

## Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos.

**Gilmar Efrem Martinello; Nilton R. Leal; Antônio T.A. Júnior; Messias G. Pereira; Rogério F. Daher**  
UENF-CCTA, Av. Alberto Lamego, 2000 – Horto, 28.015-620, Campos dos Goytacazes-RJ; E-mail: gilmartinello@hotmail.com

### RESUMO

Vinte e sete caracteres morfoagronômicos, 13 quantitativos e 14 qualitativos, foram utilizados para a avaliação da diversidade genética em 39 acessos do gênero *Abelmoschus*, por meio das análises de agrupamento hierárquico do vizinho mais próximo e de componentes principais, utilizando-se a distância Euclidiana média padronizada como medida de dissimilaridade. As plantas foram cultivadas em condições de campo na Universidade Estadual do Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com quatro repetições. A formação dos grupos de acessos, com base no método hierárquico do vizinho mais próximo, revelou resultados semelhantes aos obtidos pela análise em componentes principais, já que ambos os métodos reuniram os acessos de *A. esculentus* e *A. caillei*. O método hierárquico agrupou os genótipos de forma idêntica tanto para os 27 descritores quantitativos e qualitativos quanto para os 13 descritores quantitativos separadamente, demonstrando que os descritores qualitativos tiveram pouca influência na discriminação genotípica. Por outro lado, os descritores qualitativos foram capazes de classificar corretamente as espécies, porém mascararam a variabilidade genética no germoplasma, não possibilitando um rastreamento mais abrangente dos genomas. Os descritores que menos contribuíram para a discriminação dos acessos foram, largura do epicálice, peso de 100 sementes, número de segmentos do estigma, altura da planta, comprimento da folha, largura da folha, nó do primeiro florescimento e comprimento do fruto.

**Palavras-chave:** *Abelmoschus* spp., diversidade genética, análise multivariada, distância genética, descritores morfológicos.

### ABSTRACT

#### Genetic divergency of okra accessions based on morphological characteristics.

Twenty-seven morphological characteristics (13 quantitative and 14 qualitative) were used to evaluate the genetic diversity of 39 *Abelmoschus* accessions by hierarchic method of single linkage and principal component analysis for the grouping of the genotypes. Standardized average Euclidean distance was used as dissimilarity measure. Plants were grown in field conditions at the Universidade Estadual do Norte Fluminense, in Campos dos Goytacazes, Brazil, using randomized complete blocks design with four replications. The accessions groups formation based on the hierarchic method of single linkage showed similar results to those obtained by principal components analysis since both methods grouped *A. esculentus* and *A. caillei* accessions. The hierarchic method has grouped the genotypes in the same way as for the 27 descriptors (quantitative and qualitative) as for the 13 quantitative descriptors, demonstrating that qualitative descriptors had a little influence on the genotypic discrimination. Qualitative descriptors were able to correctly classify species, although they masked the genetic variability at the germplasm, not allowing a comprehensive survey of the genomes. The characters that less contributed for the genotypes discriminations were the epicalyx length, 100 seeds weight, number of stigma segments, plant height, leaf width, first flowering node and fruit length.

**Keywords:** *Abelmoschus* spp., genetic diversity, multivariate analysis, genetic distance, morphological descriptors.

(Aceito para publicação em 14 de novembro de 2001)

O manejo eficiente de germoplasma vegetal é de vital importância para o pesquisador, pois este precisa de germoplasma geneticamente puro e bem caracterizado, para utilizá-lo em suas pesquisas e para o melhoramento. Neste contexto, os marcadores genéticos têm uma aplicação muito importante na administração de recursos genéticos, além de proporcionarem dados básicos que são necessários ao melhoramento de plantas ou para o mapeamento de genes. Os marcadores mais antigos e amplamente difundidos, são os que têm como base características morfológicas. Estes ainda continuam sendo aplicados com eficiência para certos tipos de germoplasma. Suas principais vantagens

residem no fato de serem simples, rápidos e com baixo custo de análise (Bretting & Widrlechner, 1995). Um dos empregos mais importantes dos marcadores genéticos é a determinação das relações citogenéticas que, por sua vez, é o ponto crítico para a organização da diversidade/divergência genética (Crawford, 1990).

A falta de entendimento das relações sistemáticas põe em risco a proteção *in situ* do germoplasma. Os marcadores genéticos também podem auxiliar na identificação correta de acessos do germoplasma (Bohac *et al.*, 1993), pois o realinhamento taxonômico servirá para saber como se proceder na administração e uso deste germoplasma no

futuro. Os marcadores genéticos podem revelar, ainda, os perfis genéticos populacionais de germoplasma recém adquiridos, como um prelúdio para uma administração *ex situ, per se* (Brown & Clegg, 1983). Para tanto, é necessário a avaliação e interpretação simultânea de um conjunto de caracteres para a determinação daqueles que efetivamente contribuem na discriminação genotípica (Cruz, 1990).

Bisht *et al.* (1997) utilizaram dados de 49 acessos de *Abelmoschus tuberculatus* para estudar a diversidade genética de características morfológicas quantitativas e qualitativas, por meio de técnicas de análises estatísticas multivariadas. Ariyo (1993) utilizou a

análise de componentes principais e canônica, para estudar a variabilidade em 30 acessos de *A. caillei*. A partir destes resultados, ficou esclarecido que a pigmentação e características do fruto foram os descritores mais importantes na variação entre os acessos. A análise canônica, entretanto, forneceu uma visão diferente da importância relativa das várias características. Nesta, as características número de frutos por planta e peso dos frutos foram as que mais contribuíram para a variação total.

Hamon & van Sloten (1989) relataram que uma única lista de descritores, proposta inicialmente para todo o gênero *Abelmoschus*, não considera o polimorfismo morfo-fenológico das formas africanas. *A. esculentus* e *A. caillei* são duas espécies cultivadas que coexistem com vários ciclos e estruturas diferentes e que isso revela as limitações de uma única lista de descritores na caracterização de diversas formas de espécies cultivadas, a qual é menos válida ainda, quando se considera as formas silvestres.

As técnicas de estatística multivariada que permitem a quantificação da dissimilaridade pela distância genética, assim como análises de agrupamentos, constituem-se em instrumentos adequados para a avaliação de acessos em bancos de germoplasma, onde o número de genótipos é elevado e vários descritores são utilizados (Pereira, 1989; Cruz, 1990).

Este trabalho teve por objetivo estimar a diversidade genética, bem como discriminar os caracteres morfoagronômicos de maior importância na caracterização da variabilidade de acessos do gênero *Abelmoschus*. Para tanto, utilizou-se técnicas de análise estatística multivariada, quais sejam, as análises de agrupamento hierárquico do vizinho mais próximo e componentes principais, com base na distância Euclidiana média padronizada.

## MATERIAL E MÉTODOS

Para o estudo da divergência genética com base em marcadores morfológicos, utilizaram-se 39 acessos do gênero *Abelmoschus*, sendo quinze pertencentes à espécie *A. esculentus*,

quinze *A. caillei*, sete *A. moschatus*, um *A. ficulneus* e um *A. tetraphyllus*. Estes acessos foram cedidos pela Estação Regional da Geórgia do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), os quais foram solicitados com a intervenção da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, seguindo-se a legislação para importação de germoplasma. Atualmente, os acessos estão sendo mantidos pelo Banco de Germoplasma da UENF. Os genótipos incluem espécies cultivadas e silvestres de diversas origens (Tabela 1).

As plantas foram cultivadas na Unidade de Apoio a Pesquisa da UENF, em Campos dos Goytacazes, no período de agosto de 1998 a janeiro de 1999. O espaçamento utilizado foi 1,0 m entre fileiras e 0,5 m entre plantas. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com 4 repetições e 5 plantas por parcela. Na caracterização do germoplasma utilizou-se 13 descritores quantitativos: número de segmentos do epicálice, comprimento do epicálice (mm), largura do epicálice (mm), comprimento do pedúnculo (cm), peso de 100 sementes (g), número de segmentos do estigma, altura de planta (cm), número de internós, comprimento da folha (cm), largura da folha (cm), nó do primeiro florescimento, nós produzindo frutos na haste principal, comprimento do fruto (cm) e 14 descritores qualitativos: tipo de fruto (1:quinado, 2:intermediário, 3:roliço); hábito de crescimento (1:ereto, 2:intermediário, 3:prostrado); presença de ramificação (1:baixa, 2:abundante); pubescência do caule (1:altamente piloso, 2:medianamente piloso, 3:notável); cor do caule (1:verde, 2:verde com manchas vermelhas, 3:vermelho); cor da folha (1:verde, 2:verde com nervuras vermelhas, 3:vermelha) forma do epicálice (1:linear, 2:lanceolado, 3:triangular); persistência dos segmentos do epicálice [1:não persistente até sete dias do florescimento, 2:parcialmente persistente (após sete dias), 3:persistente]; cor da pétala (1:amarela, 2:branca); coloração vermelha na base da pétala (1:apenas internamente, 2:ambos os lados); posição do fruto na haste principal (1:ereto, 2:horizontal, 3:pendular); cor do fruto imaturo (1:verde, 2:verde-escuro, 3:verde com manchas vermelhas, 4:vermelho,

5:vermelho-escuro); pubescência do fruto (1:pelos macios, 2:ásperos, 3:espinhosos); tipo do estigma (1:aberto, 2:semi-aberto, 3:fechado).

A caracterização foi efetuada de acordo com a lista de descritores do "International Plant Genetic Resources Institute" (IPGRI) elaborada por Charrier (1984). A análise estatística foi efetuada com base na distância Euclidiana média padronizada e componentes principais, utilizando-se os recursos computacionais do Programa Genes I (Cruz, 1997).

A Distância Euclidiana Média Padronizada é expressa por:

$$d_{ij} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (X_{ij} - X_{i.})^2}$$

onde n = número de variáveis avaliadas; e  $X_{ij}$  = a observação no acesso i em referência à característica j.

Para a padronização utilizou-se a relação:

$$X_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}$$

em que  $S(X_j)$  é o desvio-padrão dos dados do j-ésimo caráter (Cruz & Regazzi, 1994).

Na obtenção dos componentes principais, as seguintes propriedades foram consideradas:

a) Se  $Y_{ij}$  é um componente principal, então:

$$Y_{ij} = a_1 x_{i1} + a_2 x_{i2} + \dots + a_p x_{ip}$$

b) Se  $y_{ij}$  é outro componente principal, então:

$$y_{ij} = b_1 x_{i1} + b_2 x_{i2} + \dots + b_p x_{ip}$$

$$e, \sum_{j=1}^p a_j^2 = \hat{a} \quad \sum_{j=1}^p b_j^2 = 1$$

$$\sum_{j=1}^p a_j b_j = 0,$$

ou seja, os componentes são não correlacionados.

c) Entre os componentes principais,  $y_{i1}$  apresenta a maior variância,  $y_{i2}$  o segundo maior e, assim, sucessivamente.

**Tabela 1.** Lista dos acessos de *Abelmoschus* spp caracterizados e suas procedências. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.

Item	Acesso*	Identificação da espécie	Procedência
01	1367	<i>A. esculentus</i> cv. Piranema	Itaguaí-RJ.
02	1368	<i>A. esculentus</i> cv. Santa Cruz 47	Itaguaí-RJ.
03	1369	<i>A. esculentus</i> cv. Pusa Sawani	Índia
04	1370	<i>A. esculentus</i> var. Itaocara I	Itaocara-RJ.
05	1371	<i>A. esculentus</i> var. Itaocara II	Itaocara-RJ
06	1291	<i>A. esculentus</i>	Síria
07	1304	<i>A. esculentus</i>	Paquistão
08	1307	<i>A. esculentus</i>	Nigéria
09	1310	<i>A. esculentus</i>	Burkina Faso
10	1311	<i>A. esculentus</i>	Algéria
11	1312	<i>A. esculentus</i>	Síria
12	1313	<i>A. esculentus</i>	Zambia
13	1314	<i>A. esculentus</i>	Camarões
14	1315	<i>A. esculentus</i>	Sudão
15	1321	<i>A. esculentus</i> cv. Parbhani Kranti	Índia
16	1372	<i>A. caillei</i>	Índia
17	1284	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
18	1288	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
19	1290	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
20	1301	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
21	1306	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
22	1309	<i>A. caillei</i>	Costa do Marfim
23	1373	<i>A. manihot</i>	Índia
24	1293	<i>A. caillei</i>	Togo
25	1294	<i>A. caillei</i>	Guiné
26	1295	<i>A. caillei</i>	Togo
27	1297	<i>A. manihot</i>	Japão
28	1300	<i>A. caillei</i>	Burkina Faso
29	1323	<i>A. caillei</i>	Benin
30	1324	<i>A. caillei</i>	Guiné
31	1296	<i>A. moschatus</i>	Benin
32	1302	<i>A. moschatus</i>	Benin
33	1303	<i>A. moschatus</i>	Togo
34	1316	<i>A. moschatus</i>	Benin
35	1317	<i>A. moschatus</i>	Costa do Marfim
36	1318	<i>A. moschatus</i>	Benin
37	1320	<i>A. moschatus</i>	Benin
38	1374	<i>A. tetraphyllus</i>	Índia
39	1375	<i>A. ficulneus</i>	Índia

\*Número dos acessos registrados no Banco de Germoplasma da UENF.

As estimativas desses parâmetros são obtidas pela solução do sistema de equação:

$(R - \lambda_j I) \alpha_j = 0$ , em que  $\lambda_j$  são as raízes características ou autovalores da matriz

de correlações entre as variáveis originais ou de covariâncias entre variáveis padronizadas. Existem  $p$  autovalores correspondentes às variâncias de cada um dos  $p$  componentes principais;  $\alpha_j$  = vetor

característico ou também chamado autovetor, representa o conjunto de transformações ortogonais nas quais as variáveis originais padronizadas devem ser multiplicadas, para produzir as variáveis

transformadas; I é a matriz identidade de dimensão  $p \times p$ ; e R é matriz de correlações fenotípicas entre pares de variáveis originais.

A importância relativa de cada componente ( $IR_j$ ) foi avaliada pela porcentagem da variância total que ele explica, ou seja:

$$IR_j = \frac{V(y_{ij})}{\text{Traço de R}} = \frac{I_j}{\sum I_j},$$

sendo:  $V(Y_{i1}) + V(Y_{i2}) + \dots + V(Y_{ip}) = \text{Traço de R}$ .

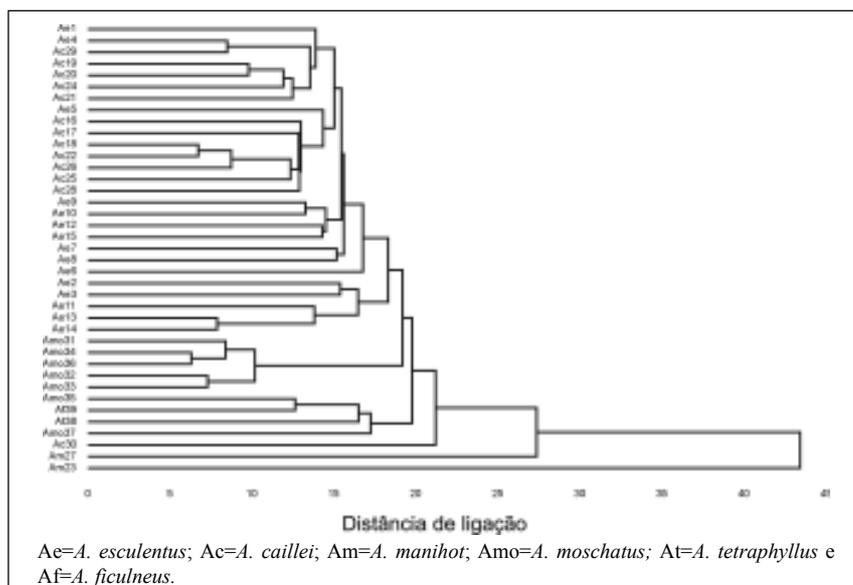
Adotou-se o critério de descartar a variável de maior coeficiente em cada componente, com autovalor acumulado maior que 0,70, de acordo com as proposições de Jolliffer (1973) e Pereira (1989).

Posteriormente, adotou-se o método hierárquico do vizinho mais próximo para o agrupamento. No procedimento analítico, partindo-se da matriz de distâncias genéticas, procedeu-se a sucessivas identificações dos genótipos mais próximos, a partir do par mais semelhante, até que se estabeleceu um diagrama de árvore. A distância entre um acesso  $k$  e um grupo formado pelos acessos  $i$  e  $j$ , é dada por:  $D^2_{(ij)k} = \min(D^2_{ik}, D^2_{jk})$ , em que  $D^2_{(ij)k}$  é a distância entre o grupo  $ij$  e o acesso  $k$ , e  $\min(D^2_{ik}, D^2_{jk})$  é a menor distância entre os grupos de acessos  $ik$  e  $jk$  (Cruz & Regazzi, 1994).

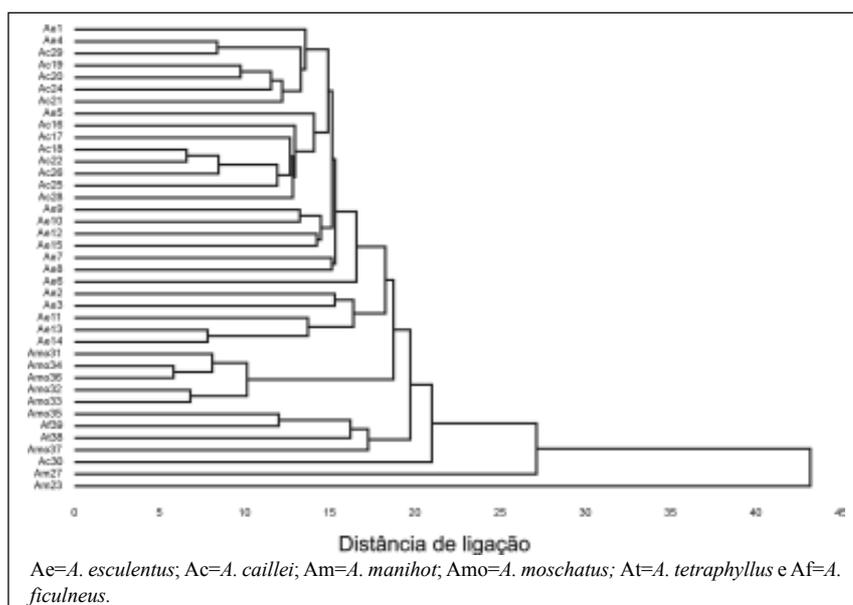
## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base nas médias dos dados morfológicos obtidas a partir dos acessos, obtiveram-se três matrizes de distâncias Euclidianas, que foram analisadas pelo método hierárquico do vizinho mais próximo e de componentes principais.

Com base na matriz de distâncias Euclidianas médias, geraram-se três dendrogramas (Figuras 1, 2, e 3). Fazendo-se um corte vertical a uma distância de ligação de 17,5 no agrupamento hierárquico dos acessos com base nas características avaliadas (Figura 1), observa-se que houve a formação de seis grupos. O grupo 1 reúne os acessos de *A. esculentus* e *A. caillei*. O segundo grupo reúne 5 dos 7 acessos de *A. moschatus* estudados. O grupo 3 reúne os acessos 1317 e 1320 de *A. moschatus* e os representantes de *A.*



**Figura 1.** Dendrograma de dissimilaridade genética de 39 acessos de quiabeiro, estabelecido pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância Euclidiana média padronizada com base em 27 caracteres morfológicos. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.



**Figura 2.** Dendrograma de dissimilaridade genética de 39 acessos de quiabeiro, estabelecido pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância Euclidiana média, obtido a partir de 13 descritores quantitativos. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.

*tetraphyllus* e *A. ficulneus*. Os grupos 4, 5 e 6 foram compostos pelos acessos 1324 (*A. caillei*), 1297 (*A. manihot*) e 1373 (*A. manihot*), respectivamente.

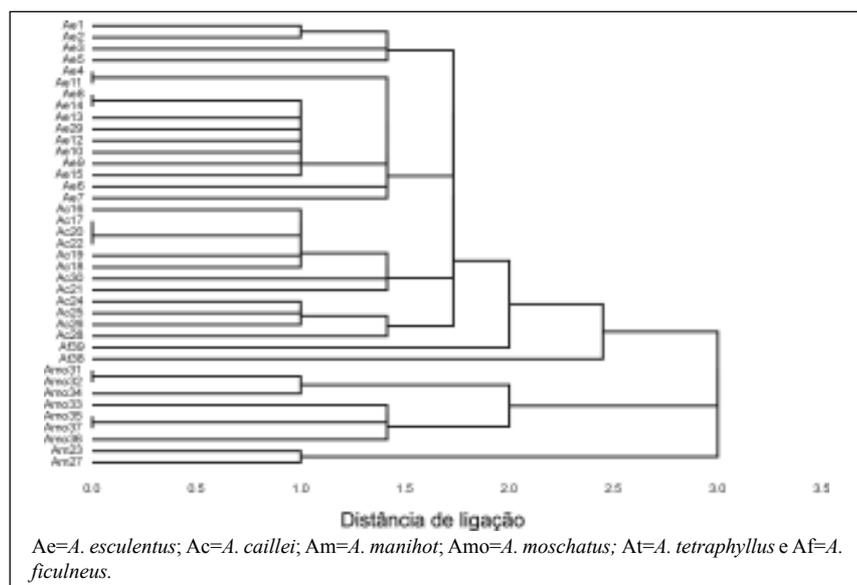
O método hierárquico agrupou os acessos de forma idêntica tanto para os 27 descritores (Figura 1) quanto para os 13 descritores quantitativos (Figura 2). Isto indica que os descritores qualitativos não afetaram o perfil da distribuição dos acessos no dendrograma, não

interferindo, de forma determinante, no estudo da variabilidade entre genótipos de quiabeiro, com base em dados morfológicos. Os descritores quantitativos foram eficientes na discriminação dos acessos, porém, não foram capazes de classificar corretamente as espécies. Um dos motivos para isso, pode ser o fato de que estas características são controladas por muitos genes, sendo muito afetadas por fatores ambientais.

**Tabela 2.** Estimativa das variâncias (autovalores,  $\lambda$ ), associados aos componentes principais (CP), e respectivos coeficientes de ponderação (autovetores) de 13 descritores morfológicos quantitativos avaliados em 39 acessos de quiabeiro. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.

Compo-- nentes principais	j	Variância acumula- da (%)	Descritores*												
			01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13
CP 1	4,6567	35,8208	-0,1074	0,3938	-0,2480	0,4398	-0,0666	0,3805	0,1150	0,0389	0,0233	-0,4763	0,0631	-0,4237	0,0607
CP 2	2,9571	58,5676	0,2336	-0,3314	0,3441	0,1511	0,0813	0,2074	-0,2836	-0,3342	0,2482	-0,5359	0,1437	0,2854	0,0420
CP 3	2,3569	76,6975	0,1395	-0,4230	0,3242	-0,2344	-0,0207	-0,1011	0,1679	0,2924	-0,2900	-0,2470	0,1840	-0,5767	-0,0751
CP 4	1,2783	86,5313	-0,3288	-0,0542	0,2425	0,4071	0,1738	-0,3250	0,5513	0,1297	0,0175	-0,0900	0,2224	0,3291	-0,2063
CP 5	0,5414	90,6955	0,4098	0,1048	-0,1643	-0,0148	-0,1033	-0,0218	-0,086	0,5912	0,4155	0,0508	0,4761	0,1459	-0,0508
CP 6	0,3576	93,4464	0,2984	-0,2915	-0,0499	0,3582	-0,1941	0,4916	0,1885	-0,0951	-0,3720	0,4235	0,1666	0,1134	-0,1132
CP 7	0,2394	95,2882	-0,0588	0,3372	0,3399	-0,1646	-0,7779	-0,0310	-0,0048	-0,0008	-0,2238	-0,1583	0,0548	0,2318	-0,0461
CP 8	0,1978	96,8099	-0,1987	0,2483	0,4834	-0,0114	0,0874	0,1472	-0,0743	-0,2633	0,2969	0,4176	0,4270	-0,3365	0,0522
CP 9	0,1416	97,8993	0,3756	0,1435	0,2860	0,1941	-0,0053	-0,1226	-0,0358	0,0082	0,2127	0,1172	-0,4912	-0,1508	-0,6160
CP 10	0,1368	98,9514	0,3687	0,1311	0,2355	0,3380	-0,0339	-0,2088	0,1783	0,0669	0,0129	0,0569	-0,2347	-0,0888	0,7278
CP 11	0,0845	99,6013	-0,3436	-0,0522	0,2671	0,3052	0,1064	0,1486	-0,5647	0,5257	-0,2196	0,0855	-0,1505	0,0729	0,505
CP 12	0,0352	99,8717	0,1443	0,3353	0,2581	-0,3908	0,4310	0,4774	0,2954	0,1972	-0,1462	-0,0884	-0,1323	0,2452	0,0278
CP 13	0,0167	100,0000	0,3008	0,3604	-0,0464	0,0979	0,3144	-0,3507	-0,2942	0,1919	-0,05377	-0,0581	0,3402	0,0288	-0,1167

\*01 = número de segmentos do epicálice; 02 = comprimento do epicálice; 03 = largura do epicálice; 04 = comprimento do pedúnculo; 05 = Peso de 100 sementes; 06 = Número de segmentos; 07 = Altura da planta; 08 = Número de internós; 09 = Comprimento da folha; 10 = largura da folha; 11 = Nó do primeiro florescimento; 12 = Nós produzindo frutos na haste principal; e 13 = Comprimento do fruto.

**Figura 3.** Dendrograma de dissimilaridade genética de 39 acessos de quiabeiro, estabelecido pelo método do vizinho mais próximo, utilizando-se a distância Euclidiana média, obtido a partir de 14 descritores qualitativos. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.

O agrupamento hierárquico, com base em características morfológicas qualitativas, reuniu os acessos conforme a espécie botânica, quando fez-se um corte vertical a uma distância de 2,5 (Figura 3). Isto ocorreu, provavelmente, pelo fato destas características serem controladas por poucos genes e, portanto, serem pouco afetadas pelo ambiente. Outrossim, é que a taxonomia clás-

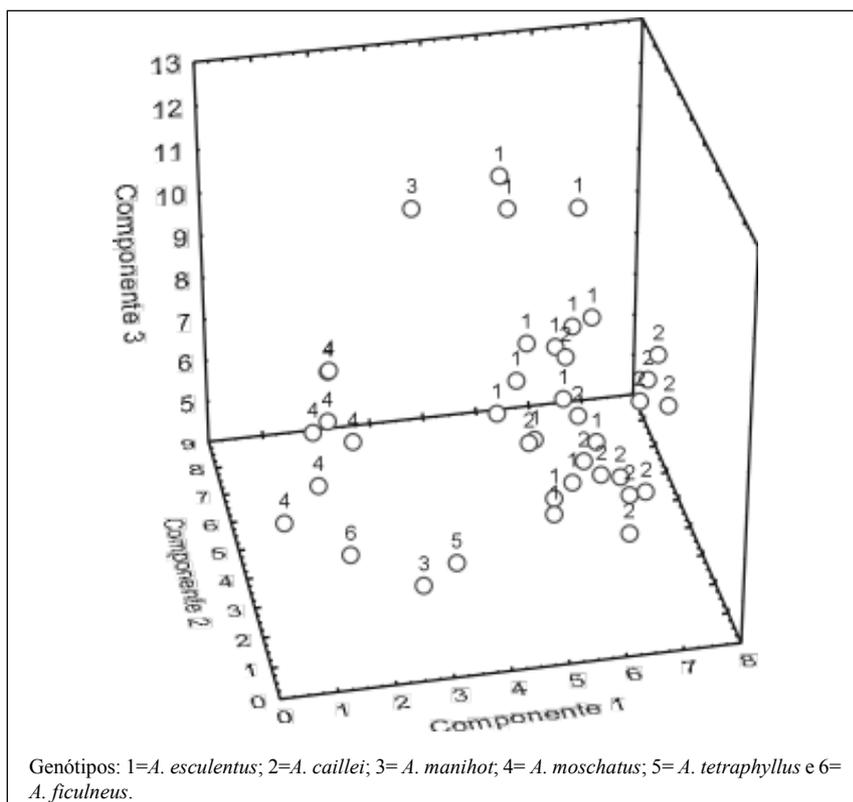
sica normalmente utiliza destas características para classificar as espécies. O dendrograma mostrou um baixo potencial em diferenciar os acessos dentro dos vários grupos formados, denotando uma reduzida variabilidade genética no germoplasma. Isto pode ser explicado pelo fato de que estas características, sendo controladas por poucos genes, não possibilitam um rastreamento muito

abrangente dos genomas. Observou-se ainda, que não houve uma associação entre a diversidade genética e ecogeográfica entre os acessos.

O resultado da análise de componentes principais, obtido a partir de 13 caracteres morfológicos quantitativos (Tabela 2), mostra que foram necessários quatro componentes, para que a variância por eles explicada atingisse um mínimo de 80%. Isso indica uma dispersão, de forma mais equitativa, da variância total, nos caracteres avaliados.

A técnica de análise multivariada de componentes principais tem a vantagem em relação aos métodos de análise univariada de avaliar a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os acessos avaliados, possibilitando o descarte dos caracteres menos discriminantes, por já estarem correlacionados com outras variáveis redundantes ou pela sua invariância.

Com base nos resultados deste trabalho, foram descartados os caracteres: largura do epicálice, peso de 100 sementes, número de segmentos do estigma, altura da planta, comprimento da folha, largura da folha, nó do primeiro florescimento e comprimento do fruto. Porém o procedimento de descarte de variáveis pela técnica de componentes principais, pela



**Figura 4.** Dispersão de 39 acessos de *Abelmoschus* spp. em três componentes principais, com base nas distâncias Euclidianas médias, estimadas a partir de 13 descritores morfológicos quantitativos. Campos dos Goytacazes, UENF, 1999.

possibilidade de eliminar variáveis que possuem pesos consideráveis nos primeiros componentes, principalmente quando estes acumulam grande fração da variância total (Morais, 1992).

A análise de componentes principais reduziu os treze descritores em três componentes principais, que explicaram 76,7% da variância total (Tabela 2). O componente 1, que explicou 35,8% da variância total, está associado a um contraste entre dois grupos de variáveis. Dentre as variáveis de maior peso neste componente pode-se citar: comprimento do epicálice, comprimento do pedúnculo, número de segmentos do estigma, largura da folha e nós produzindo frutos na haste principal. O componente 2, que explicou 22,7% está associado aos seguintes descritores: comprimento do epicálice, largura do epicálice, altura da planta, números de internós, largura da folha e nós produzindo frutos na haste principal. No componente 3, que sozinho explicou 18,1% da variância total, os descritores de maior peso foram: comprimento do

epicálice, largura do epicálice, número de internós, comprimento da folha e nós produzindo frutos na haste principal.

A representação gráfica dos escores dos três primeiros componentes principais demonstra que houve a formação de quatro grupos (Figura 4). O primeiro e o maior deles é composto pelos acessos de *A. esculentus* e *A. caillei*, confirmando, desta forma, a aglomeração produzida pelos métodos já analisados. O segundo grupo é formado apenas pelos acessos de *A. moschatus*. O terceiro, reúne três acessos de *A. esculentus* e apenas um de *A. manihot*. Por fim, o grupo quatro é composto pelos acessos de *A. tetraphyllus* e *A. ficulneus*, além de um acesso de *A. manihot*. Verifica-se, ainda, que ocorreu uma separação dos acessos de *A. manihot*. Estes acessos diferem, basicamente, pela variável altura da planta. Este fato não concorda com o método de agrupamento hierárquico com base nos descritores qualitativos, que revelaram os dois acessos de *A. manihot* como pertencentes ao mesmo grupo. Porém, está de acordo com os agrupa-

mentos hierárquicos (Figuras 1 e 2).

Pode-se considerar que, de um modo geral, os dois métodos de aglomeração fundamentados em dados morfológicos, foram coerentes na formação dos grupos entre acessos de quiabeiro. Martinello *et al.* (1996), numa análise por componentes principais aplicada a características morfológicas em quiabeiro, verificaram que *A. caillei* foi a única das espécies silvestres que fez parte do grupo em que todos os outros acessos eram *A. esculentus*. Estes autores verificaram ainda que hibridações interespecíficas entre *A. caillei* ( $2n=185-189$ ) e *A. esculentus* ( $2n=72-144$ ), foram eficientes e que, os híbridos  $F_1$  se mostraram férteis e produziram grandes quantidades de sementes viáveis, apesar da diferença do número de cromossomos entre os parentais. Isto indica uma grande afinidade entre os genomas, que podem fazer parte de um mesmo complexo gênico. Estas constatações denotam que, no processo de evolução, estas espécies divergiram ou bifurcaram mais recentemente. Outra hipótese, proposta por Baum & Gupta (1996), sugere que *A. caillei* tenha se diferenciado a partir de *A. esculentus*, ou vice-versa, por um processo evolucionário reticulado, isto é, anfiploidização, poliploidização, hibridação ou outro sistema genético. Convém salientar que este tipo de situação envolvendo evolução reticulada para as plantas superiores, ainda é pouco estudada. Siemonsma (1982) hipotetizou que *A. caillei* é um anfiplóide natural de *A. esculentus* ( $2n=130-140$ ) e *A. manihot* ( $2n=60-68$ ), concordando com os resultados obtidos por esta pesquisa. Porém, para se entender plenamente como estas espécies evoluíram, deve-se recorrer às técnicas de citogenética molecular como, por exemplo, hibridização genômica *in situ*, uma vez que se trata de alopoliplóides.

Verificou-se ainda, que as técnicas estatísticas empregadas neste trabalho foram capazes de estabelecer padrões e classificações da diversidade genética, identificando claramente os grupos. As informações resultantes são úteis no entendimento da diversidade dentro da coleção e como está estruturada. As características morfométricas delineiam estes

grupos auxiliando na pesquisa de novas cultivares e busca de espécies silvestres requeridas como base genética para programas de melhoramento da cultura.

## LITERATURA CITADA

- ARIYO, O.J. Genetic diversity in West African okra (*Abelmoschus caillei*) (A. chev.) Stels - Multivariate analysis of morphological and agronomic characteristics. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 40, p. 25-32, 1993.
- BAUM, B.R.; GUPTA, P.K. Numerical taxonomy and genome analysis. In: JAUHAR, P.P., ed. *Methods of genome analysis in plants*. North Dakota: CRC Press, 1996. p. 345-356.
- BISHT, I.S.; PATEL, D.P.; NAHAJAN, R.K. Classification of genetic diversity in *Abelmoschus tuberculatus* germplasm collection using morphometric data. *Annual Applied Biology*, v. 130, p. 325-335, 1997.
- BOHAC, J.R.; AUSTIN, D.F.; JONES, A. Discovery of wild tetraploid sweetpotatoes. *Economical Botany*, v. 47, p. 193-201, 1993.
- BRETTING, P.K.; WIDRLECHENER, M.P. Genetic markers and horticultural germplasm management. *HortScience*, v. 30, n. 7, p. 1349-1355, 1995.
- BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.T. Isozyme assessment of plant genetic resources. In: BATAZI, M.C.; SCANDALIUS, J.G.; WHITT, G.S., eds. *Isozymes: Current topics in biological and medical research*. New York: A.R. Liss, 1983. p. 285-295.
- CHARRIER, A. *Genetic Resources of Abelmoschus* (okra). Rome: IBPGR, 1984. 64 p.
- CRAWFORD, D.J. 1990. *Plant molecular systematics: macromolecular approaches*. New York: Wiley, 1990. 388 p.
- CRUZ, C.D. *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: Editora UFV, 1997. 394 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV - Imprensa Universitária, 1994. 390 p.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba: USP/ESALQ, 1990. 188 p. (Tese doutorado).
- HAMON, S.; VAN SLOTEN, D.H. Characterization and evaluation of okra. In: BROWN, A.H.D.; FRANKEL, O.; MARSHALL, D.R.; WILLIAMS, J.T., eds. *The use of plant genetic resources*. Cambridge: Cambridge University Press, 1989. p. 173-196.
- JOLLIFFER, I.T. Discarding variables in a principal component analysis, II. Real data. *Applied Statistics*, v. 22, p. 21-31, 1973.
- MARTINELLO, G.E.; ABBOUD, A.C.S.; LEAL, N.R. Análise em componentes principais e de agrupamentos aplicada a características morfológicas e agrônômicas em quiabeiro. *Horticultura Brasileira*, v. 14, n. 2, p. 200-203, 1996.
- MORAIS, O.P. *Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos usando macho-esterilidade*. Viçosa: UFV-Imprensa Universitária, 1992. 251 p. (Tese doutorado).
- PEREIRA, A.V. *Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (Manihot esculenta Crantz)*. Piracicaba: USP/ESALQ, 1989. 108 p. (Tese doutorado).
- SIEMONSMA, J.S. West-African okra morphological and cytogenetical indications for the existence of a natural amphidiploid of *Abelmoschus esculentus* (L.) Moench and *A. manihot* (L.) Medikus. *Euphytica*, v. 31, n. 1, p. 241-252, 1982.

VIANA, A.E.S.; SEDIYAMA, T.; CECON, P.R.; LOPES, S.C.; SEDIYAMA, M.A.N.; Estimativas de tamanho de parcela em experimentos com mandioca. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 20, n. 1, p. 58-63, março 2.002.

## Estimativas de tamanho de parcela em experimentos com mandioca.

Anselmo Eloy S. Viana<sup>1</sup>; Tocio Sedyama<sup>2</sup>; Paulo Roberto Cecon<sup>2</sup>; Sandro C. Lopes<sup>1</sup>; Maria Aparecida N. Sedyama<sup>3</sup>

<sup>1</sup>UESB, C. Postal 95, 45.100-000, Vitória da Conquista-BA; <sup>2</sup>UFV, 36.571-000 Viçosa-MG <sup>3</sup>EPAMIG, C. Postal 216, 36.571-000 Viçosa-MG, E-mail: marians@mail.ufv.br.

### RESUMO

Com o objetivo de estimar o tamanho da parcela em experimentos com mandioca, foi realizado um ensaio, no Campus da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, em Vitória da Conquista. As estimativas de tamanho da parcela foram obtidas em ensaio de uniformidade, usando-se a cultivar Cramuquém. Foram empregados os métodos da máxima curvatura, da máxima curvatura modificado e da comparação de variâncias. A estimativa do tamanho da parcela variou com a metodologia empregada e com a característica analisada. O método da máxima curvatura modificado foi aquele que permitiu a obtenção de estimativas mais adequadas. Por esse método, e considerando-se que a parcela ideal deve possibilitar a avaliação eficiente de todas as características analisadas neste experimento, o tamanho adequado de parcela encontrado foi de 26,59 m<sup>2</sup> (44 plantas).

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz, coeficiente de variação, método da máxima curvatura, experimentação.

### ABSTRACT

#### Estimates of plot sizes in experiments with cassava.

To estimate the plot size in experiments with cassava, an experiment, using the cultivar "Cramuquém" was conducted at the Campus of the "Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia" in Vitória da Conquista, Brazil. The maximum curvature method, the modified method for maximum curvature, the method for comparison among variances were used. The estimate of the plot size changed with the applied methodology and the analyzed characteristic. The modified method for maximum curvature was the one which allowed for the obtainment of more adequate estimates. By applying this methodology and considering that the ideal plot would make possible an efficient evaluation of all analyzed characteristics, the adequate size of the plot was found to be 26.59 m<sup>2</sup> (44 plants).

**Keywords:** *Manihot esculenta* Crantz, coefficient of variation, method for maximum curvature, experimentation.

(Aceito para publicação em 5 de dezembro de 2.001)

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), planta pertencente à família *Euphorbiaceae*, é originária da América tropical, provavelmente do Nordes-

te do Brasil (Dominguez *et al.*, 1982). É cultivada em países da África, Ásia, Oceania e América Latina, onde suas raízes representam importante fonte ali-

mentícia, rica em calorias e carboidratos, para aproximadamente 600 milhões de pessoas (Roca *et al.*, 1991).