

Comparação dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA no estudo de divergência genética em acessos de alho

Guilherme Alves Puiatti¹

Paulo Roberto Cecon¹

Moysés Nascimento¹

Ana Carolina Campana Nascimento¹

Fernando Luiz Finger²

Mário Puiatti²

Fabyano Fonseca e Silva³

Anderson Rodrigo da Silva⁴

1 Introdução

Planta herbácea de propagação vegetativa, o alho (*Allium sativum* L.) é de grande valor para todo o mundo devido a seu papel na economia, culinária, nutrição e medicina. As variedades de alho possuem potencial para o comércio, em especial para a industrialização, o que tem grande influência no sistema de agricultura familiar. O destaque do alho quanto a seu valor nutricional está no seu conteúdo de calorias, proteínas, carboidratos, fósforo, tiamina (B1) e vitamina B6. Além disso, ele também apresenta aplicações medicinais, estimulando o sistema imunológico e reduzindo o colesterol [9].

A cultura de alho no Brasil apresenta diversas variedades que surgiram por mutações somáticas e seleções de características desejadas para seu manejo na agricultura [8], o que gerou a necessidade de estudos a respeito dessa divergência genética. Para isso, a estatística multivariada é de grande ajuda na identificação de características de interesse, pois faz uma análise unificadora que permite integrar as múltiplas informações das características extraídas das unidades experimentais [11].

As análises de agrupamento estão entre as técnicas mais utilizadas para estudo de divergência genética, tendo por objetivo separar e reunir os objetos de estudo em grupos, de forma que objetos dentro do mesmo grupo sejam tão semelhantes quanto possível, enquanto diferentes grupos sejam heterogêneos entre si [3]. Como exemplos de métodos de

¹ DET – UFV. e-mail: guilherme@dpi.ufv.br

² DFT – UFV

³ DZO – UFV

⁴ LCE – ESALQ/USP

agrupamento, estão o método de otimização de Tocher e o método hierárquico da ligação média entre grupos [2].

Diante deste contexto, este estudo teve como objetivo avaliar a produtividade de 60 acessos de alho por meio de características morfológicas, identificando os mais dissimilares por meio dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA, e comparar os resultados dos dois métodos.

2 Material e métodos

O experimento foi realizado no setor de olericultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em sistema convencional de cultivo. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições, constituído de 60 tratamentos, correspondentes a acessos de alho do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (Tabela 1). As plantas colhidas foram submetidas ao processo de cura de campo e de galpão, por 3 e 60 dias, respectivamente, expostas ao sol e em galpão. Após a cura de campo, as plantas foram submetidas à toailete cortando a parte aérea a 1,0 cm acima dos bulbos e retirando-se as raízes.

Tabela 1. Relação dos 60 acessos de alho registrados no Banco de Germoplasmas de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV)

Nº	Acesso	Nº	Acesso	Nº	Acesso	Nº	Acesso
1	<i>Amarante Derly</i>	16	4812	31	4835	46	5941
2	0492	17	4814	32	4837	47	5943
3	4328	18	4815	33	4838	48	5944
4	4400	19	4816	34	4839	49	5946
5	4483	20	4817	35	4843	50	5947
6	4484	21	4818	36	4844	51	5948
7	4491	22	4820	37	4899	52	5949
8	4493	23	4822	38	5366	53	5950
9	4495	24	4823	39	5934	54	5951
10	4499	25	4825	40	5935	55	5952
11	4500	26	4826	41	5936	56	5953
12	4503	27	4827	42	5937	57	5954
13	4505	28	4829	43	5938	58	5955
14	4567	29	4830	44	5939	59	5956
15	4662	30	4832	45	5940	60	5957

Após o período de cura em galpão, as seguintes características foram avaliadas: diâmetro do bulbo (DIAM, em milímetros); comprimento do bulbo (COMP, em milímetros); peso médio de bulbo (PMB, em gramas); número de bulbilhos por bulbo (NbB); e produtividade (PT, em t ha⁻¹), obtida multiplicando a massa média dos bulbos dos acessos pela população de plantas presentes em área equivalente a 8.000 m² (área útil do experimento).

A divergência genética entre os acessos foi avaliada por análises de agrupamento aplicadas às médias dos acessos. A medida de dissimilaridade adotada foi a distância generalizada de Mahalanobis [4], pois esta leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são realizadas em genótipos avaliados em delineamentos experimentais.

Os acessos foram então agrupados por dois métodos diferentes: o método de otimização de Tocher e o método hierárquico UPGMA. O método de Tocher forma um grupo inicial com o par de indivíduos mais similares identificados na matriz de dissimilaridade. A partir desta, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo [1]. Já o método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os objetos considerados. A construção dos dendrogramas é estabelecida pelos modelos ajustados de menor dissimilaridade [2]. Como método hierárquico, este agrupa os genótipos por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Para estabelecer um ponto de corte no dendrograma e definir o número de grupos foi utilizado o procedimento de Mojena [5], baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma.

As análises foram realizadas utilizando-se os *softwares* SAEG versão 9.1 [7] e R versão 2.14.2 [6].

3 Resultados e discussão

O método de agrupamento de Tocher baseado na distância generalizada de Mahalanobis dividiu os 60 acessos de alho em oito grupos, dos quais o maior foi o grupo I, com 30 acessos. Os grupos I e II reuniram grande parte dos acessos, enquanto os grupos VI, VII e VIII reuniram apenas um acesso cada (Tabela 2). Por utilizar um critério global de agrupamento, este método tem a característica de formar grupos com apenas um genótipo cada no caso dos genótipos com maior dissimilaridade, uma vez que este agrupamento é

influenciado pela distância dos genótipos já agrupados [10]. O grupo com maiores médias para os caracteres avaliados foi o VIII, grupo formado apenas pelo acesso 13.

Tabela 2. Formação dos grupos dos 60 acessos de alho, segundo o método de Tocher

Grupo	Acessos											
I	1	2	3	5	6	8	12	15	16	17	20	22
	23	24	25	27	30	31	32	33	34	35	36	37
	44	46	49	51	54	60						
II	18	19	39	40	45	47	50	52	53	55	56	57
III	4	10	11	26	48	58	59					
IV	21	29	41	42								
V	14	28	38	43								
VI	9											
VII	7											
VIII	13											

O agrupamento dos acessos de alho pelo UPGMA formou seis grupos, com o ponto de corte estabelecido na distância 12,80, conforme a Tabela 3. O grupo I reuniu mais acessos, 20 destes. O grupo VI foi o único apresentando um único acesso isolado (o acesso 13, também isolado no método de Tocher). O grupo V obtido por este método é quase o mesmo do grupo III do método de Tocher, com apenas um acesso de diferença. O grupos III do método UPGMA e o V do Tocher semelhantes também. O grupo VI, com o acesso 13, apresentou as maiores médias para todas as características.

Tabela 3. Formação dos grupos dos 60 acessos de alho, segundo o método UPGMA

Grupo	Acessos											
I	1	6	8	17	18	19	22	29	36	39	40	42
	45	46	49	50	51	52	54	55				
II	2	3	5	9	12	15	20	21	24	25	27	32
	33	34	35	37	41	44						
III	7	14	26	28	30	38	43	60				
IV	16	23	31	47	53	56	57					
V	4	10	11	48	58	59						
VI	13											

4 Conclusões

Os resultados dos agrupamentos dos métodos de Tocher e UPGMA foram próximos para os genótipos mais divergentes.

O acesso 13 (BGH 4505) foi o que apresentou maior dissimilaridade, destacando-se dos demais por possuir maiores médias para todos os caracteres avaliados.

5 Agradecimentos

Os autores agradecem a FAPEMIG, CAPES e CNPq pelos recursos para realização deste trabalho.

6 Referências

- [1] CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.
- [2] CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. v. 1, 3 ed., Viçosa: UFV, 480p. 2004.
- [3] JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. New Jersey, USA: Englewood Cliffs, 642p. 1992.
- [4] MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of The National Institute of Sciences of India**, v.12, p.49-55, 1936.
- [5] MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.
- [6] R DEVELOPMENT CORE TEAM (2011). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- [7] SAEG **Sistema para Análises Estatísticas**, Versão 9.1: Fundação Arthur Bernardes - UFV - Viçosa, 2007.
- [8] SOUZA, R. J.; MACÊDO, F. S. **Cultura do alho: tecnologias modernas de produção**. Lavras: Editora UFLA, 181p. 2009.
- [9] TRANI, P. E. **Cultura do alho (Allium sativum): Diagnóstico e recomendações para seu cultivo no Estado de São Paulo**. 2009. Artigo em Hypertexto. Disponível em: <http://www.infobibos.com/Artigos/2009_2/alho/index.htm>. Acesso em: 13/5/2013.
- [10] VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesq. agropec. bras.**, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.
- [11] VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL FILHO, P. S.; AMARAL JUNIOR, A. T. do; LUCCA E BRACCINI, A. de. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. **Bragantia**, Campinas v. 56, n. 2, p. 263-271, 1997.