



**Avaliação dos descritores morfoagronômicos de *Pilocarpus Microphyllus*
Stapf Ex Wardleworth - Rutaceae**

**Evaluation studies of words and morphological *Pilocarpus Microphyllus*
Stapf Ex Wardleworth – Rutaceae**

**Evaluación de descriptores morfogronómicos de *Pilocarpus Microphyllus*
Stapf Ex Wardleworth – Rutaceae**

DOI: 10.55905/revconv.17n.12-143

Originals received: 10/01/2024

Acceptance for publication: 10/25/2024

Osmar Alves Lameira

Doutor em Fitotecnia, Biotecnologia de Plantas
Instituição: Embrapa Amazônia Oriental
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: osmar.lameira@embrapa.br

Anderson da Silva Costa

Doutor em Biodiversidade e Biotecnologia
Instituição: Universidade Federal do Pará
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: anderson.costa@embrapa.br

Ruanny Karen Vidal Pantoja Portal Moreira

Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia
Instituição: Universidade Federal do Pará
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: ruanny_vidal@hotmail.com

Simone Rodrigues de Miranda

Doutora em Biologia Molecular
Instituição: Embrapa Amazônia Oriental
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: simone.rodrigues@embrapa.br

Lays da Silva Gomes

Graduada em Agronomia
Instituição: Universidade Federal Rural da Amazônia
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: layssilva801@gmail.com



Pedro Henrique Santos Lima

Graduando em Agronomia
Instituição: Universidade Federal Rural da Amazônia
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: pl15352@gmail.com

Thalia da Silva Oliveira

Graduanda em Biotecnologia
Instituição: Universidade Federal do Pará
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: thalia.silva0104@gmail.com

Thainara da Silva Oliveira

Graduanda em Biotecnologia
Instituição: Universidade Federal do Pará
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: thainaraoliveira1101@gmail.com

Cyanne Anastácia Seabra Quaresma

Graduanda em Farmácia
Instituição: Centro Universitário Fibra
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: cyanneanastacia@hotmail.com

Marcelly Christine de Souza Diniz

Graduanda em Farmácia
Instituição: Centro Universitário Fibra
Endereço: Belém - Pará, Brasil
E-mail: christinrmarcelly@gmail.com

RESUMO

A avaliação e caracterização de germoplasma são importantes, pois auxilia no conhecimento e no uso da variabilidade genética. Este estudo teve como objetivo avaliar os descritores morfoagronômicos de *Pilocarpus microphyllus* Stapf ex Wardleworth (jaborandi) dos acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, visando à diferenciação entre os mesmos. Inicialmente, foram analisados 21 caracteres qualitativos, para verificação dos que apresentavam eficácia para diferenciação e os que não possuíam foram descartados. Em seguida, planilhados no Excel, confeccionados gráficos para os resultados e formulação da listagem preliminar com descritores. Além disso, foram avaliados quatro características quantitativas sendo: altura da planta (AP) (cm), comprimento do pecíolo (CPe) (cm), largura da folha (LFO) (cm), comprimento da folha (CFO) (cm) pertencentes a 10 acessos. As mensurações foram submetidas ao programa estatístico GENE; constatando que a maior dissimilaridade ocorreu entre os genótipos 1 e 4, com o descritor LFO de maior contribuição relativa para a divergência. Foi percebida a formação de 3 grupos de genótipos divergentes.

Palavras-chave: plantas medicinais, Amazônia, distâncias euclidianas, germoplasma.



ABSTRACT

The evaluation and characterization of germplasm is important, as it helps in the knowledge and use of genetic variability. This study aimed to assess the morphological descriptors and perform morfoanatomy study of the leaf blade of *Pilocarpus microphyllus* Stapf ex Wardleworth (jaborandi) of active germplasm accessions of the Bank of Embrapa Eastern Amazon, in order to differentiate between them. 21 were qualitative caracets evaluated to discard the descriptors that did not show efficacy for differentiation, after that were in excel and graphics made for results and formulating the list with descriptors. In addition, we evaluated four quantitative traits and plant height (AP) (cm), petiole length (CPC) (cm), leaf width (LFO) (cm), leaf length (CFO) (cm) belonging 10 hits. The measurements were subjected to statistical program GENE; noting that the largest dissimilarity occurred between genotypes 1 and 4, with the LFO descriptor greater relative contribution to the divergence. It was noticed the formation of three groups of different genotypes.

Keywords: medicinais plants, Amazon, euclidean distances, germplasm.

RESUMEN

La evaluación y caracterización del germoplasma es importante, ya que ayuda en el conocimiento y aprovechamiento de la variabilidad genética. Este estudio tuvo como objetivo evaluar los descriptores morfoagronómicos de *Pilocarpus microphyllus* Stapf ex Wardleworth (jaborandi) de accesiones pertenecientes al Banco Activo de Germoplasma de la Amazonía Oriental Embrapa, con el objetivo de diferenciarlos. Inicialmente se analizaron 21 caracteres cualitativos para verificar cuáles eran efectivos para la diferenciación y se descartaron los que no. Luego se realizaron hojas de cálculo en Excel, se crearon gráficos para los resultados y se formuló el listado preliminar con descriptores. Además, se evaluaron cuatro características cuantitativas: altura de la planta (AP) (cm), longitud del pecíolo (CPe) (cm), ancho de la hoja (LFO) (cm), longitud de la hoja (CFO) (cm) pertenecientes a 10 aciertos. Las mediciones fueron enviadas al programa estadístico GENE; observando que la mayor disimilitud ocurrió entre los genotipos 1 y 4, siendo el descriptor LFO el que tuvo la mayor contribución relativa a la divergencia. Se observó la formación de 3 grupos de genotipos divergentes.

Palabras clave: plantas medicinales, Amazonia, distancias euclidianas, germoplasma.

1 INTRODUÇÃO

O gênero *Pilocarpus*, é a única fonte natural da droga pilocarpina, um alcaloide imidazólico que é usado na oftalmologia para contração da pupila e em tipos primários de glaucoma. A pilocarpina era usada pelos índios brasileiros por causar sudorese e salivação (Merck, 1989).

O jaborandi (*Pilocarpus microphyllus* Stapf ex Wardleworth) pertence à família Rutaceae. Dentre as treze espécies que ocorrem no Brasil, *Pilocarpus microphyllus* é considerado



o jaborandi verdadeiro por possuir maiores teores de pilocarpina em suas folhas e por isso é o mais intensamente coletado e com poucas caracterizações genéticas estudadas, o que pode ser realizada através dos recursos genéticos em laboratório ou em acessos através dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) facilitando a conservação, caracterização e melhoramento genético (Costa, 2005).

A caracterização de germoplasma é importante, pois auxilia no conhecimento e no uso da variabilidade genética, permitindo aos melhoristas selecionar acessos para obtenção de populações e linhagens que atendam as necessidades específicas de um programa de melhoramento. Além disto, a caracterização morfoagronômica deve considerar descritores botânicos de alta herdabilidade, fácil mensuração e pouca interação genótipo x ambiente. Os aspectos morfológicos e fenológicos também devem ser observados de forma sistemática nos acessos, por meio de descritores, que são caracteres utilizados para descrever um acesso. Na avaliação de germoplasma, para maior confiabilidade dos dados, torna-se necessário o uso de um modelo experimental, que obedeça aos princípios básicos da experimentação agrícola (Valls, 2007)

Em 1992, em Belém, no estado do Pará, foi estabelecido um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de jaborandi na Embrapa Amazônia Oriental em Belém-PA, com o objetivo de avaliar os descritores morfoagronômicos da espécie *Pilocarpus microphyllus* Stapf ex Wardleworth (jaborandi)-Rutaceae visando à diferenciação entre os acessos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 ÁREA DE ESTUDO

O material botânico foi coletado no horto de plantas medicinais e aromáticas pertencentes a Embrapa Amazônia Oriental, que está localizado a 078°43'42" S de latitude e 98°40'862" W de longitude. E mais especificamente, no BAG de Jaborandi da Embrapa Amazônia Oriental localizada no município de Belém no Estado do Pará.



2.2 COLETA DO MATERIAL

Foram coletadas dez amostras pertencentes ao BAG - jaborandi, em dez acessos com as seguintes denominações e ocorrências, como segue na Tabela 1. Essas amostras são cultivadas a pleno sol e com adubação orgânica.

Tabela 1. Acessos e procedências das amostras utilizadas no estudo

Acessos	Procedência
MERCK	Barra do Corda (MA)
BONAL 4	Moju (PA)
BONAL 3	Moju (PA)
BONAL 2	Moju (PA)
BONAL 1	Moju (PA)
NBB	Novo Breu Branco (PA)
BRA 167	Brejo (MA)
SERRA SUL	Parauapebas (PA)
AÇAILANDIA	Açailandia (MA)
MAÍSA	Moju (PA)

Fonte: Autores (2024)

2.3 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Foram avaliados 28 características para o jaborandi sendo 21 qualitativas e 7 quantitativas. Essas características foram analisadas em 31 acessos.

A partir disto, escolheram-se dez amostras aleatórias para realizar as conferências. Os parâmetros qualitativos foram: cor da folha apical, cor do pecíolo, cor da epiderme, forma da folha, base foliar, ápice foliar, hábito, tipo de folha, filotaxia, tipo de margem, venação foliar, consistência da folha, tipo de inflorescência, cor da flor, tipo de infrutescência, tipo de caule, disposição da folha sobre o caule, estípula, simetria, superfície, divisão do limbo.

Os folíolos foram coletados a partir do terceiro nó, sempre de cima para baixo. As mensurações e contagens foram: número de folíolos/folha, altura da planta (estabelecido em centímetros-cm), largura do folíolo-Lffo (cm), comprimento do pecíolo-Cpe (cm), largura da folha-LFO (cm), comprimento da folha-CFO (cm) e comprimento pecíolo-Cpe (cm), cujas mensurações ocorreram com o auxílio de paquímetros digitais, fitas diamétricas, réguas graduada e trenas graduadas em centímetros.

A mensuração foi feita a partir do colo da planta até a extremidade final da haste. O Comprimento do pecíolo foi obtido pela mensuração com régua graduada em centímetros. A



mensuração foi feita a partir da base do pecíolo até a sua extremidade final. Estas características foram analisadas em 31 acessos e, posteriormente, restringiu-se a 10 acessos, devido ser a melhor amostragem para tratamento estatístico, após isso, realizou-se o potencial da repetitividade com mensurações de três, seis e nove medições.

Após a análise dos caracteres, restringiu-se a quatro caracteres de importância mensurativa em centímetros, sendo tabelados em planilha excell, os quais foram submetidos ao programa estatístico GENE.

No que tange aos aspectos morfológicos, seguiu-se os estudos realizados por (Agarez, *et al.*, 1994, Castro, 2006). Em relação, aos caracteres qualitativos adaptou-se a metodologia proposta por Fukuda e Guevara (1998).

2.4 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

A fim de verificar a existência de variabilidade genética entre os acessos, os dados quantitativos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade, utilizando o *software* GENE, versão 5.0 (Ferreira, 2007).

Para realizar uma análise exploratória dos dados foi feita uma Análise de Componente Principal (PCA-Principal Component Analysis). A PCA foi aplicada aos valores médios das variáveis de respostas de cada tratamento, sendo realizada uma PCA para cada grupo de acessos. Os dados foram pré-processados empregando-se auto escalonamento e os resultados estão demonstrados pelos gráficos dos escores e dos pesos, com duas componentes principais (PC) explicadas pelas suas variâncias.

Na técnica de agrupamento foi utilizada a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade e na delimitação dos grupos foi utilizado o método hierárquico das médias das distâncias (UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*).

2.4.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento trata da identificação de grupos de indivíduos similares após a estimação de uma matriz de dissimilaridade. Há inúmeros métodos de agrupamento que se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definir a



proximidade entre um indivíduo ou um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer. Em todos os casos não se conhece, *a priori*, o número de grupos a serem estabelecidos, e diferentes métodos proporcionam diferentes resultados (Cruz & Carneiro, 2006).

Os métodos de agrupamentos têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Bertan *et al.*, 2006).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos (Bertan *et al.*, 2006). Dentre os mais utilizados estão o método de ligação simples ou vizinho mais próximo, ligação completa ou vizinho mais distante e ligação média entre grupos (UPGMA) (Cruz, 2001).

Nos métodos de otimização os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento, ou seja, o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida, onde o método de otimização mais utilizado no melhoramento genético é o proposto por Tocher (Cruz & Carneiro, 2006).

A aplicação dos métodos de agrupamento depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Cruz *et al.*, 2004), entre as quais encontram-se a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Por considerar a correlação entre as variáveis estudadas, por meio da matriz de dispersão, a distância generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de delineamentos experimentais, especialmente quando existe correlação entre os caracteres, possibilitando decisões mais consistentes (Cruz & Regazzi, 1994). Já a distância Euclidiana não exige experimentos que envolva delineamentos experimentais.

2.4.2 Análise de componentes principais- ACP

A análise de componentes principais é uma técnica estatística de análise multivariada que transforma linearmente um grupo de variáveis num conjunto substancialmente menor, de variáveis não correlacionadas, responsável pela maior parte da informação do conjunto original (Silva & Padovani, 2006).



A ACP vem se destacando como a metodologia mais empregada em bancos e ou coleções de germoplasma, pois além de identificar os caracteres mais importantes na contribuição de variação total disponível entre os indivíduos analisados, fornece indicação para eliminar os que pouco contribuem (Alves, 2002). Essa técnica baseia-se apenas nas informações individuais de cada subamostra, sem a necessidade de dados com repetições (Cruz & Carneiro, 2006).

De acordo com Dias *et al.*, (1997) a importância de cada componente principal é dada pela porcentagem de variância total que ele absorve. A prática de análise de componentes principais é considerada sob o objetivo de redução do espaço paramétrico. Uma das dificuldades encontradas pelos pesquisadores no uso dessa técnica consiste na determinação do número de componentes que deve ser utilizado na redução do espaço paramétrico (Silva & Padovani, 2006).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2001), sendo os dados analisados por meio do seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij} \quad (1)$$

em que:

Y_{ij} : valor observado da parcela que recebeu o tratamento i no bloco j ;

μ : média

t_i : efeito do tratamento i ;

b_j : efeito do bloco j ;

e_{ij} : erro experimental associado à parcela que recebeu o tratamento i no bloco j .

2.4.3 Dissimilaridade-Medida de dissimilaridade (Distância de Mahalanobis)

Inicialmente, realizou-se a análise multivariada (individual e conjunta), sendo obtidas as matrizes de médias de cada descritor e covariâncias residuais. A partir dessas matrizes, foram calculadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2_{ij}), definidas pela seguinte expressão: $D^2_{ij} = (X_i - X_j)'E^{-1}(X_i - X_j)$, em que: X_i e X_j são os vetores médios associados aos acessos i e j , respectivamente; E^{-1} é a matriz de covariâncias residuais (Cruz & Regazzi, 1994).

Foi utilizado o critério de Singh (1981), para estimar a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética entre os acessos, conforme descrito em Cruz & Regazzi (1994).

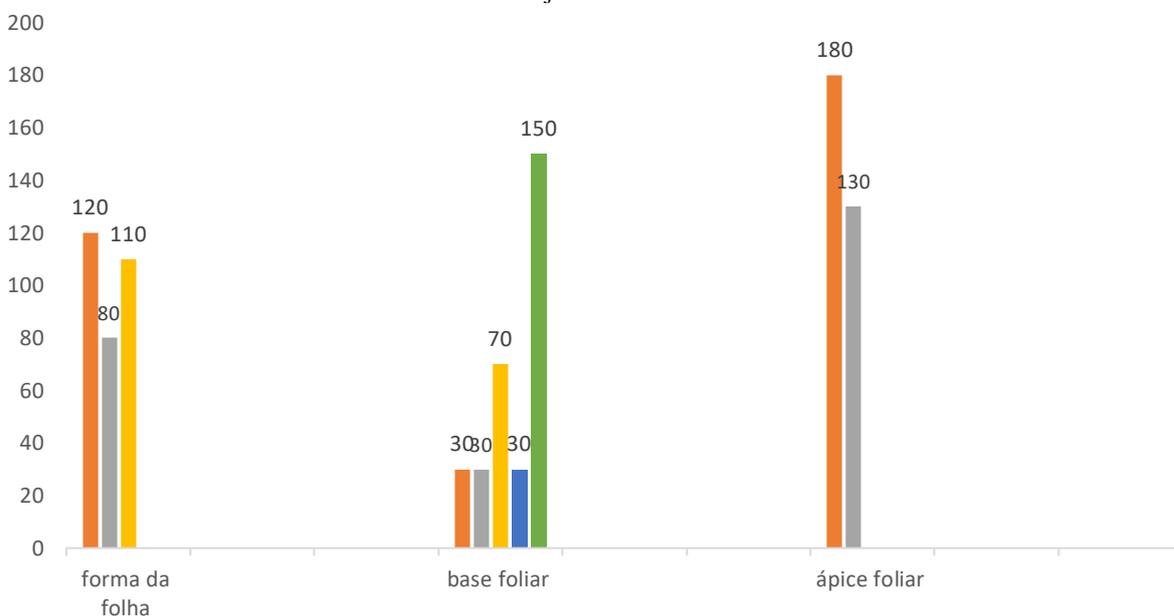


3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS

Após análises qualitativas foi elaborado o gráfico (Figura 1) que representa resumidamente os valores dos caracteres qualitativos nas amostras de jaborandi.

Figura 1. Gráfico dos caracteres qualitativos nas amostras de *Pilocarpus microphyllus* pertencentes ao BAG de jaborandi.



	Morfologia		Caracteres qualitativos		
	elíptica	oval	oblonga		
forma da folha	120	80	110		
base foliar	cuneada	atenuada	obtusa	aguda	Arredondado
	30	30	70	30	150
ápice foliar	abcordado	retuso			
	180	130			

Fonte: Autores (2024)

As amostras estudadas referentes aos 31 acessos da espécie *Pilocarpus microphyllus* apresentaram aspectos qualitativos fenotípicos referentes aos formatos das folhas variando de elíptica, oval a oblonga, sendo que o caráter elíptico encontrava-se em 120, a oblonga em 110 e o oval em 80. Verificou-se ainda, que a base foliar apresentou fenótipo bem variado: aguda,



arredondada, atenuada, obtusa e cuneada; sendo que o caráter agudo encontrava-se em 30, o arredondado em 150, o atenuado em 30, o obtuso em 70 e o cuneado ao longo de 30 acessos. Em relação, ao ápice foliar variou de obcordado a retuso, sendo que o obcordado encontrava-se em 180 e o retuso em 130.

Estes caracteres designaram distinções nítidas podendo ser indicados como possíveis descritores. Já os aspectos cor da folha apical, cor da epiderme e o pecíolo não apresentam distinções, pois todos os citados apresentavam coloração verde claro e verde escuro para o pecíolo; O hábito das amostras são todas do tipo terrestre, com folhas do tipo completa e compostas e com venação peninérvea; foi registrado que a consistência era do tipo membranáceo e quando a inflorescência era observada possuía classificação do tipo cacho com frutos descentes. Essas amostras eram do tipo arbusto, cujas folhas sobre o caule eram alternas verticiladas, com estípulas características da família.

Diagnosticou-se, além disto, que a simetria das folhas eram assimétricas, de superfície glaba e cuja divisão do limbo era pinada e imparipenada. Esses parâmetros como não apresentam diferenças ao longo de todos os acessos, possivelmente não serão considerados como descritores para a espécie em estudo.

Em relação aos quantitativos foi aplicado inicialmente o coeficiente de repetitividade, que designa as melhores condições amostrais, possibilitando o padrão estatístico com maior grau de eficácia, como segue na Tabela 2.

Tabela 2. Coeficientes de repetitividades para o jaborandi, dados para inserção no GENE.

Acesso	Repetição	CF (cm)	AP (cm)	Lfo (cm)	Cpe (cm)
Merck	1	11	2.58	2.5	4.4
	2	14.5	3.1	2,5	5.5
	3	14	3.53	2.5	5.2
	4	10	3.8	3	4.9
	5	13	2.9	3.5	5,6
	6	14.5	4.5	4.5	4
	7	11.5	3.1	2,5	2.5
	8	11	3,53	5,5	2
Bonal 4	9	10	4.25	3.7	3.7
	1	14,5	4,5	4,5	4
	2	11,5	3,1	2,5	2,5
	3	11	3,53	5,5	2
	4	10	3.8	3	3,5
	5	16	4.9	3,5	6.7
	6	13,2	6.40	2.3	3
	7	14	5,5	2.5	3.5
8	15	6,53	2.3	3.4	



Bonal 3	9	11.6	4.5	3.7	4.3
	1	13,2	6.40	2,3	3
	2	14	5.5	2,5	3,5
	3	15	6,53	2,3	3
	4	14.5	4.8	2,5	4
	5	17	2.9	3	3.7
	6	15.5	3,1	2.5	0,3
	7	12,5	3,58	2,5	0,3
	8	14.5	3,56	2,5	0,3
Bonal 2	9	13.6	2.7	3.2	2.4
	1	12,5	3	2,5	0,3
	2	14.5	3.1	2,5	0,3
	3	12	3.53	2,4	0,3
	4	15	3.8	2,5	0,6
	5	14.4	3.9	1,5	0,9
	6	11	1.30	2,5	1,5

Fonte: Autores (2024).

Após a análise do coeficiente de repetitividade foi estabelecida as Distâncias Euclidianas Médias Padronizadas que favoreceram a formação de três grupos de acessos, com características mais semelhantes e com grau de especificidade distinta, como estabelecida na Tabela 3. Foram utilizados números ao lado dos acessos, que indicam a posição que o acesso se encontra.

Tabela 3. Agrupamentos dos cladós após tratamento estatístico pelas distâncias Euclidianas.

Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3
AÇAILÂNDIA (8)	MERK (1)	NBB (6)
BRA167 (9)	BONAL 4 (2)	
SERRA SUL (10)		
MAISA (7)		
BONAL I3 (5)		
BONAL I2 (4)		
BONAL II (3)		

Fonte: Autores (2024)

Em seguida, foi verificado que as plantas de jaborandi extraídas dos acessos pertencentes ao grupo 1 têm características genótípicas semelhantes, assim como as que ocorreram no grupo 2. As plantas extraídas do acesso 6 estão isoladas no grupo 3, identificando que suas características genótípicas não são semelhantes a nenhuma outra das características analisadas.

Utilizando-se da análise de componentes principais (ACP) ($Y'_{\text{fenótipo}} = e_1 * \text{comprimento do pecíolo (Cpe)} + e_2 * \text{largura da folha (Lfo)} + e_3 * \text{comprimento da folha (CF)} + e_4 * \text{altura da planta (AP)}$) foi possível identificar que as duas primeiras componentes explicam 84% da variação total. Na 1ª componente ($\lambda=45.09\%$) o autovetor (e_i) de maior importância (peso) foi o



correspondente a variável LFo ($e_i= 0,7158$) e na 2ª componente ($\lambda=39.68\%$) foi o CF ($e_i= -0.7066$), este último em contribuição negativa à componente. As componentes 3 e 4 são irrelevantes.

Moura (2003) obteve correlação de magnitude semelhante à detectada para todos os caracteres, quando avaliou a associação das distâncias geográficas e euclidianas em diferentes áreas de coletas de jaborandi, uma planta medicinal, tendo relacionado a baixa correlação com a pressão de seleção sobre determinados caracteres.

Em relação á dissimilaridade, como designado na Tabela 4, de matrizes o estudo foi identificado através da Distância Euclidiana Média, onde a maior distância ocorreu entre os genótipos 1 e 4 ($d= 2.241851$) e, a menor, entre os genótipos 8 e 9 ($d=0.214346$). Isso indica que as plantas de jaborandi com genótipos mais semelhantes são as existentes nos acessos Açailândia (8) e BRA167 (9).

A maior contribuição relativa (Singh, 1981), para as divergências genotípicas encontradas, como a observada entre as plantas dos acessos MERK (1) e BONAI2 (4), são referentes às variáveis LFo (53,66%), a AP (18,62%), CF (14,82%) e CPe (12,91%). A variável LFo é o melhor descritor para esta divergência genotípica (1 e 4).

Tabela 4. Matrizes geradas com distâncias Euclidianas para jaborandi de maior e menor grau de divergência entre os genótipos.

Fonte: Autores (2024)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0	0.941	1.978	1.242	1.332	1.961	1.516	1.465	1.398	0.170
2	0.94	0	1.329	1.991	1.353	1.584	1.439	1.661	1.492	1.589
3	1.97	1.329	0	1.058	1.231	1.501	1.053	1.544	1.353	1.811
4	2.242	1.991	1.051	0	1.206	1.967	0.797	1.059	0.984	1.495
5	1.332	1.353	1.231	1.206	0	1.752	0.450	0.807	0.694	0.946
6	1.961	1.584	1.501	1.967	1.752	0	1.723	2.076	1.979	2.239
7	1.516	1.438	1.053	0.797	0.450	1.723	0	0.575	0.434	0.898
8	1.465	1.661	1.543	1.059	0.801	2.076	0.575	0	0.214	0.455
9	1.398	1.491	1.353	0.984	0.694	1.979	0.434	0.214	0	0.527
10	1.170	1.582	1.811	1.495	0.946	2.239	0.896	0.455	0.527	0

As dissimilaridades podem ser utilizadas em esquemas de hibridação ou seleção, com o objetivo de incorporar as características favoráveis em uma mesma população ou mesmo obter novas linhagens. A partir desses genótipos, disponibilizando maior variabilidade no melhoramento genético (Borges *et al.*, 2010). Além disso, o estabelecimento de classes



homogêneas com heterogeneidade entre grupos é um ponto de partida nos programas de melhoramento vegetal (Cruz *et al.*, 2004).

De acordo com Arriel *et al.* (2006), o emprego de técnicas multivariadas no reconhecimento da diversidade genética impõe certo grau de estrutura nos dados, sendo importante que diferentes critérios de agrupamento sejam utilizados, e que se considere como correta a estrutura resultante da maior parte deles, para assegurar que o resultado obtido não seja um artefato da técnica utilizada.

Costa *et al.* (2006) relataram que a identificação dos diferentes graus de divergência genética é importante uma vez que fornece parâmetros para a identificação de genitores promissores.

Segundo Matsuo *et al.* (2009) o melhoramento com extração de linhagens a partir de cultivares melhorada é mais favorável, pois esses materiais já possuem alta porção de locos favoráveis, além de serem outrora testados em vários ambientes. Além disso, as baixas estimativas dos coeficientes de repetibilidade, de maneira geral, inferiores a 0,4, resultam em dificuldades para o melhorista identificar os melhores valores genotípicos a partir de análise das médias fenotípicas obtidas sendo que essas estimativas indicam dissimilaridade na repetição do caráter entre uma avaliação e outra. Os autores afirmaram que a seleção de linhagens com resistência ao sódio, com base nos resultados do grupo de genótipos adaptados, não seria uma boa alternativa, uma vez que apresentaram coeficientes de repetibilidade inferiores a 0,4 e coeficientes de determinação variando de 68 a 73%.

O teste de Scott e Knott objetiva determinar a partição que maximize a soma de quadrados (SQ) entre dois grupos. Se $\lambda > X^2$ ($p \leq 0,05$), então as médias das variáveis nos grupos a qual elas pertencem são diferentes. A partição é encerrada quando não há mais divergência entre as médias, como estabelecido na Tabela 5.

Tabela 5. Comparações de médias de 10 tratamentos (acessos/genótipos) – Teste de Scott e Knott.

Variáveis	Grupos	Lambda	Probabilidade	Diferenças ou não
CF	grupo 1 (3, 6, 4, 5 e 7) grupo 2 (9, 2, 8, 10 e 11)	11.5469	22.2173%	não há diferença significativa
AP	grupo 1 (2, 3, 6 e 1) grupo 2 (4, 7, 5, 9, 10 e 8)	39.5443	0.001%	há diferença significativa
Lfo	grupo 1 (6) grupo 2 (1,2,3,4,5,7,8,9 e 10)	12.3863	17.6752%	não há diferença significativa
Cpe	grupo 1 (1, 2, 5, 10 e 6) grupo 2 (7, 9, 8, 3 e 4)	23.3526	0.4848%	há diferença significativa

Fonte: Autores (2024)



Desta forma, tem-se: para a variável CF, Os genótipos dos acessos 3, 6, 4, 5 e 7 formaram o grupo 1 e os genótipos dos acessos 9, 2, 8, 10 e 11 o grupo 2. O teste de Scott e Knott identificou que não há diferença significativa entre os genótipos dessas plantas, dos grupos 1 e 2, segundo o descritor “comprimento foliar (CF)” ($\lambda = 11.5469$; $p = 22.2173\%$).

A variável AP designou que os genótipos dos acessos 2, 3, 6 e 1 formaram o grupo 1 e os genótipos dos acessos 4, 7, 5, 9, 10 e 8 o grupo 2. O teste de Scott e Knott identificou que há diferença significativa entre os genótipos desses acessos, dos grupos 1 e 2, segundo o descritor “altura da planta (AP)” ($\lambda = 39.5443$; $p = 0.001\%$). Entretanto, para as sub-repartições ocorridas no grupo 1 ($\lambda = 2.4842$; $p = 80.77\%$) e no grupo 2 ($\lambda = 6.89$; $p = 10.46\%$), não há diferença significativa entre as médias desses genótipos. Isto é, apesar da diferença encontrada entre os grupos, as repartições internas não identificaram diferenças entre as médias de altura.

Foi diagnosticado que para a variável LFo, o genótipo do acesso 6 formou o grupo 1. Enquanto que os genótipos dos acessos 1, 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9 e 10 formaram o grupo 2. O teste de Scott e Knott identificou que não há diferença significativa entre os genótipos dessas plantas, dos grupos 1 e 2, segundo o descritor largura foliar (Lfo) ($\lambda = 12.3863$; $p = 17.6752\%$). Enquanto para variável Cpe, os genótipos dos acessos 1, 2, 5, 10 e 6 formaram o grupo 1 e os genótipos dos acessos 7, 9, 8, 3 e 4 o grupo 2.

O teste de Scott e Knott identificou que há diferença significativa entre os genótipos dessas plantas, dos grupos 1 e 2, segundo o descritor “comprimento do pecíolo (Cpe)” ($\lambda = 23.3526$; $p = 0.4848\%$). Entretanto, para as sub-repartições ocorridas no grupo 1 ($\lambda = 7.3018$; $p = 14.6891\%$) e no grupo 2 ($\lambda = 7.7751$; $p = 12.2776\%$), não há diferença significativa entre as médias desses genótipos. Isto é, apesar da diferença encontrada entre os grupos, as repartições internas não identificaram diferenças entre as médias de comprimento. A análise de agrupamento identificou a possibilidade de se obter 3 grupos de genótipos. O grupo 1 com ponto de corte entre 0.6125 e 0.8595, correspondendo 38% da maior distância. O grupo 2 com ponto de corte entre 1.2881 e 1.4241, correspondendo de 63% a 88% da maior distância. O grupo 3 contém o genótipo mais distante (diferenciado) dos demais e corresponde ao genótipo do acesso NBB (6). As divisões dos agrupamentos podem ser visualizadas na Tabela 6 e na Figura 2.

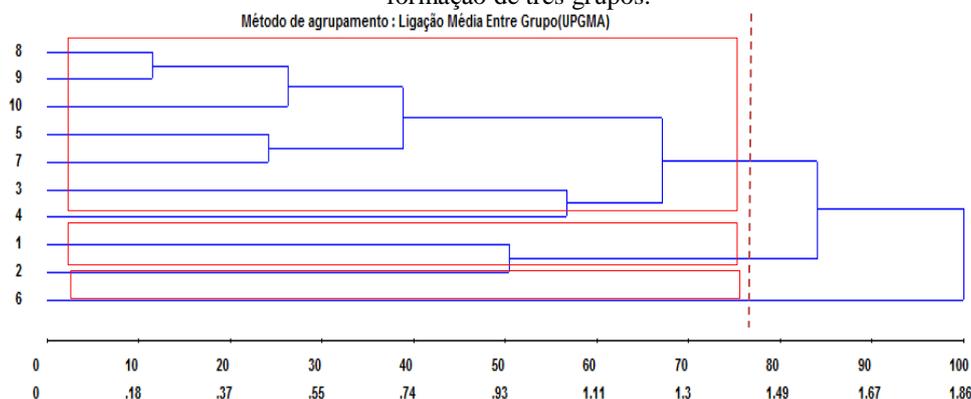


Tabela 6. Formação dos grupos com afinidades após análise estatística para agrupamentos específicos.

Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3
AÇAILÂNDIA (8)	MERK (1)	NBB (6)
BRA 167 (9)	BONAL 4 (2)	
SERRA SUI (10)		
MAISA (7)		
BONAL 3 (5)		
BONAL 2 (4)		
BONAL 1 (3)		

Fonte: Autores (2024)

Figura 2. Dendograma gerado pelo método UPGMA, de análises de agrupamento com quatro variáveis para formação de três grupos.



Fonte: Autores (2024)

Segundo a análise de agrupamento o grupo 1 apresenta genótipos mais homogêneos que os demais devido ao potencial de similaridade. Analisando o dendrograma, o ponto ideal de corte foi em torno de 72% (entre 63% e 88%), onde é possível visualizar os 3 grupos.

Trabalhando com a diversidade genética baseada em marcadores moleculares e em descritores morfoagronômicos, Teixeira & Machado, (2004) concluíram que estes últimos foram ineficientes para a distinção taxonômica. Já Bianchetti (1996) utilizando descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares, conseguiu agrupar os acessos de acordo com a classificação taxonômica.

Segundo Arriel *et al.* (2006), em agrupamentos hierárquicos, a delimitação dos grupos é feita de maneira subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma. Nota-se também que caracterização morfológica é uma etapa fundamental em programas de melhoramento de plantas, visto que permite estimar a variabilidade genética e indicar os melhores genótipos a serem utilizados.



O conhecimento da diversidade genética é de fundamental importância para a conservação e manutenção de recursos genéticos em programas de melhoramento (Costa *et al.*, 2012), permitindo entender a relação de parentesco entre os genótipos e identificar os melhores genitores, para a obtenção de maiores ganhos genéticos em populações segregantes (Viana *et al.*, 2010). A ACP identifica qual o descritor de maior importância na componente e, através dos escores, classifica a posição do genótipo em cada componente.

As maiores correlações ocorreram entre a altura da planta e o comprimento do pecíolo ($r_{xy}=-0.5869$), quando a altura da planta cresce o comprimento do pecíolo diminui. As duas primeiras componentes explicam 84,78% da variação total. Os autovetores de maior peso são: LFO (C1), CPe (C2), CF (C3) e LFO (C4), e nas componentes 2 e 4 esses valores contribuem negativamente com a componente. Segundo a classificação, genótipo de maior importância para a C1 é o NBB e para a C2 é o BONAL 2, os demais são desprezíveis. Isto é, o genótipo do acesso NBB é o mais importante na C1 ($E=11.549$) e o descritor de maior peso para este genótipo é o IFO; na C2 ($E=11.2412$) o genótipo mais importante é o do acesso BONAL 2 cujo descritor de maior peso é o CPe.

A análise de componentes principais permitiu identificar os descritores redundantes, ou seja, que pouco influenciaram na discriminação dos acessos. Para tanto, foram consideradas as correlações entre os mesmos, assim como a importância agrônômica destes descritores para o programa de melhoramento. O descarte de descritores redundantes permite a otimização do conjunto original, significando redução de custos operacionais, de mão-de-obra e de tempo dispendidos na avaliação dos acessos (Dias *et al.*, 1997).

Na análise de componentes principais, o ideal é que os dois primeiros componentes concentrem a maior quantidade de variância dos dados para que haja divergência entre grupos de genótipos (Cruz & Carneiro, 2006). Porém, a distribuição da variância está associada ao número e à natureza dos caracteres usados na análise, estando concentrada nos primeiros componentes, apenas quando se utiliza um número reduzido de descritores de interesse agrônômico ou que estejam em um mesmo grupo, como folha, floração, frutos ou sementes, entre outros (Pereira *et al.*, 2007). Ressalta-se, ainda, que, quando vários caracteres são altamente correlacionados, os primeiros componentes, tendem a explicar quase que a totalidade da variância total da nuvem de dados.



5. CONCLUSÕES

Deste estudo foi possível observar que muitas das características descritas nos órgãos vegetativos de jaborandi apresentam conformidade á família. Entretanto, existem várias especificidades morfoagronômicas para a espécie em estudo entre essas se destacam:

Existe a possibilidade de utilização de caracteres qualitativos para diferenciação entre os acessos, dentre estes, destacam-se forma da folha, base foliar e ápice foliar.

Os quatro descritores quantitativos selecionados foram CPE, LFO, CF e AP, que são importantes na caracterização de germoplasma de jaborandi, disponibilizam informações primordiais para o melhoramento genético e devem compor a lista mínima de descritores para essa espécie, a qual deve ser complementada por caracteres qualitativos.

Houve divergência fenotípica entre os acessos estudados, demonstrando o potencial que os acessos têm para uso em programas de melhoramento. Os métodos de agrupamento de Tocher e do vizinho mais próximo foram parcialmente concordantes na separação dos acessos, permitindo agrupar igualmente pelos dois métodos 3 dos 10 acessos analisados. A análise de variáveis multicategóricas se mostrou eficiente no agrupamento dos acessos de jaborandi estudados, indicando que seu emprego na quantificação da divergência fenotípica e na identificação de grupos, pode auxiliar no manejo do banco de germoplasma e na seleção de acessos para programas de melhoramento genético.



REFERÊNCIAS

- AGAREZ, F. V., PEREIRA, C., RIZZINI, C. M. **Botânica: taxonomia, morfologia e reprodução dos Angiospermae**: chaves para determinação das famílias. 2 ed. Rio de Janeiro: Âmbito Cultural, 1994. 256p.
- ALVES, R. M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Will ex Spreng) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos**. 2002. 146f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, 2002.
- ARRIEL, N. H. C.; MAURO, A. O. D.; MAURO, S. M. Z. D.; BAKKE, O. A.; UNÊDATREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELATO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.5, p.801-809, 2006.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. DE; OLIVEIRA, A. C. DE; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. DA; SCHMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da 76 distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.
- BIANCHETTI, L. B. **Aspectos morfológicos, ecológicos e biogeográficos de dez táxons de *Capsicum* (Solanaceae) ocorrentes no Brasil**. 1996. 174f. Tese (Mestrado em Botânica) - Curso de Pós-graduação em Botânica, Universidade de Brasília.
- BORGES, R. M. E. *et al.* Phenotypic divergence among wine grape accessions in the semi-arid region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.10, n.3, p.260-265, 2010. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/cbab/v10n3/a12v10n3.pdf>>. Acesso em: 12 fev.2024. doi: 10.1590/S1984-70332010000300012.
- CASTRO, A. A. J. F. **Morfologia e sistemática vegetal: roteiros teóricos e práticos**. Teresina: reprodução particular, 2006.
- COSTA, F. G. **Extrativismo de jaborandi na região de Carajás: histórico, situação atual e perspectivas**. Lavras: UFLA, Monografia. 2005, 41p.
- COSTA, M. N.; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. L. A.; FREIRE, E. C.; NÓBREGA, M. B. M.; MILANI M.; OLIVEIRA, A. P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio, de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 41:1617- 622, 2006.
- COSTA, J. L., JESUS, O. N. DE, ALVARENGA, G., OLIVEIRA, F., OLIVEIRA, E. J. Effect of selection on genetic variability in yellow passion fruit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 12: 253-260, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.



- CRUZ, C. D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004, p.480.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006, 585p.
- DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. Divergência fenética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotropica**, v.9, n.1, p.29-40, 1997.
- FERREIRA, D. F. **Sisvar**: sistema de análise de variância para dados balanceados, versão 5.1 Build 72. Lavras: DEX/ UFLA, 2007.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores Morfológicos e Agronômicos para a Caracterização de Mandioca (Manihot esculenta Crantz)**. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1998, 38p.
- MATSUO, E. *et al.* Análise de repetibilidade da ocorrência de oídio em genótipos de soja. **Bioscience Journal**, v. 25, n.2, p.87-98, 2009. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/viewArticle/6865>>. Acesso em: 12 fev.2024.
- MERCK. **Index Merck. An encyclopedia of chemicals, drugs, and biologicals**. Susan Budavari, 1989. Ed., Merck & Co.; Rahway, New Jersey.
- MOURA, E. F. **Divergência genética entre acessos de jaborandi (*Pilocarpus microphyllus*)**. 2003. 75p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- PEREIRA, A. M. S.; SILVA, D. B.; ALVES, R. B. N.; VIEIRA, R. F. Recursos genéticos de plantas medicinais do Cerrado. In: PEREIRA, A. M. S. (org.). **Recursos genéticos e conservação de plantas medicinais do Cerrado**. Ribeirão Preto: Legis Summa Ltda, p.37-73, 2007.
- SILVA, N. R.; PADOVANI, C. R. Utilização de componentes principais em experimentação agrônômica. **Revista Energia na Agricultura**, Botucatu, v.21, n.4, p.98-113, 2006.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n.2, p.237-245, 1981.
- TEIXEIRA, L. A. G.; MACHADO, I. C. Biologia da polinização e sistema reprodutivo de *Psychotria barbiflora* DC. (Rubiaceae). **Acta Botanica Brasilica**, v.18, p.853-862, 2004.



VALLS, J. M. F. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed. tec.) **Recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p.281-305, 2007.

VIANA, A. J. C., SOUZA, M. M., ARAÚJO, I. S., CORRÊA, R. X. Genetic diversity in *Passiflora* species determined by morphological and molecular characteristics. **Biol. Plant.**, v.54, p.535-538, 2010.