

VARIAÇÃO GENÉTICA PARA COMPOSTOS BIOQUÍMICOS EM SEMENTES DE POPULAÇÃO BASE DE *Myracrodruon urundeuva* Allemão PROCEDENTE DE AQUIDAUANA – MS

CHRISTIAN LUIS FERREIRA BERTI¹, JANAÍNA RODRIGUES DA SILVA²,
MARCELA APARECIDA DE MORAES¹, MAIARA RIBEIRO CORNACINI²,
VANESSA ZAFFANI SANT'ANA², MARIANA PINA DA SILVA³,
MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS⁴, MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES⁵

Recebido em 04.09.2013 e aceito em 13.11.2014.

¹Dr. Pesquisador Científico do departamento de Agronomia da Universidade de Rio Verde - GO *Autor para correspondência: e-mail:christianberti@unirv.edu.br ²Mestrandas em Agronomia- Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-Economia "Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho"- UNESP- Campus de Ilha Solteira- SP - 15385-000. ³Doutoranda em Agronomia- Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-Economia "Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho"- UNESP- Campus de Ilha Solteira- SP - 15385-000 ⁴ Dra. Pesquisadora Científica do departamento de Agronomia da Universidade de Rio Verde - GO ⁵Pesquisador Científico Instituto Florestal Rua do Horto, 931- São Paulo, SP -02377-000.⁶Prof. Dr. do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Socio-Economia - "Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho- UNESP- Campus de Ilha Solteira- SP.CEP-15385-000.

RESUMO: O trabalho teve como objetivo quantificar a variação genética para os caracteres bioquímicos de polinização aberta de aroeira localizada na rodovia de acesso à cidade de Aquidauana, MS. Foram determinados os teores de amido (AMI), carboidratos totais (CHO), lipídios (LIP) e proteínas (albumina-ALB prolamina- PRO, glutelina-GLU e globulina-GLO). As médias obtidas foram: ALB (61,34mg.g⁻¹), GLO (10,87 mg.g⁻¹), PRO (58,19 mg.g⁻¹), GLU (289,54 mg.g⁻¹), LIP (21,70 mg.g⁻¹), AMI (2,61 mg.g⁻¹) e CHO (24,00 mg.g⁻¹). As estimativas de herdabilidade foram de 0,88 (GLU) a 0,99 (AMI e CHO) valores considerados altos. Os valores da acurácia foram altos para todos os caracteres analisados variando de 0,94 (GLU) a 0,99 (AMI e CHO) indicando boa correlação entre o valor genético predito e o verdadeiro. O método Mahalanobis foi eficaz para destacar que ocorreu nesta amostragem a separação em pelo menos três grupos bastante divergentes formados pelas matrizes 19 e 31.

Palavras-chave: Parâmetros genéticos, genética quantitativa, dissimilaridade genética, conservação genética.

GENETIC VARIATION FOR BIOCHEMICAL COMPOUNDS IN SEEDS OF *M. urundeuva* BASE
POPULATION COMING FROM AQUIDAUANA - MS

ABSTRACT: The study aimed to quantify the genetic variation for biochemical characters of Aroeira open pollination located on the highway into the Aquidauana city, Mato Grosso do Sul state, Brazil. Were determined starch content (AMI), total carbohydrates (CHO), lipids (LIP) and proteins (albumin-ALB prolamina- PRO, glutelin and globulin-GLU-GLO). The averages obtained were: ALB (61,34mg. g⁻¹), GLO (10.87 mg.g⁻¹), Pro (58.19 mg.g⁻¹), Glu (289.54 mg.g⁻¹), LIP (21,70 mg.g⁻¹) AMI (2.61 mg.g⁻¹) and CHO (24.00 mg.g⁻¹). The heritability estimates were 0.88 (GLU) to 0.99 (AMI and CHO) values considered high. The values of accuracy were high for all traits analyzed ranging from 0.94 (GLU) to 0.99 (AMI and CHO) indicating a good correlation between the predicted genetic value and the true. The Mahalanobis distance method was effective to emphasize that this sample separation occurred in at least three widely divergent groups formed by parent company 19 and 31.

Keywords: Genetic parameters; quantitative genetics; genetic similarity; conservation genetics.

INTRODUÇÃO

Myracrodruon urundeuva F.F. & M.F. Allemão (aroeira) pertence à família Anacardiaceae, sendo uma espécie arbórea tropical dióica de ampla distribuição no Brasil, ocorrendo também na Argentina, Bolívia e Paraguai (3°30'S, Brasil a 25°S, Argentina). Seu habitat é Floresta Estacional Semidecidual, Floresta Estacional Decidual, Cerrado, Cerradão, Caatinga, Chaco Sul-Mato-Grossense e Pantanal Mato-grossense. Sua madeira é utilizada para vigamento de pontes, postes, dormentes, carvão, etc. A árvore também é utilizada como ornamental, apícola, forrageira e para reflorestamentos ambientais (Rizzini, 1971; Santin & Leitão Filho, 1991; Lorenzi, 1992; Carvalho, 1994).

A conservação dos recursos genéticos, mesmo para aquelas populações que apresentam alta taxa de variabilidade genética e estão fora da lista de espécies ameaçadas de extinção, é fundamental para as futuras gerações, no que diz respeito ao melhoramento da espécie e ao aproveitamento de genes de interesse específico (Freitas et al., 2006). A aquisição de conhecimentos acerca dos parâmetros genéticos de uma determinada espécie nativa proporciona várias contribuições para o aprimoramento de estratégias de conservação *ex situ*.

Os conhecimentos em nível de sementes de espécies florestais em relação a aspectos fisiológicos e bioquímicos ainda são deficitários, principalmente relacionados com a composição das reservas e sua mobilização durante a germinação e crescimento inicial das plântulas (Virgens et al., 2012)

A composição química das sementes exhibe, de maneira geral, os mesmos compostos encontrados em outras partes da planta, sendo que o ambiente onde crescem as plantas, a adubação, genótipo, posição da semente em relação à inflorescência ou ao fruto, estágio de maturação, idade e práticas culturais são capazes de alterar esta constituição, aumentando ou diminuindo a quantidade de certos componentes (Liberal & Coelho, 1980).

A composição química das sementes de espécies florestais é muito útil, pois estas contêm elementos essenciais para sobrevivência da fauna e para manutenção de toda dinâmica de um ecossistema. Também influencia no vigor e tempo de armazenamento das sementes, afetando assim o desempenho e a sobrevivência dessas espécies em seu habitat natural, e

consequentemente, a manutenção de toda a cadeia alimentar existente nesse meio (Silva, 2002). Além disso, segundo Etori et al. (1995), é de suma importância na realização de estudos quantitativos visando à conservação da variabilidade genética através das gerações, fornecimento de material genético para futuros programas de melhoramento e de bases para futura exploração econômica.

Os caracteres bioquímicos de sementes estão intimamente relacionados com a expressão gênica dos alelos dos indivíduos, pois suas funções são dependentes de reações enzimáticas, e as enzimas possuem constituição protéica, e as proteínas que por sua vez são codificadas geneticamente (Silva, 2002). Estudos de variabilidade genética foram realizados por Abdala et al. (2002) que analisa a composição proteica em sementes de uma população natural de aroeira (*Myracrodruon urundeuva*) na qual pode-se utilizar os resultados como comparação. Pesquisas que enfatizam a conservação genética de espécies florestais são de grande utilidade para a manutenção e recuperação da biodiversidade, trazendo, por conseguinte, inúmeros ganhos para a humanidade. Assim, o presente trabalho teve por objetivos: a) quantificar a variação genética para caracteres químicos das sementes; b) fornecer subsídios para a conservação "*in situ*" e "*ex situ*" da população de *M. urundeuva*.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram marcadas árvores matrizes de polinização aberta de *Myracrodruon urundeuva* (F.F. & M.F. Allemão) localizadas na rodovia de acesso à cidade de Aquidauana, MT, levando-se em consideração os seguintes aspectos sugeridos por Capelanes & Biella (1984): bom aspecto fitossanitário (vigor, livre de pragas e doenças); boa produção de sementes e árvores não isoladas. Utilizou-se o sistema GPS (*Global Position System*) para localização da população natural obtidas pelo aparelho Garmim III (Tabela 1).

Foram colhidos frutos, diretamente das árvores matrizes, com auxílio de tesoura de poda alta, em 2010. Em seguida, foram acondicionados em sacos de plástico preto e transportados para o Laboratório de Sementes da UNESP- Campus de Ilha Solteira. Os frutos (diásporos) foram, então, expostos ao sol para completarem a secagem e possibilitar a

extração das sementes, a qual foi realizada manualmente, por um período de 24 horas aproximadamente, mantendo-se a identidade das matrizes. Após esse período, os mesmos foram armazenados em saco de papel, em câmara fria, a 15°C e 53% de umidade relativa do ar.

O experimento foi conduzido no Laboratório de Genética de Populações e Silvicultura, do Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio- Economia, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira da Universidade Estadual Paulista. A composição química das sementes foi obtida determinando-se os seguintes constituintes:

Teor de amido (AMI, mg.g⁻¹): foi realizada tendo por base os procedimentos de Thivend et al. (1972) e Magalhães (1991), utilizando-se de uma curva fixa, e leitura realizada no espectrofotômetro a 505nm;

Teor de carboidratos totais (CHO, mg.g⁻¹): foi obtido pelo método de fenol-sulfúrico, de acordo com Dubois et al. (1956), utilizando-se uma curva padrão de glicose, sendo que as leituras foram realizadas em espectrofotômetro a 490nm;

Teor de lipídios (LIP mg.g⁻¹): a extração foi realizada conforme metodologia descrita por Radin (1969), modificada por Becker et al. (1978) e os resultados foram obtidos por diferenças de massa.

Teores de proteínas (albumina-ALB, prolamina- PRO, glutelina-GLU e globulina-GLO, mg.g⁻¹): obtido pelo método descrito por Sturgis et al. (1952), modificado de acordo com o trabalho de Garcia-Agustin e Primo-Millo (1989), e determinadas pelo método de Lowry et al. (1951) utilizando-se de albumina de soro bovino como padrão. As leituras foram feitas no espectrofotômetro a 660nm.

Das análises de variância foram estimados os componentes de variância, os quais foram utilizados para a estimativa de parâmetros genéticos como: Variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), Variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$), Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$), Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (\hat{h}_g^2), Herdabilidade da média de genótipo (\hat{h}_m^2), Acurácia da seleção de genótipos (r_{aa}), Coeficiente de variação

genotípica (CV_g), Coeficiente de variação residual (CV_e), Coeficiente de variação relativa (CV_r), Média geral (\hat{m}) e Qui-quadrado da deviance (χ^2).

A dissimilaridade fenotípica entre os genótipos foi estimada pelo uso da distância generalizada de Mahalanobis (D²), a partir das médias dos genótipos e da matriz de covariância residual, de acordo com Cruz e Regazzi (2001). No agrupamento dos genótipos, foi empregado o método de agrupamento de Tocher com o auxílio do programa computacional Selegen-REML/BLUP (Resende, 2007).

Tabela 1. Posicionamento geográfico das matrizes da população natural de *Myracrodruon urundeuva* obtida por GPS.

| Matriz | Latitude S | Longitude W |
|--------|-----------------|------------------|
| 04 | 20°29'43,71964" | 55°53'51,80695" |
| 08 | 20°29'23,03787" | 55°54'14,10919" |
| 14 | 20°29'27,71393" | 55°54'9,591064" |
| 19 | 20°29'32,56165" | 55°54'5,979309" |
| 20 | 20°29'34,51172" | 55°54'6,556091" |
| 24 | 20°28'1,773376" | 55°54'31,76971" |
| 26 | 20°28'3,668518" | 55°54'31,92078" |
| 27 | 20°27'53,78082" | 55°54'17,74841" |
| 29 | 20°28'17,79968" | 55°54'8,492432" |
| 31 | 20°28'24,94766" | 55°54'6,2127691" |
| 33 | 20°28'36,0312" | 55°54'2,230225" |
| 34 | 20°28'36,09192" | 55°54'1,983032" |
| 35 | 20°28'36,51764" | 55°54'2,037964" |
| 36 | 20°28'43,63815" | 55°53'56,90186" |
| 37 | 20°28'49,31671" | 55°53'53,46863" |
| 40 | 20°29'6,118927" | 55°53'48,81317" |
| 41 | 20°29'6,929169" | 55°53'48,8681" |
| 42 | 20°29'7,85614" | 55°53'50,159" |
| 44 | 20°29'11,64642" | 55°53'49,56848" |
| 45 | 20°29'11,2207" | 55°53'48,09906" |
| 46 | 20°29'12,08588" | 55°53'47,34375" |
| 50 | 20°29'17,57217" | 55°53'43,58093" |
| 54 | 20°29'31,38062" | 55°53'37,26379" |
| 56 | 20°29'32,49985" | 55°53'36,74194" |

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 verificam-se os resultados da composição química encontrada em

sementes de *M. urundeuva*. Comparando-se as médias das concentrações de amido, carboidratos e lipídeos, verificaram-se que menor valor foi encontrado para amido ($2,61 \text{ mg.g}^{-1}$) e o maior para carboidratos totais ($24,00 \text{ mg.g}^{-1}$). Entre as proteínas as médias foram de $10,87 \text{ mg.g}^{-1}$ (Globulina), $58,19 \text{ mg.g}^{-1}$ (Prolamina), $71,34 \text{ mg.g}^{-1}$ (Albumina) e $289,54 \text{ mg.g}^{-1}$ (Glutelina).

Os carboidratos são os constituintes bioquímicos mais abundantes nos vegetais, chegando a representar 50 a 80% do seu peso seco total. Eles são importantes fontes de energia e compõem a parte estrutural das células (Kays, 1991), além disso, os carboidratos pré-formados na semente servem como substrato da respiração durante o período pré-germinativo (Bewley & Black, 1994).

Abdala et al. (2002), estudando caracteres bioquímicos em sementes de uma população natural de *Myracrodruon urundeuva*, analisaram os mesmos quatro tipos de proteínas e verificaram a predominância de glutelina ($118,0$ a $286,0 \text{ mg.g}^{-1}$), seguida de prolamina ($60,0$ a $135,2 \text{ mg.g}^{-1}$), albumina ($35,0$ a $107,3 \text{ mg.g}^{-1}$) e globulina ($3,4$ a $9,3 \text{ mg.g}^{-1}$); teores de lipídios variando de 200 a 334 mg.g^{-1} , de amido entre $0,35$ a $1,58 \text{ mg.g}^{-1}$; e de carboidratos variando de $26,5$ a $46,3 \text{ mg.g}^{-1}$.

Assim, a determinação da composição química de sementes torna-se importante para as espécies menos conhecidas ou ainda de pequena importância em escala comercial, já que a maioria dos estudos se restringe ao processo de acúmulo de reservas em espécies utilizadas para a alimentação e indústrias de transformação e, principalmente, para aquelas contempladas em programas de melhoramento genético (Marcos Filho, 2005).

Observam-se contribuições superiores das variâncias genotípicas em relação às residuais (Tabela 2). Esse tipo de comportamento facilita a obtenção de resultados satisfatórios originados pelos fatores genéticos, por não depender diretamente das condições ambientais.

As estimativas de herdabilidade são ferramentas de suma importância nos trabalhos de melhoramento, pois expressam a quantidade da variabilidade genética disponível numa população proporcionando o conhecimento da magnitude relativa das variações genéticas e ambientais (Wright, 1976).

As herdabilidades foram classificadas conforme interpretação proposta por Resende (1995) que considera herdabilidades de 0,01 a

0,15 como baixas; de 0,15 a 0,50 são medianas; e acima de 0,50 altas.

Os caracteres apresentaram altos valores de herdabilidade, (Tabela 2), conforme amplitude proposta por Resende (1995), havendo possibilidade de ganho na seleção, sendo todos os caracteres indicados para esta seleção.

As estimativas de \hat{h}_m^2 encontradas para todos os caracteres (Tabela 2), sugerem um bom controle genético do caráter e a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção das melhores matrizes. A magnitude da maior estimativa de \hat{h}_m^2 foram para os caracteres Amido e Carboidratos totais (ambos 0,99), indicando que maiores ganhos poderiam ser obtidos pela seleção baseada nesses caracteres.

A acurácia para Albumina, Globulina, Prolamina, Glutelina, Lipídio, Amido e Carboidratos totais foram acima de 93,78% (tabela 2), atestando precisão e controle das causas de variação ambiental, quanto maior a r_{aa} maior a precisão da seleção e conseqüentemente, maior o ganho genético (Resende, 1995).

O coeficiente de variação genético (CV_g) é considerado um parâmetro de extrema importância no entendimento da estrutura genética de uma população, por mostrar a quantidade de variação existente entre as famílias e obviamente permitir as estimativas de ganhos genéticos, sendo uma importante estatística do potencial do ensaio para a seleção (Kageyama, 1980). Os maiores $CV_g(\%)$ obtidos, indicando maior variabilidade entre as matrizes, foram para os teores de amido (CV_g 39,81%), carboidratos (CV_g 33,30%) e lipídio (CV_g 29,79%). Os CV_{gs} variaram de 13,96% para glutelina a 39,81% para os teores de Amido, mostrando-se, assim, relativamente altos, indicando que o potencial para a seleção também é alto, fato previsto com as diferenças significativas obtidas pelo valor de significância obtidos pelo teste de Razão de Verossimilhança (LRT). Provavelmente o que proporcionou essa capacidade foi o fato de que as sementes foram obtidas de matrizes escolhidas aleatoriamente na origem, sem seleção, onde a variabilidade é grande.

Para os coeficientes de variação residual ($CV_e\%$), os valores variaram de 6,01%

para o teor de proteína tipo prolamina à 10,34% para o teor de proteína tipo glutelina. Dados estes considerados de baixa magnitude para os respectivos caracteres obtidos por Garcia et al. (1989), indicando boa qualidade experimental.

Vencovsky & Barriga (1992) recomendam que o caráter com maior coeficiente de variação relativa (CV_r) seja indicado para seleção; este parâmetro é uma estimativa que indica a correlação entre o coeficiente genotípico do indivíduo e o coeficiente experimental utilizado para estimá-lo. Assim maiores estimativas de CV_r indicam sucesso na seleção. Este parâmetro engloba várias classes de intervalos; valores entre 0 a 0,25 são interpretados como ruim, 0,25 a 0,5 como intermediário, 0,5 a 0,75 como bom e acima de 0,75 como ótimo. A maior estimativa de CV_r foi para o caráter CHO (4,57); contudo, todos os caracteres estudados apresentaram valores de CV_r acima de 0,75 classificando-os na classe ótima. Desse modo, em um possível programa de melhoramento genético este caráter deve ser indicado, pois a resposta à seleção deverá ser efetiva.

O maior valor de CV_r foi para o caráter carboidrato (CHO), mostrando que em um programa de melhoramento genético a resposta a seleção será efetiva, possibilitando ganho no aumento do seu teor nas sementes. Uma vez que os carboidratos constituem as principais substâncias armazenadas nas sementes e sua principal função é o fornecimento de energia para a retomada de desenvolvimento do embrião durante a germinação, o aumento no seu teor torna-se importante para fins de conservação genética. Fato esse comprovado por Lin & Huang (1994), os quais verificaram que sementes com insuficiente conteúdo de oligossacarídeos e altas quantidades de sacarose podem sofrer danos nas membranas durante longos períodos de armazenamento, e estas podem se deteriorar durante a embebição, tornando a semente inviável à germinação. A presença de grande quantidade de açúcares solúveis em sementes ortodoxas poderia prevenir efeitos danosos na dessecação, formando pontes de hidrogênio e, assim substituindo a água na manutenção das estruturas hidrofílicas em sua orientação quando hidratada (Koster & Leopold, 1988).

O qui-quadrado da deviance (χ^2) revelou valores significativos para todos os caracteres

com 1% de significância e 1 grau de liberdade (Tabela 2). A obtenção de deviance significativa entre as matrizes indica que as mesmas não possuem o mesmo potencial de adaptação, sobrevivência e a capacidade para deixar descendentes, ou seja, naquele momento existia uma reprodução diferencial entre as matrizes estudadas.

Os valores de correlação genética entre as variáveis analisadas encontram-se na tabela 2. Para efeito de comparação considerou-se a seguinte classificação em relação à magnitude das correlações: 0,10 a 0,40 – baixa; 0,41 a 0,70 – média e 0,70 a 1,00 – alta.

O teor de Albumina apresenta correlação positiva de média magnitude com proteína do tipo prolamina.

Verifica-se que correlações genéticas positivas significam que a seleção para um caráter traz ganhos indiretos para outro, ou seja, pode melhorar geneticamente apenas um caráter que o outro também será melhorado. Este fato pode ser observado através da correlação genética positiva de média magnitude obtida para o caráter albumina x prolamina (0,6855).

Segundo Cruz & Carneiro (2003), quando um descritor correlaciona-se positivamente com alguns e negativamente com outros, é preciso que se tenha um cuidado adicional, pois a seleção de um determinado caráter pode provocar mudanças indesejáveis em outros.

A seleção indireta dessas variáveis poderá proporcionar ganhos em produção para a cultura. Em adição cumpre salientar que as informações obtidas através da correlação dos dados podem servir como critérios de seleção para priorizar quais descritores devem ser empregados em programas de melhoramento.

As estimativas de medida dissimilaridade (Mahalanobis – D^2) estão na Tabela 3. Já a otimização pelo método de Tocher está na Tabela 4.

As estimativas de medida dissimilaridade (Mahalanobis – D^2) obteve a distância máxima de $D^2 = 35,273$ (100%) entre as matrizes 19 e 31, distância mínima de $D^2 = 2,188$ (6,20%) entre as matrizes 45 e 46 e distância média de $D^2 = 14,000$ (39,69%).

Tabela 2. Estimativas de estatísticos e gene-ticos para os caracteres relacionados aos teores das proteínas de reserva das sementes: albumina (ALB), globulina (GLO), prolamina (PRO) e glutelina (GLU), lipídio (LIP), amido (AMI) e carboidratos totais (CHO) em sementes uma população natural de *Myracrodruon urundeuva* procedente de Aquidauana-MS em 2010.

| Estimativas | ALB (mg.g ⁻¹) | GLO (mg.g ⁻¹) | PRO (mg.g ⁻¹) | GLU (mg.g ⁻¹) | LIP (mg.g ⁻¹) | AMI (mg.g ⁻¹) | CHO (mg.g ⁻¹) |
|--------------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|------------------------------|
| $\hat{\sigma}_g^2$ | 161,9048 | 3,4680 | 89,7612 | 1634,0524 | 41,7976 | 1,0822 | 63,8697 |
| $\hat{\sigma}_e^2$ | 21,9489 | 0,6487 | 12,2098 | 896,4982 | 3,5501 | 0,0633 | 3,0633 |
| $\hat{\sigma}_f^2$ | 183,8547 | 4,1166 | 101,9711 | 2530,5506 | 45,3477 | 1,1455 | 66,9330 |
| \hat{h}_g^2 | 0,88±0,27 | 0,84±0,26 | 0,88±0,27 | 0,65±0,23 | 0,92±0,39 | 0,94±0,28 | 0,95±0,28 |
| \hat{h}_m^2 | 0,97 | 0,96 | 0,97 | 0,88 | 0,96 | 0,99 | 0,99 |
| r_{aa} | 0,9835 | 0,9774 | 0,9834 | 0,9378 | 0,9794 | 0,9928 | 0,9941 |
| CV_g (%) | 20,74 | 17,14 | 16,28 | 13,96 | 29,79 | 39,81 | 33,30 |
| CV_e (%) | 7,64 | 7,41 | 6,01 | 10,34 | 8,68 | 9,63 | 7,29 |
| CV_r | 2,72 | 2,31 | 2,71 | 1,35 | 3,43 | 4,14 | 4,57 |
| \hat{m} | 61,34 | 10,87 | 58,19 | 289,54 | 21,70 | 2,61 | 24,00 |
| χ^2 | 116,92* | 98,52* | 116,72* | 46,82* | 43,57* | 168,93* | 181,73* |

*significativo a 1%, com 1 grau de liberdade; $\hat{\sigma}_g^2$ variância genotípica; $\hat{\sigma}_e^2$ variância residual; $\hat{\sigma}_f^2$ variância fenotípica individual; \hat{h}_g^2 herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; \hat{h}_m^2 herdabilidade da média de genótipo; r_{aa} acurácia da seleção de genótipos; CV_g coeficiente de variação genotípica; CV_e coeficiente de variação residual; CV_r coeficiente de variação relativa; \hat{m} média geral; χ^2 qui-quadrado da deviance.

Tabela 3. Estimativas de medidas de dissimilaridade (Mahalanobis - D²), com base nos caracteres bioquímicos de sementes entre pares de matrizes em uma população natural de *M. urundeuva* (2010).

| Prog | Maior | DM% | Prog | Menor | Dmin % | Prog | Médio | Dméd% |
|--------|--------------------|--------|------|--------|--------|------|------------------|-------|
| 4 | 27,228 | 77,19 | 26 | 5,772 | 16,36 | 14 | 14,978 | 42,46 |
| 8 | 25,109 | 71,18 | 19 | 3,708 | 10,51 | 45 | 11,186 | 31,71 |
| 14 | 20,474 | 58,04 | 54 | 4,930 | 13,98 | 20 | 11,472 | 32,52 |
| 19 | 35,273 | 100,00 | 31 | 13,050 | 37,00 | 37 | 19,677 | 55,78 |
| 20 | 17,623 | 49,96 | 26 | 3,189 | 9,04 | 46 | 9,784 | 27,74 |
| 24 | 21,934 | 62,18 | 19 | 4,785 | 13,57 | 56 | 12,225 | 34,66 |
| 26 | 27,266 | 77,30 | 36 | 6,554 | 18,58 | 24 | 19,164 | 54,33 |
| 27 | 26,550 | 75,27 | 19 | 6,612 | 18,75 | 42 | 16,243 | 46,05 |
| 29 | 32,513 | 92,17 | 35 | 8,284 | 23,49 | 14 | 17,079 | 48,42 |
| 31 | 35,273 | 100,00 | 19 | 6,977 | 19,78 | 34 | 19,591 | 55,54 |
| 33 | 31,077 | 88,10 | 35 | 6,477 | 18,36 | 24 | 15,183 | 43,04 |
| 34 | 20,476 | 58,05 | 50 | 6,977 | 19,78 | 31 | 12,947 | 36,71 |
| 35 | 32,513 | 92,17 | 29 | 10,836 | 30,72 | 44 | 18,157 | 51,47 |
| 36 | 31,315 | 88,78 | 50 | 6,952 | 19,71 | 20 | 17,530 | 49,70 |
| 37 | 19,967 | 56,61 | 26 | 2,577 | 7,31 | 45 | 10,356 | 29,36 |
| 40 | 26,570 | 75,33 | 4 | 4,380 | 12,42 | 54 | 15,511 | 43,97 |
| 41 | 27,702 | 78,54 | 19 | 2,974 | 8,43 | 56 | 14,381 | 40,77 |
| 42 | 22,496 | 63,78 | 31 | 2,642 | 7,49 | 44 | 11,848 | 33,59 |
| 44 | 20,225 | 57,34 | 42 | 2,642 | 7,49 | 26 | 9,170 | 26,00 |
| 45 | 19,874 | 56,34 | 19 | 2,188 | 6,20 | 46 | 8,556 | 24,26 |
| 46 | 21,583 | 61,19 | 26 | 2,188 | 6,20 | 45 | 9,581 | 27,16 |
| 50 | 31,315 | 88,78 | 36 | 3,482 | 9,87 | 37 | 16,236 | 46,03 |
| 54 | 23,758 | 67,35 | 19 | 4,380 | 12,42 | 40 | 15,152 | 42,96 |
| 56 | 21,571 | 61,15 | 31 | 2,974 | 8,43 | 41 | 9,995 | 28,34 |
| Máximo | 35,273 (100%) | | | | | | Matrizes 19 e 31 | |
| Mínimo | 2,188 (6,20%) | | | | | | Matrizes 45 e 46 | |
| Média | 14,000 (39,69%) | | | | | | | |

A maior distância encontrada revela que possivelmente há uma maior variabilidade entre estas matrizes. Comparando os resultados obtidos pelo agrupamento de Tocher, pode-se observar que as matrizes com maior distância encontrada anteriormente, estão reunidas em grupos diferentes. Estes grupos informam as distâncias em ordem numérica, porém, não fornecem dados de quais matrizes realmente são as mais distantes, dentro do mesmo grupo, comparando-as com outros grupos. Logo, a maior distância encontrada foi no Grupo 1 a matriz 31 e no grupo 3 a matriz 19. O menor valor indica grande similaridade entre estes dois acessos para os caracteres estudados. Apesar de a máxima divergência ter sido apresentada entre as matrizes 19 e 31, a recomendação para teste de seleção destas matrizes só deverá ser feita após uma análise criteriosa de seus desempenhos em relação aos critérios avaliados (Cruz et al., 2004).

Estrategicamente, esses resultados indicam que, em se tratando de coleta de material genético para fins de conservação, a maior confiabilidade pode ser creditada as matrizes 19 e 31 considerando os parâmetros bioquímicos.

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os genitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (Cruz et al, 2004).

A divergência genética entre os materiais aplicada à matriz da Distância Generalizada de Mahalanobis, pela análise de agrupamento de Tocher, está apresentada na Tabela 4.

Tabela 4. Formação de grupos com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher com base no caráter bioquímico de sementes em uma população de *M. urundeuva* (2010).

| Grupo | Progênie | Total |
|-------|--------------------------|-------|
| I | 4 8 14 20 24 27 29 31 33 | 22 |
| | 34 35 36 37 40 41 42 44 | |
| | 45 46 50 54 56 | |
| II | 26 | 1 |
| III | 19 | 1 |

Foram formados três grupos, sendo o primeiro composto por 22 matrizes, englobando 91,67% do total, seguidos dos grupos II e III com

1 matriz cada (4,17%). A pequena divergência genética existente entre as matrizes fica evidenciada com padrão de distribuição das mesmas em três grupos, onde pode se encontrar mais de 90% das matrizes reunidas em um único grupo, mostrando que existe pouca variação dentro do grupo.

Rahman et al. (2002) afirmaram que a identificação de acessos superiores com base na divergência genética é a estratégia mais adequada para iniciar um programa de melhoramento sendo importante mencionar que é mais efetivo realizar cruzamentos entre acessos altamente divergentes.

De uma forma geral os grupos formados indicam que a fragmentação não provocou divergências, e que para fins de conservação genética, a amostragem deve ser realizada em toda a população, naturalmente, respeitando-se os grupos divergentes detectados.

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética é de grande importância para se identificar os caracteres de maior contribuição e também auxiliar no descarte daqueles de menor contribuição.

CONCLUSÃO

A variação genética para compostos bioquímicos em sementes de população base de *Myracrodruon urundeuva* procedente de Aquidauana - MS é considerável o que permite a sua utilização em programas de conservação e melhoramento.

Os caracteres bioquímicos são indicados para uma eventual seleção nesta população de *Myracrodruon urundeuva*.

O resultado da Análise multivariada, com base nas distâncias genéticas de Mahalanobis permitiu a separação das árvores matrizes em três grupos divergentes com 22 árvores matrizes no primeiro grupo e 1 nos demais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDALA, L.; MORAES, M.L.T.; RECHIA, C.G.V.; GIORGINI, J.F.; SÁ, M.E.; POLIZELI, M.L.T.M. Biochemical traits useful for the determination of genetic variation in a natural population of *Myracrodruon urundeuva*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.7, p.909-916, 2002.

- BARBEDO, C.J.; MARCOS-FILHO, J. Tolerância à dessecação de sementes. **Acta Botanica Brasilica**, São Paulo, v.12, p.145-164, 1998.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo-PR: Empresa Brasileira de Agropecuária – Centro Nacional Pesquisas Florestais, Brasília, 1994, 640p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v.1. 2004.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento**. 2.ed. rev. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.
- DIAS, L.A.S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.
- ETTORI, L.C.; SIQUEIRA, A.C.M.F.; NOGUEIRA, J.C.B. Conservação “ex situ” dos recursos genéticos de ipê amarelo (*Tabebuia vellosi* Tol.) através de teste de procedências e progênies. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v.7, n.2, p.157-168, 1995.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FREITAS, M.L.M.; SEBBENN, A.M.; ZANATTO, A.C.S.; MORAES, E.; MORAES, M.A. Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Galesia integrifolia* (Spreng.) Harms. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v.20, n.2, p.165-173, 2008.
- GARCIA-AGUSTIN, P.; PRIMO-MILLO, E. Ultrastructural and biochemical changes in cotyledon reserve tissues during germination of citrus seeds. **Journal of Experimental Botany**, London, v. 40, p.383-390, 1989.
- GARCIA, C.H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: IPEF, 1989. 12 p. (Circular técnica, 171)
- KAGEYAMA, P.Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125f. Tese (Doutorado). Curso de Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas – Escola de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.
- KAGEYAMA, P.Y.; DIAS, I.S. Aplicação da genética em espécies florestais nativas. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS NATIVAS, Campos do Jordão, 1982. **Anais...** São Paulo: UNIPRESS, 1982. p. 782-791. (Silvic. S. Paulo, São Paulo, v.16A, pt. 2, 1982, Edição especial).
- KOSTER, K.L.; LEOPOLD, C. Sugars and desiccation tolerance in seeds. **Plant Physiology**, Washington, v.51, p.914-916, 1988.
- LIBERAL, O.H.T.; COELHO, R.C. **Manual do laboratório de análise de sementes**. Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, Niterói, 1980. 95p.
- LIN, T.; HUANG, N. The relationship between carbohydrate composition of some tree seeds and their longevity. **Journal of Experimental Botany**, London, v.278, p.1289-1294, 1994.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Nova Odessa: Editora Plantarum, 1992. 352p.
- MAGALHÃES, M. M. **Desenvolvimento e carboidratos constituintes do fruto de jaboricaba (*Myrciaria jaboricaba* Berg, cv. “Sabará”)**. 1991. 77p. Dissertação (Mestrado em Ciências) Curso de Pós-Graduação em Ciências, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1991.
- MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de sementes de plantas cultivadas**. Piracicaba: FEALQ, v.12, 2005, 495p.
- MORAES, M.L.T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var.**

hondurensis Barret e Golfari. 2001. 124 p. Tese (Livre Docência). Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2001.

RANDIN, N.S. Preparation of lipid extracts. In: LOWENSTEINS, J.M. (Org.). **Methods in enzymology.** Academic Press, 1969. p. 245-254.

RESENDE, M.D.V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v.19, n.4, p.479-500, 1995.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

RIZZINI, C.T. **Árvores e madeiras úteis do Brasil:** manual de dendrologia brasileira. São Paulo: Edusp, 1971. 294p.

SANTIN, D.A.; LEITÃO FILHO, H.F. Restabelecimento e revisão taxonômica do gênero *Myracrodruon* Freire Alemão (Anacardiaceae). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 14, p. 133-145, 1991.

SILVA, J.M. da. **Varição genética e composição química de sementes em progênies de *Terminalia argentea* Mart. et Succ.** Ilha Solteira, 2002. 100p. Trabalho de Graduação Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista.

STRUGIS, F.E.; MIEARS, R.J.; WALKER, R.K. **Protein in rice as influenced by variety and fertilizer levels.** Louisiana Experimental Station Technical Bulletin, 1952. 466p.

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

VIRGENS, I.O.; FERNANDEZ, L.G.; CASTRO, R.D.; PELACANI, C.R. Avaliação fisiológica e bioquímica da germinação de sementes de *Myracrodruon urundeuva* Allemão (Anacardiaceae) sob diferentes condições abióticas. **Informativo Abrates**, Londrina, v.22, n.3, p.24-27, 2012

WRIGHT, J.W. **Introduction to forest genetics.** New York: Academic, 1976. 463p.

★★★★★