,50	17,00	9,00	9,20	2,30	0,50	6,00
Mínimo	3,20	5,80	1,00	1,30	6,70	1,60	0,30	5,00
CV (%)	28,55	29,39	92,73	68,69	9,46	10,15	15,29	9,41
DP	1,30	2,62	4,38	2,73	0,75	0,19	0,06	0,52
T N	0,90 <sup>ns</sup>	0,89 <sup>ns</sup>	0,69 <sup>ns</sup>	0,85 <sup>ns</sup>	0,97 <sup>ns</sup>	0,97 <sup>ns</sup>	0,91 <sup>ns</sup>	0,64 <sup>ns</sup>

Altura da planta (ALT); Diâmetro na altura do solo (DAS); Número de perfilhos (NP); Produção de fruto (PF); Comprimento do fruto (CF); Largura do fruto (LF); Espessura do fruto (EF); Número de lóculos (NL); Coeficiente de variação CV(%); Desvio padrão(DP); Teste de normalidade (TN); <sup>ns</sup> não significativo pelo teste de Shapiro-Wilks a 5% de significância.

Para esses resultados é oportuno salientar que as plantas estão em locais e condições naturais diferentes, estando os genótipos de Castro Alves em meio a uma pastagem e os genótipos de Santa Teresinha numa mata ciliar. Deste modo, de acordo Pires (2011) o desempenho de um genótipo em relação a outro pode alterar de acordo com o ambiente, de forma que genótipos que são superiores em um ambiente, podem não ser em outro. Com isso, esta resposta diferenciada de genótipos quando submetidos a diferentes condições

ambientais, denomina-se interação genótipos x ambientes (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; MORI et al., 1998.). A existência da interação está associada a dois fatores que são denominados de simples e complexo (CRUZ et al., 2004). Podendo ser uma interação simples, quando é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e complexa, quando denota a falta de correlação entre medidas de um mesmo genótipo em ambientes distintos e indica haver inconsistência na superioridade de genótipos com a variação ambiental (ROBERTSON, 1959).

O alto valor encontrado no CV (%) para a variável NP pode estar ligado ao fato desses genótipos estarem em ambiente natural sob influência antrópica, como por exemplo, a implantação de pastagem com o raleamento de árvores incluindo a catingueira, alterando o ambiente local.

A relação entre genótipo e fenótipo é frequentemente complexa, porque o fenótipo pode depender de interações de diferentes genes e também de efeitos do ambiente (CLARK & HARTL, 2010). De acordo Ramalho et al. (2001) o conhecimento da variabilidade decorrente das diferenças genéticas existentes, manifestadas pelos caracteres fenotípicos nas populações e o quanto se deve a diferenças genéticas é de fundamental importância em qualquer programa de melhoramento, porque permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção.

Para o teste de normalidade (Tabela 2), os resultados indicam que todas as variáveis têm distribuição normal já que as mesmas foram não significativas pelo teste de Shapiro-Wilks a 5% de significância.

Os coeficientes de correlação linear de Pearson testados pelo teste t de Student foram significativos e positivos (Tabela 3) para as correlações entre as variáveis EF e LF (0,66\*) a 5 % de significância, indicando que plantas com maior espessura nos frutos terão a tendência destes serem mais largos. Na seqüência as variáveis que apresentaram uma correlação positiva e significativa a 10% de significância foram DAS e ALT (0,54<sup>+</sup>), LF e CF (0,47<sup>+</sup>), EF e CF (0,54<sup>+</sup>), NL e PF (0,55<sup>+</sup>), e a correlação negativa foi identificada entre as variáveis NP e DAS (-0,51<sup>+</sup>), para o restante das variáveis foram não significativas em nível de 5% e 10% de probabilidade. O conhecimento das correlações entre as variáveis de interesse são de grande importância, pois

prediz a influência da seleção de um dado carácter sobre a alteração da média do outro (FARIAS NETO et al., 2005).

Tabela 3: Correlação linear de Pearson entre as características morfológicas avaliadas de onze genótipos de catingueira provenientes dos municípios de Castro Alves e Santa Teresinha no Estado da Bahia. Cruz das Almas-BA 2014.

	ALT	DAS	NP	PF	CF	LF	EF	NL
ALT	1,00	0,54 <sup>+</sup>	-0,11 <sup>ns</sup>	0,42 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>
DAS		1,00	-0,51 <sup>+</sup>	0,29 <sup>ns</sup>	-0,35 <sup>ns</sup>	-0,13 <sup>ns</sup>	0,013 <sup>ns</sup>	-0,09 <sup>ns</sup>
NP			1,00	0,33 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>	0,25 <sup>ns</sup>
PF				1,00	0,05 <sup>ns</sup>	-0,36 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	0,55 <sup>+</sup>
CF					1,00	0,47 <sup>+</sup>	0,54 <sup>+</sup>	0,32 <sup>ns</sup>
LF						1,00	0,66 <sup>*</sup>	-0,42 <sup>ns</sup>
EF							1,00	0,02 <sup>ns</sup>
NL								1,00

ALT = Altura da planta (m); DAS = Diâmetro na altura do solo (cm); NP = Número de Perfilhos (unid.); PF = Produção de Fruto (Kg); CF = Comprimento do Fruto (cm); LF = Largura do Fruto (cm); EF = Espessura do Fruto (cm); NL = Número de Lóculos (unid.); \*\*, \*, + significativo a 1%, 5% e 10%, respectivamente, pelo teste t.e <sup>ns</sup> não significativo.

O diagnóstico de multicolinearidade revelou que o número de condição (NC) é 95,07 para as variáveis usadas, sendo definido como colinearidade fraca de acordo a Tabela de Classificação de Montgomery e Peck (1981). De acordo Lima (2012) o grau de multicolinearidade elevado indica inter-relações das variáveis, o que dificulta a interpretação do conjunto de variáveis utilizadas no agrupamento por ser mais difícil de determinar o efeito individual de qualquer variável. Em relação à análise dos autovalores da matriz de correlação fenotípica foi efetuada para identificar a natureza da dependência linear existente entre os caracteres, detectando aqueles que contribuíram para o aparecimento da multicolinearidade (BELSLEY et al., 1980).

A análise de agrupamento realizada com a matriz de distância Euclidiana Média, obtida, entre os genótipos a partir das variáveis, altura da planta (ALT), diâmetro na altura do solo (DAS), número de perfilhos (NP), produção de fruto (PF), comprimento do fruto (CF), largura do fruto (LF),

espessura do fruto (EF), número de lóculos (NL) indica que os genótipos de catingueira menos distantes foram a G3ST e G6CA com valor de 0,16 provenientes dos municípios de Santa Teresinha e Castro Alves, respectivamente. Esses dois genótipos apresentam características morfológicas como altura, diâmetro na altura do solo, comprimento e largura do fruto e número de lóculos muito próximas conforme se observou pelos resultados descritivos obtidos. A maior distância genética de 0,66 (Tabela 4) foi verificada entre os genótipos G7ST e G1ST(Santa Teresinha) como também nos genótipos G1CA (Castro Alves) e G8ST (Santa Teresinha).

Tabela 4: Matriz de dissimilaridade entre os genótipos de catingueira. Cruz das Almas - BA, 2014.

Genótipo	G1ST	G2ST	G3ST	G5ST	G6ST	G7ST	G8ST	G9ST	G1CA	G6CA	G7CA
G1ST	0,00	0,46	0,54	0,38	0,51	0,66	0,56	0,52	0,48	0,57	0,48
G2ST		0,00	0,51	0,46	0,50	0,52	0,41	0,48	0,47	0,61	0,55
G3ST			0,00	0,52	0,44	0,28	0,39	0,23	0,56	0,16	0,51
G5ST				0,00	0,26	0,52	0,57	0,50	0,32	0,53	0,48
G6ST					0,00	0,43	0,60	0,50	0,38	0,43	0,41
G7ST						0,00	0,42	0,38	0,52	0,34	0,63
G8ST							0,00	0,24	0,66	0,49	0,57
G9ST								0,00	0,62	0,30	0,49
G1CA									0,00	0,57	0,58
G6CA										0,00	0,48
G7CA											0,00

O coeficiente de correlação cofenético ( $r=0,83$ ), revelou um bom ajuste para as variáveis quantitativas entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original. Conforme sugerem Bussab et al. (1990) análises de agrupamento são aceitáveis se produzirem um coeficiente de correlação cofenético (CCC) a partir de 0,80.

As variáveis que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos foram o número de perfilhos (NP) e produção de frutos (PF), sendo responsável por 52,40% e 20,55 %, respectivamente (Tabela 5).

Tabela 5: Contribuição relativa dos caracteres para divergência – Singh (1981) entre onze genótipos de catingueira provenientes dos municípios de Castro Alves e Santa Teresinha no Estado da Bahia. Cruz das Almas-BA, 2014.

Variável	Contribuição relativa (%)
Número de perfilhos (Unid.)	52,40
Produção de Fruto (Kg)	20,55
Diâmetro na altura do Solo (cm)	19,28
Altura (m)	4,67
Número de lóculos (Unid.)	1,30
Comprimento do Fruto (cm)	1,67
Largura do Fruto (cm)	0,11
Espessura do Fruto (cm)	0,011

De acordo o dendrograma da dissimilaridade genética (Figura 2) obtido, com base nas oito características morfológicas da catingueira coletados nos municípios de Santa Teresinha e Castro Alves no estado da Bahia, mostra a formação de onze grupos. O ponto de corte no dendrograma foi feito utilizando o pacote “Nbclust”.

Os genótipos G1ST e G9ST sugerem que estes sejam os mais divergentes do total analisado, podendo ser utilizados em programa de melhoramento genético da espécie no que tange a cruzamentos intraespecíficos. Os grupos apresentam formação com somente um acesso cada, caracterizando um bom grau de divergência entre os mesmos, corroborando com estudo feito por Santos et al. (2012), onde foi observada elevada diversidade genética entre genótipos de catingueira (*Poincianella* spp) por meio de marcadores RAPD. Entretanto, de acordo Sing et al. (1981) a melhor maneira de se identificar divergência entre genótipos é o uso combinado de marcadores moleculares e descritores agromorfológicos por promoverem um complemento nos resultados, comprovando a eficiência dos resultados com uma análise simultânea.



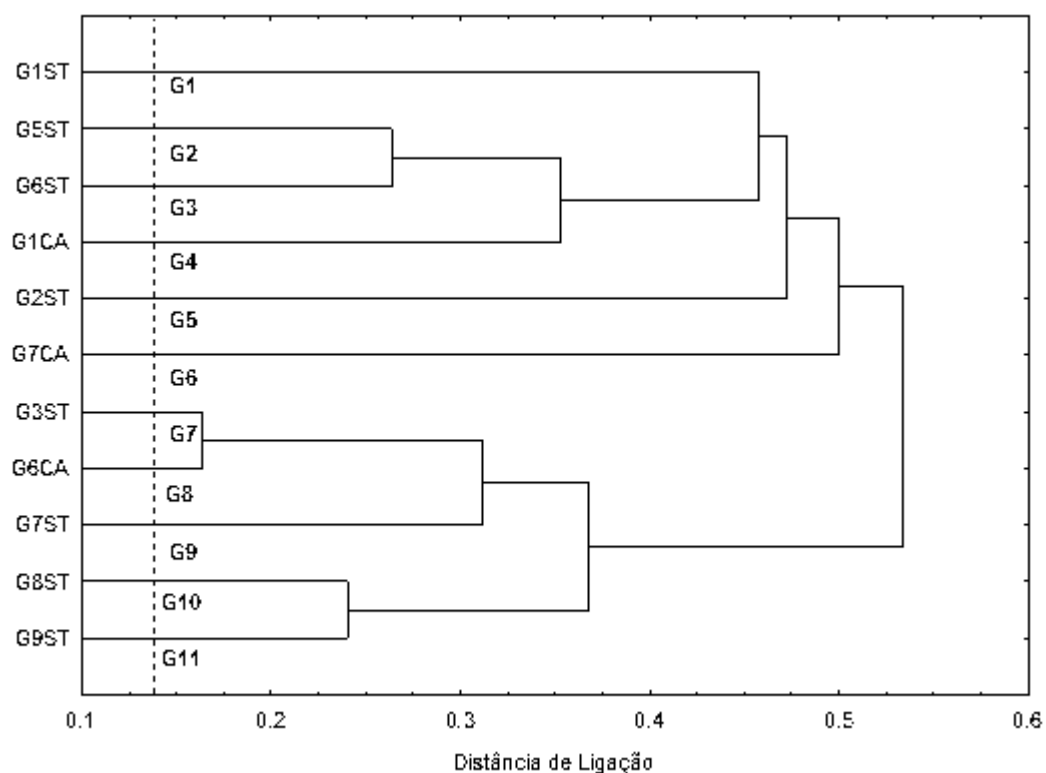


Figura 2: Dendrograma construído com base nas medidas de dissimilaridade pelo método de agrupamento UPGMA entre onze genótipos de catingueira. Cruz das Almas-BA, 2014.

Desta forma, trabalhos futuros com um maior número de genótipos e em outras localidades devem ser considerados assim como o uso de técnicas moleculares na análise conjunta dos dados a fim de comparar e quantificar a diversidade desta espécie estudada na presente região, podendo auxiliar no manejo e conservação da espécie.

## CONCLUSÕES

- 1 - Existe variabilidade entre os genótipos de catingueira, que pode ser explorada para a conservação e exploração da espécie.
- 2 - As maiores distâncias genéticas encontram-se entre os genótipos G7ST e G1ST(Santa Teresinha) e os G1CA (Castro Alves) e G8ST (Santa Teresinha).
- 3 - A variável com maior contribuição para divergência foi a número de perfilhos.

4 - O pacote “Nbclust” é uma metodologia que se mostrou útil.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARROS, N. N., SOUSA, F. B., ARRUDA, F. A. V. **Utilização de forrageiras e resíduos agroindustriais por caprinos e ovinos**. Sobral: EMBRAPA/CNPC. 1997, 28p. (Documentos, 26).

BAKER F. B.; HUBERT, L. J. Measuring the Power of Hierarchical Cluster Analysis. **Journal of the American Statistical Association**, v.70, n.349, p.31-38, 1975.

BELSLEY, D. A.; KUH, E.; WELSCH. R. E. et al. **Regression diagnostics: identifying data and sources of colinearity**. New York : J. Wiley, 1980.292p.

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p.,1990.

CALINSKI, T.; HARABASZ, J. A dendrite method for cluster analysis. **Communications in Statistics - Theory and Methods**, 27 de janeiro 1974. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1080/03610927408827101>. Acesso em 18 novembro 2013.

CHARRAD, M.; GHAZZALI, N.; BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. NbClust: **An examination of indices for determining the number of clusters**. R package version 1.4 2012. Disponível em: <http://cran.r-project.org/web/packages/NbClust/index.html>

CLARK, A. G.; HARTL, D. L. **Princípios de Genética de Populações**. 4ª ed. Editora ARTMED, 2010. 660p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 1, p. 377 – 413, 2004.

DAVIES, D. L.; BOULDIN, D. W. A cluster separation measure. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**. v. 1, p.2, 1979.

DUDA, R. O.; HART, P. E.; Pattern classification and scene analysis. **John Wiley and Sons**. Inc., New York, USA. 1973.

DUNN, J.; Well separated clusters and optimal fuzzy partitions. **Journal Cybern**. v.1, p. 9, 1974.

FARIAS NETO, J. T. de; OLIVEIRA, M. S. P. de; CRUZ NETO, A. J. da; SANTOS, L. R. dos. Avaliação de recursos genética em progênie jovens de açazeiro. **Cernes**, Lavras, v. 11, n.4, p. 336-341, 2005.

FRIEDMAN, H. P.; RUBIN, J. On some invariant criteria for grouping data. **Journal of the American Statistical Association**, v.1 p.1159-1178, 1967. : <http://cran.r-project.org/web/packages/NbClust/index.html>

FREY, T.; VAN GROENEWOUD, H. A cluster analysis of the D-squared matrix of white spruce stands in Saskatchewan based on the maximum-minimum principle. **Journal of Ecology**. v.1 p. 873-886, 1072.

GIULIETTI, A. M.; DU BOCAGE NETA, A.L.; CASTRO, A.A.J.F.; GAMARRA-ROJAS, C.F.L.; SAMPAIO, E.V.S.B.; VIRGÍNIO, J.F.; QUEIROZ, L.P.; FIGUEIREDO, M.A.; RODAL, M.J.N.; BARBOSA, M.R.V.; HARLEY, R.M. 2004. **Diagnóstico da vegetação nativa do bioma Caatinga**. In: Biodiversidade da

Caatinga: áreas e ações prioritárias para a conservação (SILVA, J.M.C.; TABARELLI, M.; FONSECA, M.T.; LINS, L.V. orgs.). MMA, UFPE, Conservation International do Brasil, Fundação Biodiversitas, Embrapa SemiÁrido, Brasília, p.48-90. 2004.

HALKIDI, M.; BATISTAKIS, I.; VAZIRGIANNIS, M.; On clustering validation techniques. **Journal of Intelligent Information Systems**. v. 2 p.107-145. 2001.

HARTIGAN, J. A. **Clustering Algorithms**. John Wiley & Sons, Inc., New York, NY, USA. 1975.

HUBERT, L. J.; LEVIN, J. R.; A General Statistical Framework for Assessing Categorical Clustering in Free Recall. **Psychological Bulletin**, v.2, p. 193-218, 1976.

IBGE. **Mapa de Biomas e de Vegetação**. Rio de Janeiro. 2005. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em 29/11/2013.

KRZANOWSKI, W. J.; LAI, Y. T.A Criterion for Determining the Number of Groups in a Data Set Using Sum-of-Squares Clustering. **Biometrics**, v.44, n.1, p.23-34, 1988.

LIMA, M. S. S. de. **Seleção e propagação de genótipos de umbu-cajazeira (*Spondias sp.*) da Região semiárida da Bahia**. 2012. 47p. Dissertação(Mestrado em Recurso Genéticos Vegetais)-Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz da Almas, BA, 2012.

ROSSMANN, H.; **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

LORENZI, H.; MATOS, F. J. A. **Plantas Medicinais no Brasil: Nativas e Exóticas**. 2ª Ed, Nova Odessa, São Paulo: Instituto Plantarum, 2008. 544p.

MAIA, G. N. **Catingueira**. In: MAIA, G. N. Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades. São Paulo: Leitura e Arte, p. 159-169, 2004.

MILLIGAN, G.; COOPER, M. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, v.2, p.159-179, 1985.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1981. 593p.

MOURA, W. M.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D. et al. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação a eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999.

MORI, E. S.; KAGEYAMA, P. Y.; FERREIRA, M. Variação genética e interação progênies x locais em *Eucalyptus urophylla*. **IPEF**, v. 39, p. 53-63,1998.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; JUNIOR, M. F. R. R. **Genética florestal**. Viçosa, MG : Arka, 2011. 318 p.

QUEIROZ, L. P. **Leguminosas da Caatinga**. Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana-BA, 467 p., 2009.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 2.ed. Lavras: UFLA, 2001. 472p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2010.

RIBEIRO JÚNIOR, J. I. **Análises Estatísticas no SAEG**. Viçosa: UFV, 2001, 301p.

ROBERTSON, A. **Experimental design on measurement of heritabilities and genetic correlations:** biometrical genetics. New York: Pergamon, 1959. 186p.

ROSSMANN, H.; **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos.** 2001. 80 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SALVAT, A.; ANTONACCI, L.; FORTUNATO, R.H.; SUAREZ, E.Y.; GODO, H.M. Antimicrobial activity in methanolic extracts of several plant species from northern Argentina. **Phytomedicine**, v.11, p.230 - 234, 2004.

SANTOS, J. S.; MENDES, S. S.; CONDE, D. C.; DEIMONDEI, R. C.; MANN, R. S.; THOMAZZI, S. M. Genetic diversity assessment of *Poincianella pyramidalis* (Tul.) I.P. Queiroz accessions using RAPD markers. **Scientia plena**, v. 8, n. 3, p. 1-8, 2012.

SARLE, W. S.; SAS Technical Report. **Cubic clustering criterion.** Cary, N.C.: SAS Institute. 1983.

SAS, INSTITUTE.; SAS Technical Report. **SAS/STAT software: Changes and Enhancement**, Release 9.1, Cary NC: SAS Institute. 2006.

SCHEEREN, L. W.; GEHRARDT, E. J.; FINGER, C. A. G. Agrupamento de unidades amostrais de *Araucária angustifolia* (Bert.) O. Ktze. Em função de variáveis do solo, da serrapilheira e das acículas, na região de Canela, RS. **Revista Ciência Florestal**, v.10, n.2, p.39-57, 2000.

SILVA, F. B. R.; **Zoneamento agroecológico do Nordeste: diagnóstico do quadro natural e agrossocioeconômico.** EMBRAPA/CPATSA, Recife. 1993.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, n.1, p.237 - 245, 1981.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman, 573p, 1973.

STATSOFT, Inc. **Statistica for Windows** (data analysis software system), version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

TIBSHIRANI, R.; WALTHER, G.; HASTIE, T. Estimating the number of clusters in a data set via the gap statistic. **Journal of the Royal Statistical Society**. 2001. URL <http://dx.doi.org/10.1111/1467-9868.00293>.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biometria no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

WALESIAK, M.; DUDEK, A. **ClusterSim: Searching for optimal clustering procedure for a data set**. R package version 0.40-6, URL 2011. <http://cran.r-project.org/web/packages/clusterSim>.

ZUCCHI, M. I. **Diversidade genética em espécies medicinais**. 2009. Artigo Disponível: <[http://www.infobibos.com/Artigos/2009\\_4/DiversidadeGenetica/index.htm](http://www.infobibos.com/Artigos/2009_4/DiversidadeGenetica/index.htm)>. Acesso em: 26/5/2013.

## **CAPÍTULO 2**

### **DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CANTIGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS DAS PLÂNTULAS**

---

<sup>2</sup>Manuscrito a ser ajustado e submetido ao comitê editorial do periódico científico da revista Pesquisa Florestal Brasileira.



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE CATINGUEIRA COM BASE EM CARACTERÍSTICAS DAS PLÂNTULAS

**RESUMO:** A família Fabaceae é uma das mais representativas da Caatinga, com 80 espécies endêmicas, destacando-se a catingueira (*Poincianella pyramidalis* Tul.). O objetivo deste trabalho foi obter informações sobre as características de sementes de catingueiras oriundas da mesorregião do Recôncavo baiano, através de caracteres morfológicos das plântulas. Foram analisados 10 genótipos de catingueira distantes no mínimo 100 metros entre si, localizados nos municípios de Santa Teresinha e Castro Alves. As plântulas foram provenientes de sementes dos genótipos identificados com plaquetas de alumínio, georreferenciados onde foram avaliadas quanto ao tamanho de epicótilo, hipocótilo e radícula. As sementes de catingueira foram obtidas a partir de 100 frutos de cada genótipo coletados nas duas localidades. Foram realizadas as análises: Análise de variância, teste de médias entre as variáveis além e da análise de agrupamento para definição da diversidade genética entre genótipos de catingueira utilizando a Distância Mahalanobis. Os resultados revelaram variabilidade entre os genótipos, havendo a formação de três grupos de dissimilaridade genética. As plântulas mais divergentes foram G6ST e G9ST do município de Santa Teresinha. A variável com maior contribuição para divergência foi tamanho de epicótilo.

**Palavras chave:** *Poincianella pyramidalis*, caatinga, progênie, variabilidade.

## GENETIC DIVERGENCE AMONG GENOTYPES OF CATINGUEIRA BASED ON CHARACTERISTICS OF SEEDLING

**ABSTRACT:** The Fabaceae family is one of the most representative of the Caatinga, with 80 endemic species, standing out the catingueira (*Poincianella pyramidalis* Tul.). The objective of this study was to obtain information about the characteristics of seeds catingueiras originated from the middle region of the Reconcavo of Bahia, through seedling morphological characters. Were analyzed 10 genotypes catingueira distant a minimum of 100 meters apart, located in the municipalities of Saint Teresinha and Castro Alves. The seedlings were coming from seeds of genotypes identified with platelet aluminum, georeferenced where they have been evaluated for size epicotyl, hypocotyl and radicle. The seeds catingueira were obtained from 100 fruits of each genotype collected the two locations. Were performed the analyzes: Analysis of variance, test of averages between the variables addition to the grouping analysis for the definition of genetic diversity among genotypes catingueira utilizing the Mahalanobis Distance. Results revealed variability among the genotypes, with the formation of three groups of genetic dissimilarity. The most divergent seedlings were G6ST G9ST and the city of Saint Teresinha. The variable with the greatest contribution to divergence was Epicotyl size.

**Key-words:** *Poincianella pyramidalis*, caatinga, progeny, variability.

## INTRODUÇÃO

O bioma da Caatinga estende-se por toda a região nordeste e na parte nordeste de Minas Gerais, marcada pelo clima semiárido (LEAL & TABARELI, 2005). Conforme Santos et al. (2009) a Caatinga representa 70% da região Nordeste e 11% do território nacional, onde vivem aproximadamente 28 milhões de habitantes.

A *Poincianella pyramidalis* (Tul.) L. P. Queiroz var. (pau de rato, catinga-de-porco) é uma espécie de ampla dispersão no Nordeste semi-árido, ocorre nos Estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, Alagoas, Sergipe e Bahia, sendo considerada endêmica da caatinga (MAIA, 2004). É uma árvore de porte médio, sem espinhos, com 4-6 m de altura, podendo atingir 12m (MAIA, 2004), além de ser uma das plantas sertanejas cujas brotações surgem às primeiras manifestações de precipitação, pelo qual é dita como anunciadora de períodos chuvosos (SILVA e MATOS, 1998). Sua maior característica é o mau cheiro exalado das folhas maceradas, justificando assim seu nome popular. A vagem é achatada, lenhosa (dura) pontuda, com 5-7 sementes que são lançadas longe quando a vagem abre bruscamente de forma elástica, se contorcendo.

A catingueira é muito utilizada na medicina popular para os casos de febre, doenças estomacais, como diurético e na alimentação para os rebanhos bovinos, caprinos e ovinos durante o período de escassez de chuva (Moura et al., 2005), além de ter sua madeira utilizada na construção civil (BRAGA, 1960).

Em relação à implementação de um programa de melhoramento genético de espécies florestais nativas é de grande importância a avaliação do desenvolvimento inicial das progênies, utilizando descritores fenotípicos com objetivo de caracterizar a diversidade genética presente a fim de identificar materiais distantes geneticamente a serem utilizados em cruzamentos intraespecíficos visando aumentar os ganhos genéticos conforme a característica desejada (COSTA et al., 2005).

Análises de agrupamentos têm sido empregadas, com frequência, na visualização e interpretação da divergência genética, com base em caracteres

morfológicos e agrônômicos em plantas perenes (DIAS et al., 1997; RIBEIRO et al., 1999; ARAUJO et al., 2002; ALVES et al., 2003; MARTEL et al., 2003; SOUSA, 2003).

Para as comunidades agrícolas, a diversidade dos seus recursos genéticos significa segurança, tanto no sentido social, cultural e econômico. A diversidade genética pode dar ao agricultor segurança contra pragas, doenças e alterações climáticas inesperadas, além do aumento de sua produtividade (VEIGA & BARBOSA, 2000).

Negreiros et al. (2008) pontuam que a divergência genética é um dos mais importantes parâmetros avaliados por melhoristas de plantas na fase inicial de um programa de melhoramento genético.

Segundo Kageyama (1980) a utilização dos ensaios de progênies, tanto a partir de sementes livres, quanto de cruzamentos controlados, representa um dos mais vantajosos mecanismos para o melhoramento florestal.

A ausência de estudos em relação à diversidade genética de *P. pyramidalis* Tul. é um dos grandes empecilhos para elaboração e planejamento de um programa de melhoramento para a espécie.

Nesse sentido, este trabalho teve por objetivo estudar a divergência genética entre genótipos de catingueira oriundas dos municípios de Castro Alves-Ba e Santa Teresinha-Ba, com base em características das plântulas.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Para realização do presente trabalho, foram utilizadas sementes de dez genótipos de catingueira selecionados a partir de sementes de oito genótipos de Santa Teresinha-BA e sementes de dois genótipos de Castro Alves-BA. Os genótipos foram georreferenciados com auxílio do GPS (Tabela 1) e marcados com placas de alumínio obedecendo à distância mínima de 100 metros entre se.

Os frutos foram encaminhados ao Laboratório de Sementes da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Inicialmente sendo colocados para secar à sombra sob ventilação.

As sementes de catingueira foram obtidas a partir de 100 frutos de cada genótipo coletados nas duas localidades, entre os meses de setembro e novembro de 2012. Para auxílio na coleta foram utilizados podão, tesoura de poda, sacos plásticos e lona plástica.

Os genótipos do município de Castro Alves-BA estão inseridos em meio à pastagem, enquanto que os de Santa Teresinha estão compondo um mata ciliar do rio denominado de “preguiça”.

**Tabela 1:** Relação de genótipos de catingueira georreferenciados. Cruz das Almas-BA, 2014

<b>Genótipo</b>	<b>Coordenadas Geográficas</b>		<b>Procedência</b>
	<b>Latitude</b>	<b>Longitude</b>	
G1ST	12°45'15" S	39° 31'01" W	Santa Teresinha
G2ST	12°45'13" S	39° 31'02" W	Santa Teresinha
G3ST	12°45'09.7" S	39°31'01" W	Santa Teresinha
G5ST	12°45'10" S	39°30'56" W	Santa Teresinha
G6ST	12°45'09" S	39°30'52" W	Santa Teresinha
G7ST	12°45'06" S	39°30'49" W	Santa Teresinha
G9ST	12°45'01.2" S	39°30'43" W	Santa Teresinha
G10ST	12°45'01.35" S	39°30'52" W	Santa Teresinha
G1CA	12°44'48" S	39°26'39" W	Castro Alves
G7CA	12°44'48.4" S	39°26'39.6" W	Castro Alves

Para extração das sementes, os frutos foram abertos manualmente, retirando-se de sua cavidade interna as sementes. Em seguida, foram semeadas no substrato comercial Plantmax® a uma profundidade de 0,5 cm, com espaçamento de 2 x 2 cm, em bandeja de polietileno (40 x 27 x 10 cm) perfurada. As bandejas foram dispostas em uma mesa de ripado suspensa, em casa de vegetação sob tela sombrite com 60% de incidência solar. O experimento foi disposto em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições e dez tratamentos (genótipos), cada repetição foi composta de uma bandeja, onde foram semeadas sementes de catingueira, e realizadas irrigações diárias (Figura 1).

Diariamente foram semeadas cinco sementes por repetição em cada tratamento até que formasse plântulas completas. Posteriormente após a formação de todas as plântulas, essas foram avaliadas quanto ao tamanho da raiz primária (cm), hipocótilo (cm) e do epicótilo (cm) (Figura 2). O estágio de plântula foi considerado quando o eófilo encontrou-se totalmente formado.



Figura 1: Plântulas de catingueira em desenvolvimento. Cruz das Almas-BA, 2014.

Fonte: SOUZA, L. S.(2012).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e comparados pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade.

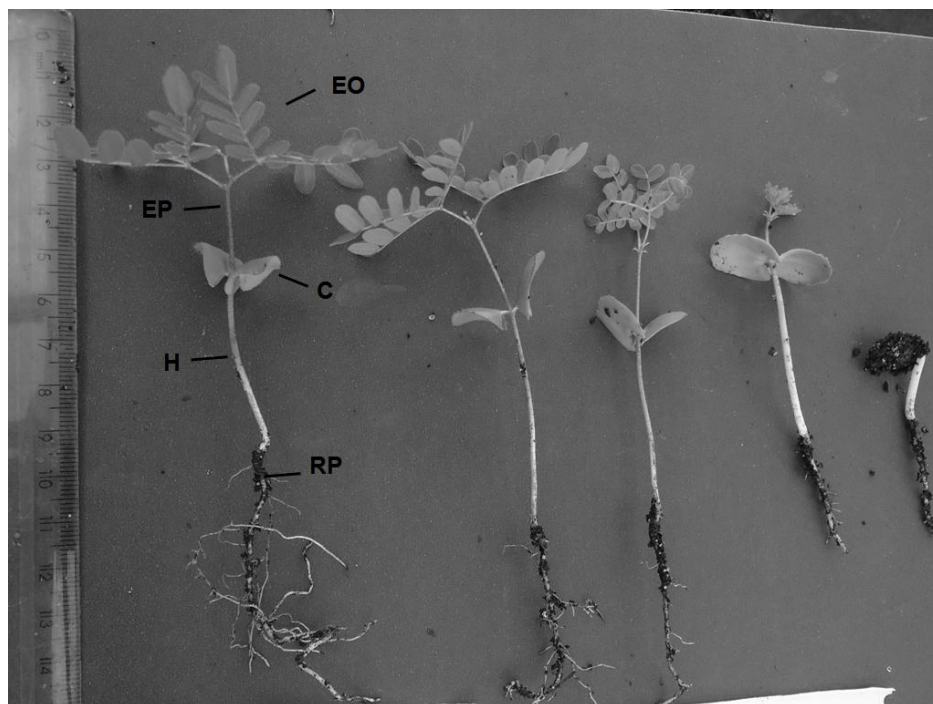


Figura 2: Fases do desenvolvimento de catingueira. EO - eófilo; EP - epicótilo ; C - cotilédones;; H - hipocótilo; RP - raiz primária. Cruz das Almas-BA, 2014.

Para a avaliação de divergência genética entre as plântulas de catingueira foi calculada a medida de dissimilaridade, expressa pela distância generalizada de Mahalanobis, que possibilita a análise da correlação entre os caracteres quantitativos (CRUZ et al., 2004).

Com auxílio do programa GENES (CRUZ, 2008) foram realizadas as análises de agrupamentos hierárquicos a partir das matrizes de distância genética obtidas pelo método UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH & SOKAL, 1973). Para a contribuição relativa de cada característica avaliada de agrupamento dos dados quantitativos foi realizada uma análise de variância intergrupos através do teste t e obtida a contribuição relativa das variáveis quantitativas para divergência entre os genótipos conforme Singh (1981). A obtenção da matriz de distância genética e o cálculo dos coeficientes de correlação cofenético (CCC), utilizou-se o programa Genes (CRUZ, 2008). O dendrograma foi obtido pelo programa STATISTICA (STATSOFT, 2005). A análise de variância foi realizada através do programa SAS (SAS INSTITUTE, 2006).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 2 apresenta o número médio de dias para a emergência das plântulas dos genótipos avaliados de catingueira. Observa-se uma variação de 5 e 6 dias, com uma média geral de 5,70 dias com o tegumento ainda aderido aos cotilédones e o coeficiente de variação de 8,47%. Já a formação da plântula normal oscilou entre 9 e 11 dias, sendo a média de 9,50 dias, com formação do sistema radicular pivotante, e o coeficiente de variação de 8,95.

Tabela 2: Relação de plântulas provenientes de sementes de genótipo de catingueira dos municípios de Santa Teresinha-BA e Castro Alves-BA referente a emergência das plântulas. Cruz das Almas-BA, 2014.

<b>Plântulas</b>	<b>Emersão (dias)</b>	<b>Formação Plântula (dias)</b>	<b>Procedência</b>
G1ST	6,00	9,00	Santa Teresinha
G2ST	5,00	9,00	Santa Teresinha
G3ST	6,00	10,00	Santa Teresinha
G5ST	6,00	11,00	Santa Teresinha
G6ST	6,00	9,00	Santa Teresinha
G7ST	6,00	9,00	Santa Teresinha
G9ST	5,00	9,00	Santa Teresinha
G10ST	5,00	9,00	Santa Teresinha
G1CA	6,00	9,00	Castro Alves
G7CA	6,00	11,00	Castro Alves
Média Geral	5,70	9,50	
CV (%)	8,47	8,95	

Na Tabela 3 encontra-se a ANAVA dos valores analisados das plântulas de catingueira. Observa-se o efeito altamente significativo ( $p < 0,01$ ) para tratamentos pelo teste F, indicando que entre os genótipos foi possível identificar diferentes tamanhos de epicótilo entre as plântulas dos genótipos, e com um coeficiente de variação (CV) de 11,08 %. Em relação ao tamanho do hipocótilo foi encontrado um efeito significativo ( $p < 0,05$ ) pelo teste F,



mostrando que entre os genótipos ocorreu diferenciação, já para o tamanho de radícula os resultados foram não significativos, ou seja, não apresentando diferença entre as plântulas dos genótipos.

Tabela 3: Resumo da análise de variância das médias para tamanho em cm de: epicótilo (EP), hipocótilo (H), e radícula (R) de plântulas de catingueira. Cruz das Almas-BA, 2014.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio		
		EP	H	R
Tratamento	9	0,0981**	0,2078*	7,9022 <sup>ns</sup>
Erro	20	5630,089	24345,3	2514,582
Total	29			
Média Geral		1,83	3,48	8,46
CV (%)		11,08	7,25	32,17

\*\* e \* significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F.  
ns: não-significativo pelo teste F.

O epicótilo é uma zona entre os cotilédones e a plúmula, onde segundo Gloria & Guerreiro (2003) é originado o caule que serve de suporte mecânico para as folhas e para as estruturas de reprodução do vegetal, sendo também responsável pela condução de água e sais das raízes para as partes aéreas e das substâncias aí produzidas, para as demais regiões da planta, estabelecendo assim, a conexão entre todos os órgãos do vegetal.

Na Tabela 4 observa-se que entre as plântulas dos genótipos de catingueira ocorreu efeito altamente significativo ( $p < 0,01$ ) para tamanho de epicótilo, pelo teste F, destacando-se o G2ST com 2,20 cm e o G6ST com 2,26 cm provenientes de Santa Teresinha-BA (Tabela 4).

A superioridade no tamanho de epicótilo em relação aos demais genótipos conforme o teste Scott e Knott a 5% de probabilidade é um elemento que mostra a existência de variabilidade. Com isso, de acordo com Silva et al. (2009) a presença de variabilidade significativa entre as progênies, é possível identificar indivíduos desejáveis para os caracteres de emergência e crescimento inicial de plântulas.

Tabela 4: Valores médios do comprimento do epicótilo (cm), hipocótilo (cm) e raiz (cm) de plântulas de catingueira provenientes de genótipos de Castro Alves-BA e Santa Teresinha-BA. Cruz das Almas-BA, 2014.

Plântulas	Tamanho		
	Epicótilo	Hipocótilo	Raiz
G1CA	1,83 b	3,00 a	4,38 a
G7CA	1,80 b	3,58 a	9,28 a
G1ST	1,91 b	3,35 a	9,61 a
G2ST	2,20 a	3,83 a	10,21 a
G3ST	1,56 b	3,37 a	8,21 a
G5ST	1,63 b	3,40 a	8,97 a
G6ST	2,26 a	3,37 a	9,10 a
G7ST	1,50 b	3,49 a	9,08 a
G9ST	1,67 b	3,94 a	7,59 a
G10ST	1,88 b	3,41 a	8,20 a
Média Geral	1,83	3,47	8,46
CV (%)	11,08	7,25	32,17

Média seguida pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade.

As plântulas provenientes dos genótipos de catingueira menos distantes foram a G3ST e G5ST com valor de 0,23 e aquelas que mais se distanciaram em relação às demais foram G6ST e G9ST com valor de 20,37 (Tabela 5).

O coeficiente de correlação cofenético para as variáveis quantitativas entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original foi de 0,71. De acordo com Bussab et al. (1990) são aceitáveis valores de coeficiente de correlação cofenético a partir de 0,80 para as análises de agrupamento. Porém, Rohlf e Fisher (1968) afirmam que para ser considerados como bons resultados os coeficientes devem apresentar valores superiores a 0,91.

Segundo Bussab et al. (1990) os coeficientes com valores compreendidos entre 0,60 e 0,80 são provenientes da pequena quantidade das variáveis e a qualidade dos dados obtidos. Desta forma, devem-se realizar

trabalhos posteriores com um número de variáveis maior para a caracterização das plântulas de catingueira. Salieta-se que durante a execução deste trabalho houve um período de seca muito intensa nas regiões estudadas o que prejudicou a coleta de frutos e sementes conseqüentemente diminuindo a amostragem.

Em relação a análise de agrupamento, Sokal e Rohlf (1962) propõem que, dos métodos hierárquicos aglomerativos, o UPGMA (*Unweighted pair-group method with arithmetic averaging*), é o que apresenta os dendrogramas com coeficiente de correlação cofenético (CCC) máximo. Segundo os autores, a adequação do método é feita por meio do CCC, que é calculado pelos elementos da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética. Essa medida é a concordância entre os valores originais de dissimilaridade e os representados no dendrograma, obtendo-se somente os valores encontrados acima da diagonal das referidas matrizes.

Tabela 5: Matriz de dissimilaridade de 10 plântulas de catingueira para 3 descritores quantitativos baseada nas características das plântulas. Cruz das Almas, 2014.

Plântulas	G1CA	G7CA	G1ST	G2ST	G3ST	G5ST	G6ST	G7ST	G9ST	G10ST
G1CA	0,00	9,55	6,15	18,31	6,96	7,31	9,96	11,53	19,05	4,95
G7CA		0,00	1,60	4,73	2,01	1,01	7,91	2,32	3,71	1,01
G1ST			0,00	4,78	3,89	2,48	3,29	5,88	10,06	0,39
G2ST				0,00	12,71	9,86	4,30	13,43	10,68	5,28
G3ST					0,00	0,23	13,86	0,58	5,15	2,62
G5ST						0,00	11,25	0,79	4,95	1,65
G6ST							0,00	17,53	20,37	4,53
G7ST								0,00	3,34	4,47
G9ST									0,00	7,60
G10ST										0,00

A utilização da média da matriz de distância de Mahalanobis como critério de ponto de corte apresentou a formação de três grupos pelo método UPGMA com uma média da matriz de distância de agrupamento estimada em 6,08 (Figura 3).

Na Figura 3 está disposto o grupo I que é constituído isoladamente pela plântula G1CA, divergente em relação aos demais genótipos, sendo uma alternativa na escolha deste em posteriores cruzamentos, enquanto que o grupo II foi composto por sete genótipos, indicando maior homogeneidade dentro do grupo, o grupo III, constituído por G2ST e G6ST.

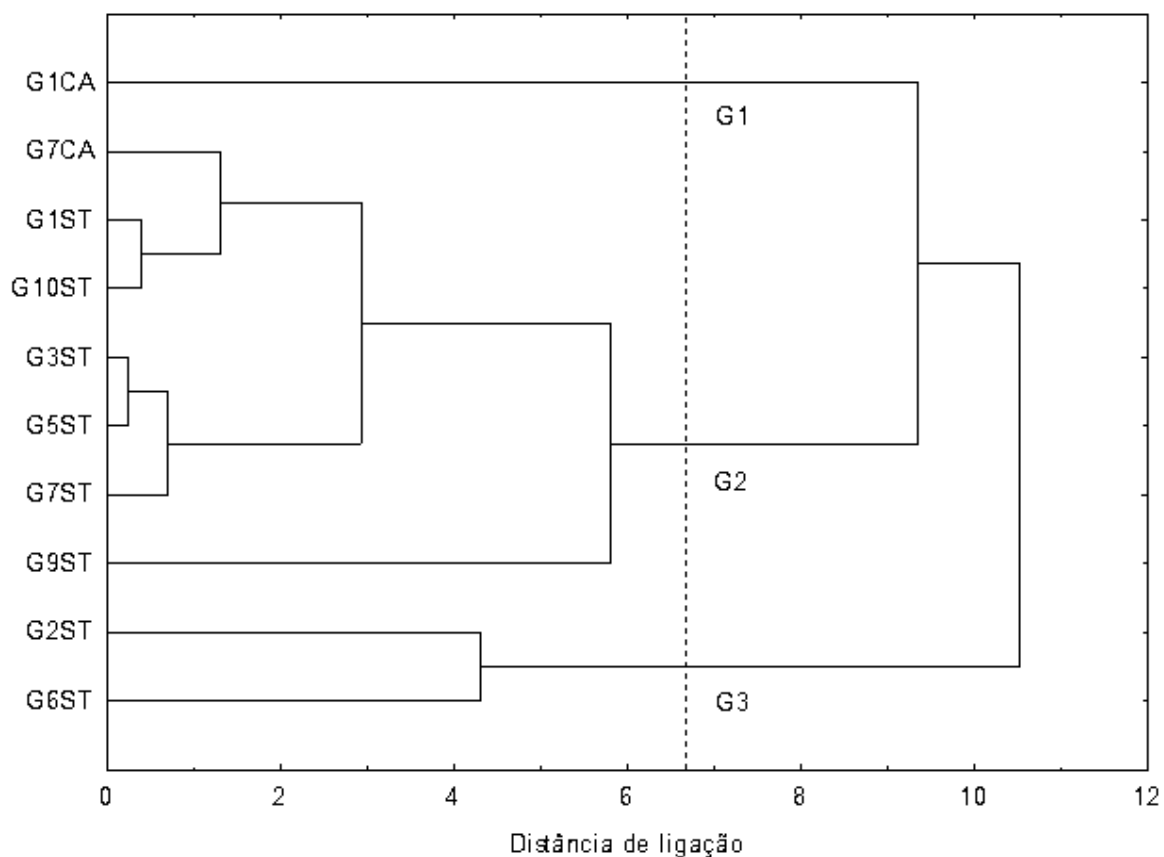


Figura 3: Dendrograma construído com base nas medidas de dissimilaridade pelo método de agrupamento UPGMA entre 10 plântulas de catingueira. Cruz das Almas - BA, 2014.

A variável, tamanho de epicótilo, apresentou-se como o caráter de maior importância dentre as três variáveis avaliadas, uma vez que apresentou a maior percentagem de contribuição quanto à divergência genética (53%), sendo as plântulas dos genótipos de Santa Teresinha G2ST e G6ST com maior tamanho em centímetros sendo responsável pela maior percentagem de toda variabilidade dos dados (Tabela 6).

Tabela 6: Contribuição relativa das variáveis para divergência em plântulas de catingueira dos municípios de Santa Teresinha e Castro Alves no Estado da Bahia com base no coeficiente de Singh, (1981). Cruz das Almas-BA, 2014.

Variável	Contribuição relativa (%)
Tamanho do epicótilo (cm)	53
Tamanho do hipocótilo (cm)	35
Tamanho de raiz (cm)	12

Cunha & Ferreira (2003) relatam a necessidade de estudos visando descrever aspectos biométricos de frutos e sementes e os morfológicos de plântulas e plantas jovens.

No presente trabalho, as informações geradas poderão contribuir com posteriores estudos de produção de mudas com vistas à subsidiar novos estudos, visando promover o cruzamento entre genótipos promissores de forma a possibilitar a recombinação entre materiais divergentes e com boas características de produção da mudas.

## CONCLUSÃO

- 1 - Houve divergência com a formação de três grupos, e o G1 de Castro Alves se destacando dos demais.
- 2 - As plântulas mais divergentes foram G6ST e G9ST(Santa Teresinha).
- 3 - A variável com maior contribuição para divergência foi tamanho de epicótilo.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, p.807-818, 2003.

ARAUJO, D. G.; CARVALHO, S. P.; ALVES, R. M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd. ex Spreng. Schum.). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, p.13-21, 2002.

BRAGA, R. **Plantas do Nordeste – Especialmente do Ceará**. Editora Universitária da UFRN, 4ª Edição, Natal – RN, 1960.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p. 1990.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V. de; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética dentro de progênie de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, RS, n. 15, p. 371-376, 2005.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, p. 377 - 413.

CUNHA, M. C. L.; FERREIRA, R. A. Aspectos morfológicos da semente e do desenvolvimento da planta jovem de *Amburana cearensis* (Arr. Cam.) A.C. Smith - cumaru - Leguminosae - Papilionoideae. **Revista Brasileira de Sementes**, v.25, p.89-96, 2003.

DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotrópica**, v.9, p.29-40, 1997.

GLÓRIA, B. A.; GUERREIRO, S. C. M. **Anatomia vegetal**. Viçosa, Mg: Editora UFV, 2003. 438p.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

LEAL, I.; SILVA, J. M. C. da; TABARELLI, M.; LACHER JR., T. E. Mudando o curso da conservação da biodiversidade na Caatinga do Nordeste do Brasil. **Megadiversidade**, v.1, n.1, p.139-146, 2005.

MAIA, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades**. São Paulo: Leitura e Arte, p.159-169. 2004.

MARTEL, J. H. I.; FERRAUDO, A. S.; MÔRO, J. R.; PERECIN, D. **Estatística multivariada na discriminação de raças amazônicas de pupunheiras (*Bactris gasipaes* Kunth.)** em Manaus. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.25, p.1-9. 2003.

MOURA, Z. A.; SANTOS M. E.; FERREIRA, J. D.; ALMEIDA, J. C. C.; MACEDO JÚNIOR, G. L.; OLIVEIRA, J. S. **Composição bromatológica de leguminosas do semi-árido brasileiro**. 05 julho 2005. Disponível em: <http://www.lrrd.org/lrrd17/8/zani17087.htm>. Acesso em Acesso em: 15 jan. 2014.

NEGREIROS, J. R. D. S.; ALEXANDRE, R. S.; ÁLVARES, V. D. S.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D. Divergência genética entre progênes de maracujazeiro amarelo com base em características das plântulas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 30, n. 1, p. 197-201, 2008.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. P. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 1615-1622, 1999.

ROHLF, F. J.; FISHER D. L. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, v.17, p. 407 – 412, 1968.

SANTOS, J. A. F.; SANTOS, A. P. B.; NASCIMENTO, M. F. S.; SANTO, F. S. E. **Guia de campo de árvores da Caatinga**. Petrolina. PE, v.1, 2009, 64p.

SAS, INSTITUTE; **SAS Technical Report**. SAS/STAT software: Changes and Enhancement, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2006.

SILVA, F. DE A. S.; AZEVEDO, C. A. V. de. Principal components analysis in the software Assistat-statistical attendance. In: WORLD CONGRESS ON COMPUTERS IN AGRICULTURE, 7., Reno-NV, USA. **Anais...** Reno-NV, USA: American Society of Agricultural and Biological Engineers, 2009.

SILVA, L. M. M.; MATOS, V.P. Morfologia de frutos, sementes e plântulas de catingueira (*Caesalpinia pyramidalis* Tull – Caesalpinaceae) e juazeiro (*Zizypus joazeiro* Mart – Rhamnaceae). **Revista Brasileira de sementes**, v.20, n.2, p.25-31, 1998.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245, 1981.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. Numerical taxonomy: **The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

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



SOUSA, N. R. **Variabilidade genética e estimativas de parâmetros genéticos em germoplasma de guaranazeiro**. 2003. 99p. (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG.

STATSOFT, Inc. **Statistica for Windows** (data analysis software system), version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

VEIGA, R. F. de A. (Coord.); BARBOSA, W. (Org.). **Recursos Genéticos no Estado de São Paulo: coleta, intercâmbio, caracterização, avaliação, conservação e informatização**. Projeto Temático. Campinas: IAC, 2000.

## **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

Os resultados obtidos neste estudo permitiram inferir estimativas sobre o grau de dissimilaridade genética entre os genótipos de catingueira na região do Recôncavo baiano, identificando a existência de variabilidade genética entre os genótipos. Essas informações são importantes na geração de conhecimento sobre a diversidade da espécie na região do Recôncavo baiano de forma a indicar possíveis ações para programas de conservação e melhoramento genético da catingueira.

Espera-se com os resultados deste estudo identificar indivíduos potenciais para fornecimento de propágulos para promover plantios de conservação, bem como incentivar produtores a investir na produção de sementes como alternativa de renda promovendo uma maior qualidade de vida dos agricultores.

Neste contexto, ressalta-se a necessidade de haver continuidade da pesquisa com trabalhos futuros ampliando as coletas com maior quantidade de genótipos e em outras regiões do Recôncavo como também o uso de técnicas moleculares na análise conjunta dos dados a fim de comparar e quantificar a diversidade da espécie.