VARIAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA EM CLONES DE *Eucalyptus*
urophylla S.T. BLAKE DA ILHA FLORES (INDONÉSIA)

CARLOS RAÚL LÓPEZ

Eng.º Florestal

Orientador: Prof. Dr. MARIO FERREIRA

Dissertação apresentada à Escola
Superior de Agricultura "Luiz de
Queiroz", da Universidade de São
Paulo, para obtenção do título
de Mestre em Ciências. Área de
concentração: Ciências Florestais.

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Junho - 1992

VARIAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA EM CLONES DE *Eucalyptus*
urophylla S.T. Blake DA ILHA FLORES (INDONÉSIA)

CARLOS RAÚL LÓPEZ

Aprovada em: 05/08/1992

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Mário FerreiraESALQ/USP

Prof. Dr. Gerhard BandelESALQ/USP

Prof. Dr. Hilton Thadeu Z. do CoutoESALQ/USP

Prof. Dr. Mário Ferreira

orientador

Aos povos brasileiro e argentino
que me permitiram executar este
trabalho,

AGRADEÇO

Às "Madres e Abuelas de Plaza de Mayo",

DEDICO

A Adriana e Jazmin.

OFEREÇO

SUMARIO

	Página
RESUMO.....	vi
SUMMARY.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Considerações gerais sobre a espécie.....	4
2.1.1. Ocorrência natural do <i>Eucalyptus urophylla</i>	4
2.1.2. Ocorrência na Ilha FLORES.....	6
2.1.3. Variações fenotípicas do <i>Eucalyptus urophylla</i>	8
2.2. Variações em populações de espécies florestais.....	10
2.2.1. Variação fenotípica.....	10
2.3. Variação genética.....	11
2.3.1. Estimativa de parâmetros genéticos....	13
2.4. A Taxonomia numérica na classificação biológica.....	14
2.4.1. Aspectos gerais.....	14
2.4.2. A Taxonomia Numérica.....	15
2.4.2.1. O Feneticismo.....	18
2.4.2.2. O Feneticismo na classificação biológica.....	18
2.4.2.3. A evidência taxonômica.....	19
2.4.2.3.1. Definição das unidades de estudo.	19
2.4.2.3.2. O carácter taxonômico.....	20
2.4.2.4. Estimação da semelhança taxonômica.....	24
2.4.2.5. A estrutura taxonômica.....	25
2.4.3 Vantagens da Taxonomia Numérica.....	28
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1. Material.....	29

3.1.2. Local do ensaio.....	30
3.2. Métodos.....	30
3.2.1. Análise de Agrupamentos.....	37
3.2.1.1. Recursos computacionais.....	45
3.2.2. Cálculo dos parâmetros genéticos.....	46
3.2.2.1. Análise estatística e estimativa de variâncias genéticas e fenotípicas.....	46
3.2.2.2. Estimativa do coeficiente de herdabilidade (h^2).....	49
3.2.2.3. Estimativa de progressos genéticos na seleção.....	50
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	51
4.1. Resultados da análise de agrupamentos.....	51
4.1.1. Avaliação do dendrograma.....	51
4.1.2. Interpretação do dendrograma.....	53
4.2. Estimativa de parâmetros genéticos para os "phenons".....	62
4.2.1. Estimativas de variâncias genéticas e não genéticas.....	62
4.2.2. Estimativas de herdabilidade.....	72
4.2.3. Estimativa de ganho genético.....	77
5. CONCLUSÕES.....	80
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	83
APÊNDICE.....	86

VARIAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA EM CLONES DE *Eucalyptus urophylla* S. T. BLAKE DA ILHA FLORES (INDONÉSIA)

Autor: CARLOS RAUL LÓPEZ

Orientador: Prof. Dr. MÁRIO FERREIRA

RESUMO

O presente trabalho é um estudo da variação fenotípica em 45 clones de *Eucalyptus urophylla* procedentes da Ilha Flores, através de técnicas de Taxonomia Numérica e a caracterização da variação genética dos grupos estabelecidos.

O ensaio foi instalado em áreas de propriedade da Empresa Champion Papel e Celulose Ltda, Município de Aguai, S.P. no Horto Florestal Nossa Senhora Aparecida (talhão 87).

O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com três repetições por tratamento e dez estacas por parcela.

Iniciou-se a coleta de dados em agosto de 1989, aos 3,5 anos de idade. Em agosto de 1991 e janeiro de 1992, foram repetidas a medição de algumas características e medidas outras novas, devido a exigências da metodologia.

A coleta de dados foi feita visando atender duas necessidades:

- A realização de Análise de Agrupamentos.
- O cálculo de parâmetros genéticos

Para atender à primeira necessidade avaliaram-se os clones através de três conjuntos

diferentes de variáveis:

7 quantitativas, 6 qualitativas nominais, e 10 qualitativas ordinais.

Com os dados originados nesta etapa, construiu-se a matriz básica de dados.

A parecença entre as "unidades taxonômicas" (clones) da matriz básica de dados, quantificou-se mediante os coeficientes:

- "Average Taxonomy Distance Coefficient" para os dados quantitativos.

- O Coeficiente de Jaccard para os dados qualitativos.

A aplicação destes coeficientes originaram a chamada Matriz de Parecença, a qual, mediante o uso do Método das Médias das Distâncias, mostrou a estrutura taxonômica dos clones através de um dendrograma.

A partir do dendrograma e usando-se alguns critérios para a escolha do número ideal de grupos, optou-se por 5 como sendo a melhor representação da estrutura taxonômica dos clones sob estudo.

A seguir calcularam-se os parâmetros genéticos dos grupos estabelecidos, para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico visando obter informações em relação ao ganho genético num programa de seleção.

Os resultados mostram a ordem de importância dos diferentes grupos em relação com o progresso genético num programa de seleção, destacando-se o grupo 2 constituído pelos clones etiquetados com os números: 12, 35, 40, 18 e 33, como sendo os mais promissores em termos de ganho genético.

PHENOTYPIC AND GENETIC VARIATION IN CLONES OF *Eucalyptus*
urophylla S.T. BLAKE FROM FLORES ISLAND (INDONESIA)

Author: CARLOS RAUL LÓPEZ

Adviser: PROF. DR. MÁRIO FERREIRA

SUMMARY

This paper deals with the study of phenotypic variation among 45 clones of *Eucalyptus urophylla* from Flores Island using Numerical Taxonomy techniques and characterization of genetic variation within the groups.

This experiment was laid out in January 1986 in an area of the Champion Pulp and Paper company, located in the Aguai County, State of São Paulo, Brazil.

A randomized block design was used with 3 replications and 10 trees per plot, in a row.

Data were collected at age 3.5, 5 and 6.

The objectives of this study were:

- i. to make a cluster analysis to classify the clones, and
- ii. the calculation of genetic parameters.

In the cluster analysis, the clones (Operational Taxonomy Units, OTU's) were evaluated using 3 sets of different characters, seven were quantitative, six nominal-qualitative and ten ordinal-qualitative.

Similarity among the basic matrix taxonomy units was evaluated by using coefficients as the Average Taxonomy Distance coefficient -on quantitative data-, and the Jaccard coefficient -on qualitative data.

The estimation of such coefficients then led to a so-called "Similarity Matrix", which revealed the structure of the taxonomic units after the application of the Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages, (UPGMA). The result was drawn as a "dendrogram", from which 5 groups were selected as they best represented the taxonomic structure of the clones.

Subsequently, the genetic parameters of the groups were obtained, -stating them with respect to diameter, height and cylindrical volume traits-, in order to get information about the genetic gain.

The results show the order of importance the different groups deserve, Group 2 being outstanding in terms of genetic gain.

1. INTRODUÇÃO

O *Eucalyptus urophylla*, junto ao *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus saligna*, é uma das espécies de eucalipto mais plantadas no Brasil devido à sua utilização nas indústrias de celulose, papel, chapas duras, carvão, serrarias, postes, etc. (PINTO Jr. 1984).

Pela sua amplitude de ocorrência, especialmente altitudinal, é considerada uma espécie muito importante, pois oferece um potencial de adaptação muito amplo, desde as regiões tropicais úmidas até as sub-tropicais. Este fato tem contribuído também para significativas variações na expressão das suas características, destacando-se as variações quanto ao tipo de casca, hábitos de crescimento, forma e tamanho dos frutos, forma e tamanho das folhas, etc., representadas em entidades classificadas como *Eucalyptus urophylla* mas que poderiam ser híbridos interespecíficos, variações naturais de uma mesma espécie, ou até espécies diferentes que estejam em um processo de evolução convergente.

Diferenciações na expressão fenotípica de populações constitui um fator muito interessante para caracterizar sua variação genética, através de estudos de procedências em diferentes ambientes (Martin e Cossalter, 1976). No caso de *Eucalyptus urophylla*, porém, segundo estes mesmos autores, a amplitude de variação na manifestação fenotípica é tão ampla que dificulta esta caracterização e, portanto, sua utilização em programas de melhoramento genético. Por outra parte, o aproveitamento da espécie na indústria também vê-se dificultado, pois os

processos industriais normalmente exigem produtos com características uniformes como matéria prima.

Para contornar estes problemas associados a muitas essências florestais, normalmente têm-se implementado testes clonais constituídos por indivíduos selecionados, segundo um padrão de variação de interesse econômico, com o fim de se obterem informações para a implantação de plantios homogêneos que permitam ganhos máximos numa geração, e para o estabelecimento de estratégias mais adequadas para o melhoramento florestal (FERREIRA, 1980; KAGEYAMA, 1980).

Com o *Eucalyptus urophylla*, também tem-se implementado esta metodologia estabelecendo-se testes com clones oriundos de diferentes procedências que, além de manter as características relacionadas com a alta produtividade e boas propriedades tecnológicas da sua madeira, permitam explorar todos os níveis de variabilidade genética inter e intraespecífica.

Todos estes fatos justificam a necessidade de ordenamento em relação aos padrões de variação fenotípica destas populações, possibilitando sua utilização em programas de melhoramento genético. Mas a quantidade e diferenciabilidade dos fatores a serem levados em conta no estudo destas variações, tornam necessário o uso de técnicas especiais para a obtenção de resultados satisfatórios. Um bom exemplo é a utilização de técnicas multivariadas que estudam procedimentos para combinar múltiplas informações contidas em uma unidade experimental, possibilitando orientar a seleção fundamentada em várias características da planta. Neste sentido a TAXONOMIA NUMÉRICA se constitui em uma ferramenta eficaz no presente estudo levando-se em conta que, através dela, é possível calcular a afinidade entre entidades biológicas, baseando-se no estudo dos seus atributos e classificando-se o indivíduo em uma das várias

classes determinadas.

Neste contexto, os objetivos do presente trabalho são:

1.-Classificar o material sob estudo em grupos, aglomerados segundo seu comportamento em relação a características qualitativas e quantitativas.

2.-Caracterizar a variação genética dos grupos homogêneos, quanto às características silviculturais, morfológicas etc., através da estimativa dos parâmetros genéticos mais importantes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Considerações gerais sobre a espécie.

2.1.1. Ocorrência natural do *Eucalyptus urophylla*.

O *Eucalyptus urophylla*, igualmente ao *Eucalyptus botryoides*, é uma das espécies de *Eucalyptus* tropicais que não ocorre naturalmente no continente australiano. A sua área de ocorrência natural limita-se a algumas ilhas da extremidade sul do Arquipélago SONDA (Timor, Wetar, Alor, Pantar, Lomblen, Adornara e Flores). No interior dessas ilhas, a espécie encontra-se numa faixa compreendida entre as latitudes 7°30'S e 10°S. Os limites leste e oeste do seu ambiente são menos definidos, admitindo-se como tais os meridianos 127° E e 122° E. (Fig. 1).

Em geral, as populações desta espécie concentram-se em baixas e médias altitudes, embora situem-se em uma ampla variação altitudinal (300m a 3000m), dependendo do local em que ocorrem. (MARTIN & COSSALTER, 1975).

Na maior parte da sua área de ocorrência, o *Eucalyptus urophylla* é a única espécie do gênero ocorrendo isoladamente, com exceção para determinadas áreas das Ilhas Timor, Flores, Alor, Lomblen e Wetar onde ocorre associado com o *Eucalyptus alba*.

O clima da área varia do tropical seco ao montano úmido (GOLFARI & CASER, 1977). A temperatura média

Fig.1 - Ilhas do Arquipélago Sonda - Indonésia

mensal varia de 27°C a 29°C a 400m de altitude, e de 17°C a 21°C a 900m. A média anual situa-se entre os valores de 15°C e 28°C. A precipitação, em geral, é do tipo estacional, com regime de verão. As geadas são pouco frequentes, e ocorrem apenas nas altitudes mais elevadas da sua área de distribuição. (MARTIN & COSSALTER, 1975).

Os solos das ilhas são bastante variáveis. Predominam os de tipo basáltico e arenoso, sendo escuros e ricos em matéria orgânica nos locais com maior grau de desenvolvimento (CORBASSON & COSSALTER, 1980). Em geral, as populações de *Eucalyptus urophylla* ocupam os sítios mais férteis, enquanto que as populações de *Eucalyptus alba* ocupam sítios com fertilidade inferior e com exposição rochosa (MARTIN & COSALTER 1976).

2.1.2. -Ocorrência na Ilha Flores

A partir da cidade de Maumere, localizada na parte oriental da ilha, (fig. 2) os povoamentos naturais de *Eucalyptus urophylla* ocorrem sobre cinco regiões determinadas pelos montes Egon (1700m), Wukoh, Lewotobi (1700m), Leworanhang (1120m), e Mandiri (1500m). (MARTIN & COSSALTER, 1976 b).

Os solos das formações montanhosas, em geral, são do tipo basáltico (MARTIN & COSSALTER, 1976), típicos das regiões com atividade vulcânica.

O clima predominante é do tipo tropical seco, com um gradiente de aridez aumentando no sentido oeste-leste. A precipitação média normal é de 1135mm, com uma média entre regiões de 1300mm, e 4 ou 5 meses de estação seca. A temperatura mínima e máxima é de 23°C e 28°C, respectivamente.

Os solos na Ilha Flores são, em geral, basálticos, e nos locais com maior grau de desenvolvimento, são também escuros e ricos em matéria orgânica. (MARTIN &

Fig.2 - Ilha Flores - Indonésia

COSSALTER, 1976).

VIEIRA & BUCSAN (1978), afirmam que:

-os povoamentos puros mais jovens de *Eucalyptus urophylla*, ocorrem nesta ilha sobre vulcões de forma cônica ainda em atividade. Nos montes Lewotobi, Wukoh e Egon, ocorrem densas formações nativas que ocupam os sítios mais úmidos, em altitudes que variam de 300 a 400m. O *Eucalyptus alba* também ocorre nestas altitudes, só ou associado ao *Eucalyptus urophylla*.

-no monte Mandiri, a floresta de *Eucalyptus urophylla* começa a 450m de altitude e é um alto fuste de 25-30m de altura, destacando-se sobre um sub-bosque denso composto de variadas espécies arbóreas e arbustivas.

MARTIN & COSSALTER (1976), ainda em relação à ocorrência natural, afirmam que:

-a partir de 600m de altitude ocorrem povoamentos puros de *Eucalyptus urophylla*, às vezes associados a espécies nativas nos locais mais úmidos. Em geral, o *Eucalyptus urophylla* coloniza as encostas de sítios mais secos e os cumes montanhosos.

-em relação à dinâmica das populações, é possível que a floresta seca de *Eucalyptus urophylla* corresponda a uma formação florestal secundária surgida após a destruição da floresta úmida pelas explosões vulcânicas. Esta floresta secundária seria decorrente da reconstituição sobre os solos mais favoráveis.

2.1.3. Variações fenotípicas do *Eucalyptus urophylla*.

Segundo MARTIN & COSSALTER, (1976), o *Eucalyptus urophylla* apresenta acentuado polimorfismo, o que dificulta sua descrição. Por isto, os autores destacam que tornam-se necessários melhores estudos em relação ao seu comportamento, através de diferentes técnicas, com o

fim de melhor estabelecer suas aptidões ecológicas, e sua potencialidade para introduções em países tropicais. Além do mais, é preciso definir bem suas relações com o *Eucalyptus alba* pois poderão existir híbridos rústicos e produtivos entre as duas espécies.

Nota-se, primeira vista, que o *Eucalyptus urophylla* da ilha Flores é bastante diferente do *Eucalyptus urophylla* de Timor. Em Timor, apresenta características uniformes de folhagem, casca e frutos, enquanto que em Flores há uma grande desuniformidade nestas características. Em Timor, o tronco apresenta-se recoberto por uma casca rugosa até a extremidade dos galhos, enquanto que em Flores a casca rugosa às vezes inexistente, ou existe em variadas proporções, desde um metro do nível do solo, até todo o tronco. Isto leva a pensar que a proporção de casca rugosa seria função do aumento da altitude (MARTIN & COSSALTER, 1975).

Os mesmos autores admitem a presença de duas variedades separadas pela altitude: a variedade com casca fibrosa (em altitudes mais elevadas), e a variedade de casca lisa (em altitudes médias), a qual ocorre principalmente na ilha Flores. A variedade com casca fibrosa é chamada por alguns de "*Eucalyptus urophylla* verdadeiro", ao passo que a variedade com casca fina é conhecida como *Eucalyptus platyphylla*.

Em relação à denominação da suposta variedade *platyphylla*, MARTIN (1987) esclarece que em 1957 o Centre Technique Forestière Tropical de Paris importou sementes do Instituto de Bogor (Java) sob a denominação de *Eucalyptus platyphylla*. Essas árvores deram origem ao E.P.F1, cujos progenitores masculinos não são bem conhecidos, mas admite-se que sejam árvores híbridas, com características semelhantes ao *Eucalyptus urophylla* e ao *Eucalyptus alba*. Portanto o autor admite que o E.P.F1 seja um híbrido de *Eucalyptus alba* x *Eucalyptus urophylla*.

Existem diversas hipóteses a respeito deste assunto, mas até hoje a questão da denominação *platyphylla* não está bem resolvida por falta de evidências, portanto este nome serve apenas para designar sub-populações que apresentam características de casca fibrosa e casca lisa em diferentes níveis do tronco.

A ampla diversidade da expressão fenotípica das populações de *Eucalyptus urophylla* levou os autores a lançarem diferentes propostas para tentar explicá-la. Assim, MARTIN & COSSALTER, (1976) destacam também a hipótese de uma possível introgressão do *Eucalyptus alba*.

Segundo VIEIRA & BUCSAN (1978), ocorrem "áreas de contacto" entre *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus alba*, nas altitudes de 450-550m, que possibilitam a ocorrência de híbridos entre as duas espécies. Porém, a caracterização fenotípica do suposto híbrido não está bem definida. Nas áreas de contacto das procedências da Ilha de Flores, os indivíduos possivelmente híbridos ali encontrados não diferem daqueles onde o povoamento é puro, ao passo que em Timor os indivíduos provavelmente híbridos apresentam características intermediárias entre as duas espécies. Estes autores ainda acrescentam que não é possível associar a presença de casca lisa a hibridações ocasionais de *Eucalyptus urophylla* com o *Eucalyptus alba* na Ilha de flores, fato que poderia ocorrer com as procedências de Timor.

2.2. Variações em populações de espécies florestais

2.2.1. Variação fenotípica

Segundo Dorman (1976), citado por FONSECA (1982), os estudos dos padrões da variação fenotípica nas populações de essências florestais, deveriam preceder os

estudos de variações genéticas quando inicia-se um programa de melhoramento com uma espécie pouco conhecida e com ampla distribuição geográfica. Estes estudos prévios que poderiam ser feitos visando revelar se as variações fenotípicas são contínuas, descontínuas ou aleatórias, permitiriam um melhor direcionamento nos testes a serem realizados, possibilitando a detecção de correlações entre as características morfológicas e os fatores ambientais importantes, reduzindo o número de populações a serem testadas, e consequentemente poupando esforços e recursos.

Em se tratando das populações de *Eucalyptus urophylla*, que mostram um acentuado polimorfismo, é ainda mais necessário definir os padrões de variação fenotípicos. A esse respeito, MARTIN & COSSALTER (1976), destacam a necessidade de se fazerem mais estudos sobre seu comportamento, através de diversos métodos, para melhor conhecer sua potencialidade.

2.3. Variação genética

A existência de variabilidade genética nas populações é pré-requisito fundamental para a obtenção de ganhos nos programas de melhoramento de plantas. O conhecimento da estrutura genética e a caracterização da variação genética são fatores preponderantes na definição de estratégias efetivas nos programas de melhoramento, e auxiliam grandemente na compreensão das consequências da manipulação dessa variabilidade para o aumento da produtividade florestal (NAMKOONG, 1984; STEINER, 1979).

Normalmente as populações que ocorrem em condições edafoclimáticas distintas têm como resultado diferentes características adaptativas. Assim, embora as populações estejam classificadas como pertencentes a uma mesma espécie, geralmente variam na sua constituição

genética, em função da sua adaptação a diferentes habitats. (KAGEYAMA, 1977).

Testes clonais

A grande vantagem da utilização da propagação vegetativa nos programas de melhoramento genético é a multiplicação dos indivíduos sem modificar as características do ortete, capturando a variância genética total: aditiva e não-aditiva.

A este respeito, FERREIRA (1980) destaca que o melhoramento genético por via assexuada em *Eucalyptus* é realizado através de enraizamento de propágulos vegetativos de árvores selecionadas, visando a implantação de testes de progênies clonais e áreas de multiplicação clonal, requisitos básicos para a formação de plantios comerciais.

Ainda este mesmo autor ressalta que os programas de melhoramento baseados em métodos de propagação por via assexuada permitem a obtenção de ganhos genéticos máximos numa única geração, utilizando todos os níveis de variabilidade entre e dentro das espécies.

Os clones são úteis nas estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas em populações, e do valor genético das árvores matrizes.

Segundo Burdon & Shelbourne (1973), citado por KIKUTI (1968), há dois tipos de informações genéticas que podem ser obtidas de estudos com clones:

a).-Estimativas de parâmetros genéticos. Podem ser estimadas: a variância genotípica total (que inclui os componentes aditivos e não-aditivos), a variância ambiental e variâncias de interação genótipo x ambiente. Com estas variâncias pode se calcular a herdabilidade no sentido amplo. A covariância entre diferentes caracteres

pode fornecer estimativas de correlações genotípicas e fenotípicas.

b).-Estimativas do valor genotípico dos indivíduos. O valor genotípico total de um indivíduo é importante quando a propagação é por via vegetativa.

2.3.1. Estimativa de parâmetros genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos representam a mais útil ferramenta em estudos de caracteres de populações para o estabelecimento de estratégias de melhoramento florestal. (KAGEYAMA, 1980).

Segundo Vencovsky (1969), citado por KAGEYAMA (1980), as estimativas de parâmetros genéticos se prestam para:

a). obterem-se informações sobre o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos.

b). orientação sobre o esquema mais adequado de seleção a ser adotado.

c). estimação do progresso esperado na seleção.

O sucesso de um programa de seleção está em função da existência de variabilidade na população. ELDRIDGE (1977), afirma que o melhoramento efetivo num programa de seleção depende da existência de variância genética aditiva. Contudo, quanto maior for o efeito genético não-aditivo para uma determinada característica, potencialmente maior será o ganho genético através da propagação vegetativa.

Os parâmetros genéticos mais importantes para o melhoramento florestal são os componentes de variância genética, coeficientes de herdabilidade para

estimar os ganhos genéticos, e as correlações genotípicas e fenotípicas entre as características. (KIKUTI, 1988).

Quando o material é propagado vegetativamente, a herdabilidade deve-se basear na variância genética total (TODA, 1963), portanto, o coeficiente de herdabilidade a calcular-se será no sentido amplo, i.é, que expressa a proporção da variância genética total em relação à variância fenotípica total.

A estimativa de herdabilidade possibilita a predição dos ganhos genéticos, e em consequência, permite a escolha de estratégias de melhoramento.

2.4. A taxonomia numérica na classificação biológica

2.4.1. Aspectos gerais

A existência de semelhanças entre indivíduos, e de diferenças entre grupos deles, permitiu ao homem sistematizar o mundo orgânico dentro de modelos definidos (METTLER E GREGG, 1973) possibilitando a organização e conseqüente compreensão da diversidade circundante.

Segundo este mesmo autor, a ciência da sistemática ou taxonomia vem a ser o estudo de miríades de organismos, seus tipos, as características que os distinguem e suas classificações, que são determinadas pelo estudo de quaisquer e todas as relações entre elas.

Segundo SNEATH & SOKAL, (1973) a taxonomia tradicional tenta ao mesmo tempo:

- classificar
- nomear
- indicar o grau de parecença, e
- mostrar as relações por descendência dos organismos, preenchendo funções que excedem às suas possibilidades.

Diante destas dificuldades, recentemente surgiram propostas com um carácter mais empírico nos trabalhos de taxonomia. O objetivo principal nesta taxonomia empírica é basear as classificações e os juízos taxonômicos em observações firmes e não apenas em hipóteses filogenéticas.

Tradicionalmente os taxonomistas tendiam a considerar as discrepâncias como embaraçosas exceções dos princípios geralmente aceitos. Mas, na atualidade, deu-se maior ênfase à descrição daqueles padrões de variação que de fato existem na natureza (SNEATH & SOKAL, 1973), prestando-se atenção apenas ao fenótipo dos organismos e não à sua filogenia.

Sob este ponto de vista as relações entre os organismos são chamadas de fenéticas, e a taxonomia é a disciplina que trata dos fundamentos teóricos das classificações incluindo suas bases, princípios, procedimentos e regras (Simpson, 1961; citado por SOKAL, 1973).

A classificação é um agrupamento de objetos em classes, baseando-se em atributos e/ou relações que os mesmos possuem em comum (CRISCI et alii, 1983).

O objetivo da classificação biológica no contexto da ciência, é ampliar o conhecimento em relação aos organismos e à compreensão das suas propriedades, semelhanças, diferenças e interrelações, diminuindo a ambigüidade e a intuição na sistemática.

2.4.2. A taxonomia numérica

Com o aparecimento do livro "Principles of Numerical Taxonomy" de SNEATH & SOKAL em 1963, iniciou-se uma verdadeira revolução na sistemática biológica (CHEYWOOD, 1984). Desde então, a taxonomia numérica tem sido um dos principais protagonistas da transformação

experimentada pela classificação biológica.

A taxonomia numérica é definida como a avaliação numérica das afinidades ou semelhanças entre as unidades taxonômicas, e o agrupamento dessas unidades em taxa, baseando-se no estado dos seus caracteres ou atributos, (SNEATH & SOKAL, 1963). Para tal fim, ela utiliza métodos que necessitam da conversão das informações oriundas das entidades taxonômicas em quantidades numéricas.

Conforme SNEATH & SOKAL, (1973) a prática da taxonomia numérica supõe uma determinada atitude filosófica e uma quantidade de hipóteses fundamentais para um trabalho de taxonomia. Assim ela compreenderia dois aspectos:

- filosófico, em relação à doutrina que fundamenta sua aplicação i.é, o feneticismo.
- operativo, relativo às técnicas numéricas.

Os fundamentos da classificação biológica são alvo de uma das maiores controvérsias em Biologia, devido à existência de várias correntes de pensamento em relação aos fundamentos teóricos. Muitos autores discutem esta problemática. (Mc NEIL, 1984; HEYWOOD, 1984; SNEATH E SOKAL, 1973, etc.).

Segundo Mc NEIL (1984), embora exista uma forte associação entre o desenvolvimento da taxonomia numérica e o feneticismo, é importante enfatizar que não são sinônimos. A taxonomia numérica não está restrita a classificações fenéticas e o feneticismo pode excluir as bases numéricas.

Embora existam variadas opiniões a respeito dos fundamentos da classificação biológica, HULL (1970), citado por CRISCI et alii (1983), afirma que basicamente são quatro as doutrinas sobre as classificações, às quais o sistemata adere consciente ou inconscientemente:

Essencialismo

Cladismo

Evolucionismo

Feneticismo

Para melhor entendimento, a seguir se faz um breve comentário de cada uma delas conforme o citado por CRISCI et alii (1983). (destaca-se o feneticismo que é a hipótese principal do presente trabalho).

Essencialismo. Esta teoria baseia-se na lógica aristotélica e sustenta a existência de "tipos básicos" na natureza, destacando que é função da ciência descobri-los. Na prática da classificação biológica o essencialismo compreende princípios, alguns dos quais são:

- Os seres vivos pertencem a uma série básica de tipos e formas imutáveis. Conseqüentemente todos os membros de um agrupamento classificatório correspondem ao tipo básico.
- As variações dentro de um mesmo táxon são desvios indesejáveis dos tipos básicos e devem ser desconsideradas.
- A tarefa da classificação biológica é descobrir e discriminar as essências com a ajuda da intuição.

Estes princípios, mesmo que ultrapassados, ainda subsistem na nomenclatura taxonômica.

Cladismo. Esta teoria destaca a importância da filogenia (história evolutiva) na classificação biológica dos organismos. Os seus critérios principais são:

- Cada táxon a se formar deve ser monofilético, i.é., que todos os membros compartilham um antecessor comum.
- Os agrupamentos formados baseiam-se na cercania temporal com um antecessor comum.
- A categoria taxonômica que se atribui a cada grupo, obedecendo à hierarquia lineana, está em relação direta com o tempo da ramificação da árvore genealógica, i.é.,

quanto mais antigo, mais elevada é a hierarquia.

Evolucionismo. É uma escola, cujo enfoque combina vários critérios com a informação genealógica. Alguns dos critérios envolvidos na classificação biológica são a seguir descritos:

- Leva-se em conta não apenas o monofiletismo nos grupos formados, mas também o grau de similitude entre eles através do tempo.
- Associa-se os taxa com habitats determinados.
- A hierarquia atribuída a cada táxon, se possível, deve-se adequar ao seu tamanho.

2.4.2.1- O Feneticismo

A origem desta teoria da classificação ainda não está bem definida. De acordo com SNEATH E SOKAL (1973), foi Michael Adanson, botânico francês do século XVIII (1727--1806), quem deu os fundamentos doutrinários do feneticismo. Porém, uma análise mais aprofundada revela que ela tem suas raízes no Empirismo e o Operacionalismo, escolas epistemológicas que tratam da origem do conhecimento. (CRISCI et alii, 1983).

2.4.2.2. O Feneticismo na classificação biológica

De acordo com SNEATH & SOKAL (1973) o feneticismo destaca os seguintes princípios:

- a) As classificações devem se efetuar com um grande número de caracteres, tomados de todas as partes do corpo dos organismos e de todo o seu ciclo vital, considerando-se como caráter qualquer propriedade ou atributo que varie nos objetos sob estudo.

b) Todos os caracteres utilizados têm a mesma significação e importância na formação dos grupos.

c) A semelhança total entre duas entidades é a soma das semelhanças obtidas em cada um dos caracteres utilizados na classificação.

d) Os grupos de taxa formados se reconhecem por uma correlação de caracteres diferentes.

e) A classificação é uma ciência empírica, na qual a experiência sensível desempenha um papel importante, e em consequência está livre de inferências genealógicas.

f) As classificações devem se basear exclusivamente nas similitudes fenéticas, se entendendo por fenético qualquer tipo de carácter utilizável na classificação, incluindo os morfológicos, fisiológicos, ecológicos, etológicos, moleculares, anatômicos, citológicos, etc.

g) O número de taxa estabelecido é arbitrário, desde que seja coerente com os resultados obtidos.

Estes autores destacam ainda, a respeito do feneticismo, que ele não questiona a Teoria da Evolução, nem a existência de uma genealogia nos organismos; simplesmente exclui do processo classificatório a informação filogenética, e inclusive considera válido o estudo da filogenia depois de efetuada a classificação.

2.4.2.3. A evidência taxonômica

2.4.2.3.1. Definição das unidades de estudo.

Conforme CRISCI et alii, (1983), todo processo classificatório reconhece como primeiro passo a

definição das unidades a classificar, ou seja, as OTU's. (Esta sigla provém da denominação "Operational Taxonomy Units" proposta por SOKAL & SNEATH, 1973).

Existe uma grande variedade de entidades biológicas tais como indivíduos, populações, espécies, gêneros, etc. A escolha de alguma delas como unidade taxonômica operativa dependerá da estratégia e dos objetivos do trabalho. Tem-se como regra geral nesta escolha, que as OTU's sejam internamente o mais homogêneas possível.

2.4.2.3.2. O carácter taxonômico

Todo processo classificatório baseia-se nas diferenças existentes entre os objetos a classificar. Essas variações que são a fonte da evidência taxonômica constituem os caracteres (CRISCI et alii, 1983).

O carácter pode-se definir como qualquer propriedade que varie nos objetos em estudo, e os possíveis valores que esse carácter pode apresentar são considerados os seus estados (SNEATH & SOKAL, 1973). Em relação a este conceito, a literatura aconselha levar em consideração os seguintes aspectos:

Homologia. Todos os estados de um mesmo carácter devem ser homólogos i.é., que as estruturas comparadas se correspondam. Como requisito indispensável, portanto, devem ser determinadas estas homologias antes de se iniciar qualquer trabalho de taxonomia.

O feneticismo propõe a chamada homologia operativa, segundo a qual dois estados são homólogos quando existe correspondência tanto na sua composição, quanto na sua estrutura. Entende-se por correspondência na composição a similitude qualitativa desde o ponto de vista biológico e/ou químico dos seus constituintes, enquanto

que a correspondência estrutural é definida como a similitude quanto à ordem das suas partes, na estrutura dos seus fenômenos bioquímicos, ou na ordem seqüencial das substâncias ou estruturas organizadas (SNEATH & SOKAL, 1973).

Tipo de caracteres. CRISCI et alii, (1983) destacam que seria impossível contar com uma listagem completa e única dos tipos de caracteres de cada grupo de organismos, e só como exemplo citam a seguinte classificação geral:

1. Morfológicos

- a) externos
- b) internos (anatomia)
- c) embriológicos
- d) citológicos, etc.

2. Fisiológicos

3. Químicos

4. Etológicos

5. Ecológicos

6. Geográficos

7. Genéticos

Escolha dos caracteres. Num trabalho de taxonomia numérica é conveniente escolher todo tipo de caracteres e de todas as partes do ciclo vital dos organismos (SNEATH & SOKAL, 1973; CRISCI et alii, 1983). Só devem ser excluídos:

- Os caracteres correlacionados logicamente e que dão informação redundante (Ex. altura, diâmetro e volume).
- Os caracteres que não variam nos objetos em estudo por carecer de poder de discriminação.

Número de caracteres. A respeito do número de caracteres a serem utilizados não há um acordo definitivo entre os

pesquisadores. Isto se deve a esta questão estar muito relacionada com a distribuição dos dados experimentais, e à dificuldade de se obterem caracteres adicionais escolhidos ao acaso, quando não é conhecida a distribuição dos mesmos. Este assunto foi investigado através de experimentos simulados sem qualquer solução definitiva. Porém, SOKAL (1973) propôs o número mínimo de 50 caracteres baseando-se apenas na experiência e na intuição pessoal.

Peso. Existe uma forte controvérsia em relação à importância que cada carácter deve ter no processo classificatório (HEYWOOD, 1968). Para o feneticismo não existem *a priori* caracteres mais importantes que outros, porque se assim for, seria impossível reconhecê-los, pois a importância de cada um deles é um resultado da classificação que consiste em definir os caracteres que melhor discriminam os grupos formados. Porém, segundo BUSSAB et alii (1990), é possível atribuir peso *a priori* aos diferentes tipos de caracteres sempre que sejam interpretáveis.

Categorias de variáveis: sua codificação

O resultado de uma Análise de Agrupamentos deve ser um conjunto de grupos que podem ser consistentemente descritos através de suas características, atributos, e outras propriedades. Consequentemente esses descritores são as variáveis do problema (BUSSAB et alii, 1990).

Para facilitar o manuseio das variáveis, às vezes é preciso submetê-las a um processo de codificação. Isto é uma representação lógica das mesmas, através de números que permitem o seu tratamento quantitativo.

Existem diferentes categorias de variáveis, tendo sido propostas numerosas classificações. A seguinte baseia-se nas propostas de CRISCI et alii (1983), e de BUSSAB et alii (1990):

Variáveis quantitativas. Elas medem relações quantitativas em sentido estrito, e em geral não precisam de codificação (Ex. altura da planta).

Variáveis qualitativas. São aquelas que expressam relações não-mensuráveis e precisam portanto de codificação. Esta categoria pode ser subdividida nos seguintes tipos:

a) Dicotômicas ou duplo-estado. São aquelas que, tendo apenas dois estados, indicam presença/ausência de um carácter ou estados excludentes. (Ex. presença/ausência de escamas). A codificação pode ser feita através de 1 (presença) e 0 (ausência).

b) Nominais. São aquelas que não podem ser ordenadas numa sequência lógica de graus do atributo (Ex. forma do tronco). É o tipo de mais difícil codificação; porém, este problema pode ser resolvido mediante o uso de uma variável artificial chamada "dummy", que não é outra coisa senão a transformação de cada estado num carácter presença/ausência. Isto tem o inconveniente de conferir maior importância ao carácter original em prejuízo dos caracteres não codificados nesta forma.

c) Ordinais. É o caso das variáveis que podem ser ordenadas numa sequência lógica de magnitudes da qualidade estudada (Ex. textura de casca: fina, intermediária, e grossa). Estas variáveis também aceitam a transformação antes referida, porém levando em conta a questão da ordem.

2.4.2.4. Estimação da semelhança taxonômica

A parecença entre as OTU's em estudo é quantificável através de operações matemáticas mediante a aplicação dos coeficientes de parecença (CRISCI et alii 1983). Adotando o critério destes autores, estes coeficientes podem-se dividir em três grandes grupos:

1. Coeficientes de distância.

São aqueles que aplicam-se em matrizes básicas que contém dados duplo e/ou multiestados, e tem um intervalo de variação de zero a infinito.

2. Coeficientes de correlação.

São aqueles que quantificam a semelhança entre as OTU's a partir de uma representação angular delas. O intervalo de variação fica entre 1 (máxima semelhança) e -1 (mínima semelhança).

3. Coeficientes de associação.

Estes medem as coincidências e diferenças dos estados nos caracteres das OTU's estudadas. Normalmente exigem dados tipo duplo estado e o seu intervalo de variação vai de 1 até 0.

Existe uma grande variedade de coeficientes de parecença na literatura e a sua escolha depende fundamentalmente do tipo de dados presente na matriz básica. Por ser esta uma etapa muito importante em qualquer estudo numérico, sugere-se a revisão de literatura especializada. A este respeito, ROMESBURG (1984) oferece maiores detalhes do tipo e propriedades destes coeficientes.

2.4.2.5. A estrutura taxonômica

A matriz de parecença (no presente trabalho adotou-se o termo parecença para expressar tanto a similaridade quanto o seu complemento: a dissimilaridade), é insuficiente para expressar as relações entre as OTU's sob estudo pois apenas mostra a parecença entre pares delas (CRISCI et alii, 1983). Para sintetizar a informação da matriz de parecença e mostrar as relações entre a totalidade de OTU's, existem dois tipos de técnicas:

- Análise de Agrupamentos ("Cluster Analysis")
- Métodos de Ordenação ("Ordination")

Análise de agrupamentos.

Este método envolve uma variedade de técnicas e algoritmos cujo objetivo é encontrar e separar objetos em grupos que tenham coesão interna dos objetos e isolamento externo entre os grupos (BUSSAB et alii 1990).

Existem diferentes classificações para os algoritmos de Análise de Agrupamentos. BUSSAB et alii (1990) adotam, por simplicidade, a sugestão de Cormack (1971) que propõe a seguinte classificação:

1. Técnicas Hierárquicas: nas quais os objetos são classificados em grupos em diferentes etapas, de modo hierárquico, produzindo uma árvore de classificação.
2. Técnicas de Partição: nas quais os agrupamentos obtidos produzem uma partição do conjunto de objetos.
3. Técnicas de Cobertura: nas quais os agrupamentos obtidos recobrem o conjunto de objetos, mas podem-se sobrepor um ao outro.

As técnicas hierárquicas ainda podem ser subdivididas em dois grupos:

- a) Aglomerativas, onde através de fusões sucessivas de "n" objetos, vão se obtendo grupos, até reunir todos os objetos em um único grupo.
- b) Divisivas, que partem de um único grupo e por divisão vão se obtendo os sucessivos grupos.

Dentre as técnicas hierárquicas mais usadas citam-se:

- O método da centroide
- O método das médias das distâncias
- O método de ligação simples ou do Vizinho Mais Próximo
- O método de ligação completa ou do Vizinho Mais Distante.

Dentre as técnicas de partição cita-se como exemplo o Método das K-médias.

BUSSAB et alii (1990), discutem com detalhe a aplicação e características destes métodos, orientando a escolha de um deles em estudos de taxonomia.

Métodos de Ordenação.

Estes métodos também servem para encontrar o padrão de relações da totalidade de OTU's, sendo que estas relações refletem a posição que elas têm no espaço, i.é, quanto mais perto se encontram entre si duas OTU's, mais relacionadas estão (CRISCI et alii, 1983).

A diferença com a Análise de Agrupamentos é devida à não delimitação dos grupos no espaço; tarefa esta que é atribuída ao pesquisador.

Existem numerosas técnicas de ordenação (SNEATH & SOKAL, 1973), dentre as quais as mais conhecidas são:

1. Análise de Componentes Principais.
2. Análise de Coordenadas Principais.
3. Análise Fatorial Múltipla.
4. Análise Fatorial de Correspondências.

Segundo CRISCI et alii (1983), a análise de Componentes Principais é a mais difundida e a sua aplicação baseia-se no uso de um reduzido número de variáveis hipotéticas, chamadas de Componentes Principais, e que representam um conjunto numeroso de variáveis. Estes Componentes não estão correlacionados entre si e portanto se interpretam independentemente. Cada Componente contém uma parte da variabilidade total dos caracteres, levando-se em conta a informação de todos eles, mas em diferentes proporções.

Critérios de seleção das técnicas a serem utilizadas.

O uso das diferentes técnicas permitem obter resultados gráficos próprios que sugerem diversas relações entre as OTU's; daí a importância de uma correta escolha. Segundo CRISCI et alii (1983), esta escolha pode-se basear, entre outros critérios, nos seguintes:

a- Coerência com os objetivos da pesquisa.

É importante conhecer a adaptação da técnica para se atingir o objetivo desejado. Rohlf (1968), citado por CRISCI et alii (1983), demonstrou que a técnica de análise dos Componentes Principais reflete com maior fidelidade as relações entre grupos formados a baixos níveis de similaridade, enquanto que é menos fiel para refletir relações muito estreitas. O contrário acontece com as técnicas de Análise de Agrupamentos que refletem relações muito estreitas com menor distorsão, (o que é desejável em se tratando de objetos tão semelhantes como, por exemplo, seriam os clones de uma espécie).

b- Tipo de dados.

A interpretação dos Componentes Principais carece de sentido quando aplicado sobre dados tipo duplo estado (o que acontece com a maioria dos dados no presente estudo).

2 4.3. Vantagens da taxonomia numérica

SNEATH & SOKAL, (1973) resumem algumas vantagens:

a) A taxonomia numérica tem a capacidade de integrar dados de variadas fontes: morfológicas, fisiológicas, ecológicas, químicas, sequência de aminoácidos, etc. Isto é muito difícil de se fazer através da taxonomia convencional.

b) Uma grande parte do processo de classificação é feito através da automação.

c) Os métodos quantitativos dão maior discriminação e melhores classificações que os métodos convencionais.

d) A taxonomia numérica tem forçado os pesquisadores a usar mais caracteres e melhor descritos.

e) A vantagem fundamental tem sido o reexame dos princípios da taxonomia e os propósitos da classificação.

f) A taxonomia numérica levou à reinterpretação de vários conceitos biológicos, etc.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. MATERIAL

3.1.1. Origem dos clones

Como material genético para o presente estudo, foi utilizada uma amostra de 55 clones proveniente de uma população da espécie *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, originária da Ilha Flores (Indonésia).

A população é derivada de uma coleta de sementes efetuada a partir de árvores de diferentes procedências, realizada pela Cia. Vale do Rio Doce, de maio a agosto de 1977. O número de progênies dentro de cada localidade variou em função do número de árvores matrizes que apresentavam frutos no estado ideal para a colheita de sementes viáveis, tendo sido ao mínimo cinco progênies por local.

As mudas produzidas a partir das sementes coletadas e misturadas (formando um composto dos diferentes lotes), foram plantadas em 1980 na Estação Experimental de Ciências Florestais de Anhembi, visando a formação de uma população base, com ampla base genética. Nessa população, aos 6 anos de idade foram selecionadas 55 árvores com predominância de casca lisa, e a seguir clonadas. Esta seleção foi feita obedecendo-se os critérios de crescimento e vigor normais, aliados à presença de casca não fibrosa, desprendendo-se em lamelas por todo o tronco ou a diferentes alturas do tronco. As

árvores assim selecionadas receberam o nome de "*Eucalyptus urophylla* var *platyphylla*" para diferenciá-las da espécie típica onde predominam árvores com casca fibrosa.

3.1.2. Local do ensaio.

O local do experimento situa-se no Horto Florestal Nossa Senhora Aparecida (talhão 87), no Município de Aguai, S.P., em áreas de propriedade da Empresa Champion Papel e Celulose Ltda.

Alguns dados climáticos deste local são:

Localização: Município de Aguai, S.P.

Altitude: 580m

Latitude: 22°11'S

Longitude: 47°07'W

Clima: tipo CWA

É um clima mesotérmico, com inverno seco. A temperatura média do mês mais frio é inferior a 18°C, e a do mês mais quente ultrapassa os 22°C. A precipitação média anual situa-se em torno de 1500mm. O total de chuvas do mês mais seco é inferior a 30mm. A estação seca ocorre entre os meses de abril e setembro, sendo julho o mês em que atinge a máxima intensidade. O mês mais chuvoso oscila entre dezembro, janeiro e fevereiro.

3.2. MÉTODOS

Os clones derivados dessas árvores foram identificados com um número de 001 até 055. A clonagem foi realizada através dos métodos comerciais de enraizamento de estacas, utilizando-se ácido indol-butírico na concentração de 6000ppm. para induzir o enraizamento

Os 55 clones foram levados ao campo nos meses de janeiro e fevereiro de 1986, sob o esquema de

banco clonal com espaçamento entre estacas de 3m x 3m, obedecendo a um delineamento inteiramente casualizado.

O banco clonal é constituído por 55 clones, com repetições variáveis (em função das estacas obtidas), totalizando 317 parcelas que ocupam uma área total de 21,40 há. O número de árvores por parcela também é variável (10 a 40) e em conjunto somam 22.260 estacas.

Dos 55 clones, no presente estudo foram considerados apenas 45 que apresentavam em comum 3 repetições, ignorando-se desta maneira, aqueles que não tinham no mínimo 3 repetições.

Para padronizar o tamanho da parcela, foram consideradas 10 estacas por parcela, sendo a escolha das parcelas e das estacas feitas ao acaso.

Tanto no estabelecimento do ensaio como na condução do mesmo, foram adotadas técnicas que respeitam a prática normal de viveiro e de campo.

A coleta dos dados foi feita visando preencher duas necessidades:

- A execução da análise de agrupamentos
- O cálculo dos parâmetros genéticos

Iniciou-se a coleta de dados silviculturais em agosto de 1989, aos 3 anos e meio após a instalação do teste. Em agosto de 1991 foram repetidas as avaliações silviculturais e adicionadas algumas variáveis novas, especialmente aquelas de tipo qualitativo, devido a exigências da Metodologia de Agrupamentos, que obriga a sucessivas tomadas de dados durante o ciclo dos organismos.

Para se avaliarem as características relacionadas com as folhas, frutos, casca, copa e tronco, foram sorteadas 3 árvores por clone nas diferentes repetições. A avaliação final do clone foi obtido através da média dessas medições. Em se tratando das variáveis associadas às folhas, a avaliação final foi obtida através

da média das medições de 15 folhas por clone, oriundas de ramos provenientes da base, do meio e do topo das árvores, utilizando apenas as folhas que ocorrem na posição mediana do ramo. Os dados correspondentes aos frutos foram obtidos de maneira semelhante, porém, desconsiderando a sua localização nas árvores.

Em janeiro de 1992 foram coletados dados de altura e diâmetro, considerando-se o banco clonal como um teste clonal, e através desses dados foram estimados os parâmetros genéticos.

A avaliação final dos clones foi feita através da análise de 3 conjuntos diferentes de variáveis, 23 ao todo (Pag. 38 a 41).

Justificativa da escolha das variáveis

Como já foi discutido na Revisão Bibliográfica, a escolha das variáveis é um aspecto de muita importância. Conforme SNEATH & SOKAL (1973) é conveniente usar todo tipo de caracteres que se relacionem com todo o ciclo vital dos organismos, e que possam discriminar a variação entre eles, descartando apenas os caracteres correlacionados.

A relação dos conjuntos de variáveis é a seguir apresentada:

a) Variáveis quantitativas:

1. Altura total das plantas (m)
2. Diâmetro do tronco das plantas a 1,30m do solo (cm)
3. Relação comprimento/largura das folhas
4. Diâmetro do cálice (mm)
5. Comprimento do pecíolo das folhas (mm)
6. Comprimento do cálice (mm)
7. Comprimento do pedicelo do cálice (mm)

8. Sobrevivência (%)

As duas primeiras variáveis foram representadas pelo volume cilíndrico dos troncos dos clones estimado por:

$$V = 0.78 \times D^2 \times H$$

sendo:

D= diâmetro do tronco a 1.30m do solo

H= altura total das plantas

b) Variáveis qualitativas:

b.1- Nominais:

TIPO	ESTADO	NOTA	CODIFICAÇÃO
<u>Cálice</u>			
1. Tipo de disco.	nivelado	0	0
	incluso	1	1
2. Tipo de valvas.	exerta	3	001
	rasante	2	010
	inclusa	1	100
<u>Tronco</u>			
3. Bifurcação na base do tronco do clone.	0 - 7.5%	4	0001
	8 - 15.5%	3	0010
	16 - 23.5%	2	0100
	24 - -----	1	1000
4. Bifurcação no topo do tronco do clone.	0 - 7.5%	4	0001
	8 - 15.5%	3	0010
	16 - 23.5%	2	0100
	24 - -----	1	1000

Variáveis nominais (cont.)

5. Forma do tronco do clone.	perfeitamente reto...	7	0000001
	ligeira tortuosidade superior.....	6	0000010
	ligeira tortuosidade superior e inferior..	5	0000100
	reto com ligeira tortuosidade na base....	4	0001000
	tortuosidade acentuada no topo.....	3	0010000
	tortuosidade acentuada na base.....	2	0100000
	ligeira tortuosidade em toda a extensão...	1	1000000
	6. Forma do cálice cônico	0-1	0-1
	hemisférico	0-1	0-1
	campanulado	0-1	0-1

b. - Ordinais

1. Tortuosidade geral do tronco do clone.	nenhuma	3	111
	1 plano	2	110
	2 planos	1	100
2. Inclinação do tronco do clone.	nenhuma	4	1111
	leve	3	1110
	média	2	1100
	acentuada	1	1000

Variáveis ordinais (cont.)

3. Desrama.	grande	3	111
	média	2	110
	pouca	1	100
4. Comprimento da copa das plantas.	pequeno	3	111
	médio	2	110
	grande	1	100
5. Largura da copa das plantas.	estreita	3	111
	média	2	110
	ampla	1	100
6. Densidade da copa das plantas.	rala	3	111
	média	2	110
	densa	1	100
7. Altura da casca fibrosa no tronco.	1º terço	3	111
	2º terço	2	110
	3º terço	1	100
8. Textura da casca.	fina	3	111
	média	2	110
	grossa	1	100
9. Espessura do pedicelo do cálice.	fino	3	111
	intermédio	2	110
	grosso	1	100
10. Aspecto geral do clone.	muito bom	4	1111
	bom	3	1110
	médio	2	1100
	ruim	1	1000

3.2.1. Análise de agrupamentos

Para a realização da análise de agrupamentos adotou-se como estrutura básica de aplicação dessa técnica numérica as seguintes etapas (BUSSAB et alii, 1989; CRISCI et alii, 1983):

- a). Definição do problema, escolha das unidades ou objetos.
- b). Escolha das variáveis.
- c). Construção da matriz básica de dados.
- d). Escolha dos critérios de parecença.
- e). Construção da matriz de similaridade.
- f). Adoção e execução de alguma técnica para obter a estrutura taxonômica do grupo em estudo.
- g). Apresentação dos resultados.
- h). Avaliação e interpretação dos resultados.

- a). Definição do problema, escolha das unidades.

Conforme foi discutido na Introdução, foram definidas como unidades taxonômicas operacionais (Operational Taxonomy Units, OTU's), segundo a denominação proposta por SOKAL (1979), os 45 clones de *Eucalyptus urophylla* da Ilha Flores.

- b). Escolha das variáveis.

Como evidência taxonômica foram definidas as características (variáveis) que permitirão classificar as unidades escolhidas no passo anterior. Assim, foram tomadas 23 variáveis: 7 quantitativas, 6 qualitativas nominais, e 10 qualitativas ordinais.

No caso das variáveis quantitativas os valores representam a média geral para o caráter em

questão, desconsiderando-se o problema da variação intra-OTU.

Em se tratando das variáveis qualitativas, tanto nominais quanto ordinais, os valores também representam a média do caráter, mas codificadas em forma binária através da criação de variáveis fictícias (dummies), respeitando-se a questão da ordem no caso das variáveis qualitativas ordinais. A codificação binária destas variáveis, feita numericamente através de "0" e "1", apenas representa um rótulo que facilita o tratamento quantitativo dos números.

c). Construção da matriz básica de dados.

Com os dados produzidos no item anterior construiu-se um quadro chamado "matriz básica de dados", onde as variáveis estão representadas nas colunas e as OTU's nas linhas.

No presente estudo a matriz básica de dados está representada por três matrizes parciais devido à necessidade de serem feitas considerações diferentes em cada uma delas.

d). Escolha dos critérios de parença.

A parença entre as OTU's é quantificada através dos coeficientes de parença. Esses coeficientes medem a similaridade ou seu complemento: a dissimilaridade, em relação a cada possível par de OTU's da matriz de dados.

Para medir a parença entre as OTU's quando se trata de variáveis quantitativas, adotou-se o "Average Taxonomy Distance Coefficient". Este coeficiente proposto por SOKAL (1961), é um coeficiente de dissimilaridade, com intervalo de variação de "0" a

"infinito", onde a distância "0" corresponde à máxima similaridade, e obedece à fórmula:

$$A.T.D. = \sqrt{\frac{CTDD}{n}} \quad \text{onde } TD = \left[\sum_{i=1}^n (x_{ij} - x_{ik})^2 \right]^{1/2}$$

A.T.D. = Average Taxonomy Distance

T.D. = Taxonomy Distance

Na aplicação dos coeficientes de parecença nos dados quantitativos surgiu a dificuldade na coexistência de diferentes escalas de medida em relação a uma mesma OTU, por exemplo, altura dos clones expressada em metros e diâmetro dos frutos em milímetros. Para contornar essa dificuldade e evitar distorsões criadas pelo fator escala, padronizou-se previamente a matriz básica de dados quantitativos para que os dados fiquem expressos em unidades de desvio padrão, mediante a aplicação da fórmula:

$$X \text{ padronizado} = \frac{x_{ij} - \bar{x}_i}{s_i}$$

onde:

x_{ij} é o valor do carácter "i" para a OTU "j"

$\bar{x}_i$ é a média do carácter "i"

s_i é o desvio padrão do carácter "i"

Para medir a parecença das OTU's para as variáveis qualitativas usou-se o coeficiente de Jaccard, que é um coeficiente de associação muito utilizado em caracteres do tipo duplo estado e que tem a seguinte fórmula:

$$\frac{a}{a + b + c}$$

sendo:

a: o número de coincidências 1 1

b: o número de coincidências 1 0

c: o número de coincidências 0 1

O coeficiente de Jaccard apresenta um intervalo de variação de 0 a 1, sendo 1 a máxima similaridade. Este coeficiente confere mais importância às coincidências tipo 11, 01, 10 e desconsidera as coincidências 00. A natureza dos dados do presente trabalho faz com que a coincidência de zeros seja previsível *a priori*. Este fato, aliado à condição de duplo estado dos caracteres, orientou a adoção do coeficiente de Jaccard.

e). Construção da matriz de similaridade.

Os resultados obtidos da aplicação dos coeficientes de parecença nas matrizes de dados para todos os pares de OTU's, foram colocados em forma tabular gerando a chamada "matriz de similaridade".

No presente estudo como haviam 3 matrizes básicas de dados, obtiveram-se 3 matrizes de distâncias sobre as quais foram aplicados os coeficientes de parecença. Nesta etapa foi corrigido o sentido das matrizes de distância. Para isto as matrizes de distância qualitativas foram transformadas em matrizes de dissimilaridade através da multiplicação por (-1).

A codificação binária das variáveis qualitativas, mediante o uso das variáveis fictícias (dummies), resulta em um aumento indesejável da importância delas em prejuízo das variáveis quantitativas não codificadas, (6 para 21 no caso das variáveis nominais, 10 para 32 nas variáveis ordinais). Para contornar tal problema, foi necessário usar um artifício para que todas as variáveis tenham o mesmo peso *a priori*,

como exige o feneticismo. Para tal fim, as matrizes parciais quantitativa, qualitativa nominal e qualitativa ordinal foram multiplicadas respectivamente pelos coeficientes 2.61, 0.75, e 0.82, para que as variáveis recuperem os seus pesos originais. Estes coeficientes são obtidos dos cálculos da porcentagem de representação das variáveis codificadas e sem codificar.

Finalmente, obteve-se uma matriz única de parença mediante a junção das 3 matrizes de distância parciais. Na matriz única estão comparadas cada OTU consigo mesma e com as restantes, para todas as variáveis envolvidas no estudo (ver apêndice).

f). Técnica para a obtenção da estrutura taxonômica:

Análise de Agrupamentos.

Nesta etapa agruparam-se as OTU's associadas por grau de parença através da aplicação de um algoritmo. No presente trabalho foi escolhido o "Método das Médias das Distâncias" (MMD). Este é um processo hierárquico, que em cada passo diminui uma dimensão da matriz de parença pela reunião de pares semelhantes até que todos os pontos estejam reunidos em um único grupo (BUSSAB et alii, 1990).

Conforme CRISCI, (1983) a aplicação de um algoritmo de agrupamentos envolve os seguintes passos:

1. Na matriz de distâncias identificam-se as duas OTU's com maior similaridade. Elas formarão o núcleo do primeiro grupo.
2. Busca-se, na matriz de distâncias, o próximo valor de maior similitude. Este valor pode levar à:
 - formação de novos grupos
 - incorporação de uma OTU a um núcleo já existente para

formar um grupo.

- a fusão dos núcleos existentes.

3. Repete-se a segunda etapa do processo até que todos os grupos ou núcleos estejam unidos e tenham incluído a totalidade das OTU's.

No presente trabalho, a incorporação das novas OTU's aos núcleos ou grupos já existentes, foi realizada através do Método das Médias das Distâncias.

Neste método considera-se que o valor de similitude da OTU candidata a incorporar-se ao grupo ou núcleo, é igual a uma similitude média resultante dos valores de similitude entre ela e cada um dos integrantes do grupo ou núcleo (CRISCI et alii, 1983).

Pelo fato de existirem vários tipos de médias, é possível contar com mais de uma técnica de distâncias médias. No presente estudo, optou-se pela média aritmética não ponderada (Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages, UPGMA), porque ela origina uma menor distorsão na técnica de agrupamento. Se o candidato a ser incorporado é um grupo ou núcleo, o valor de similaridade será uma média dos valores de similaridade entre os pares possíveis de OTU's do grupo ou do núcleo.

g). Apresentação dos resultados.

O dendrograma é a representação gráfica mais utilizada da estrutura taxonômica obtida com as técnicas de Análise de Agrupamentos. Neste tipo de representação, os valores de similaridade encontram-se em uma escala colocada normalmente no extremo superior. As OTU's colocam-se no extremo direito. Delas partem linhas horizontais, que se unem sucessivamente às linhas verticais, em função da escala, e das relações de semelhança entre elas.

h). Avaliação e interpretação dos resultados.

O dendrograma pode ser considerado como a representação simplificada da matriz de parecença. Para verificar a capacidade do dendrograma de reproduzir a citada matriz, o primeiro passo é construir a Matriz Cofenética, que é a matriz de distâncias entre as OTU's, obtida a partir do dendrograma. O passo seguinte é verificar a proximidade entre a matriz cofenética e a matriz de parecença. Isto é feito mediante o Coeficiente de Correlação Cofenética. Quanto maior é a proximidade deste coeficiente com a unidade, melhor é a representação, ou seja, maior é a proximidade entre a matriz de parecença e o dendrograma.

Para interpretar os dendrogramas, se reconhecem primeiro os grandes grupos originados a baixos níveis de similaridade. Depois se analisam os grandes grupos e se separam os sub-conjuntos. Esta interpretação é apenas uma descrição do dendrograma. Só na formulação das hipóteses entra o juízo e o conhecimento do pesquisador sobre o assunto.

Já que o algoritmo utilizado para a determinação da estrutura taxonômica dos clones, tao qual as outras técnicas hierárquicas, não apresenta um indicador do número ideal de grupos, no presente trabalho optou-se pela sugestão proposta por BUSSAB et alii (1990), que decide pelo "corte" do dendrograma nos lugares em que se produzem os maiores saltos dos níveis de similaridade. Como isto ainda determina diferentes opções de agrupamento, usou-se uma outra regra de decisão também proposta por BUSSAB et alii (1990).

Segundo esta técnica denota-se a configuração de "n" objetos em "k" grupos por $P(k)$, e a matriz de dispersão dentro dos grupos da k-ésima configuração por $W(k)$. A dispersão da j-ésima variável

dada pelo j -ésimo elemento da diagonal da matriz de dispersão, é denotado por $W_{ij}(k)$. Se os dados forem normalmente distribuídos e com a mesma matriz de covariância, $W_{ij}(k)$ tem distribuição proporcional a χ^2 com $n-1$ graus de liberdade. Analogamente, para $P(k+1)$, $W_{ij}(k+1)$ tem distribuição proporcional a χ^2 com $n-k-1$ graus de liberdade. Neste esquema, a estatística definida por:

$$R = \left(\frac{W_{ij}(k)}{W_{ij}(k+1)} - 1 \right) (n-k-1),$$

representa a redução relativa na variância dentro dos grupos ao se passar de k para $k+1$ grupos, quando se considera somente a j -ésima variável. Desta maneira, valores altos de R indicam a existência de $k+1$ grupos na variável j .

Devido a que é possível fazer um teste global repetindo o procedimento citado para cada uma das variáveis, no presente estudo se fez uma análise bivariada envolvendo a variável volume cilíndrico às idades de três anos e meio, e seis anos respectivamente. A estatística R foi utilizada como uma indicadora do número de grupos, se considerando a existência de k grupos quando o valor observado de R é menor que o valor crítico dado por uma tabela de distribuição de F . Para que R indique uma estrutura de $k+1$ grupos é necessário que o valor observado seja não somente maior que o valor crítico da distribuição de F , mas algumas vezes maior. Hartigan, citado por BUSSAB et alii (1990) sugere, $R > 10$ para amostras grandes.

Por outro lado, para verificar a consistência dos grupos formados, em relação às variáveis associadas com a produtividade, usou-se a análise de variância multivariada. Através dela estudou-se o

comportamento das variâncias nos grupos, quando consideradas as variáveis altura diâmetro e volume cilíndrico. A efetiva separação dos grupos foi testada segundo a significância dos contrastes efetuados.

3.2.1.1. Recursos computacionais

Devido a que a Análise de Agrupamentos envolve normalmente o armazenamento e manipulação de numerosos dados, e que a sua aplicação exige um grande número de cálculos, é preciso contar com pacotes computacionais que facilitem essa tarefa que de outra maneira seria impracticável. Felizmente existe uma ampla variedade destes pacotes que facilitam a realização deste tipo de análise.

De um modo geral, é possível dizer (BUSSAB et alli 1989) que existem dois tipos de programas computacionais aplicáveis a este tipo de análise:

- Os chamados pacotes de Análise Estatística (SAS, BMDP, SPSS, etc.), que possuem uma grande variedade de procedimentos para a aplicação das mais diferentes técnicas estatísticas e manejo de dados, e
- Os pacotes desenvolvidos primordialmente para a aplicação de técnicas multivariadas com ênfase em Análise de Agrupamentos (NTSYS, CLUSTAN, CLUSTAR, etc.).

NTSYS. (Numerical Taxonomy System of Multivariate Programs).

Este pacote foi inicialmente desenvolvido para ser usado em Taxonomia Numérica na área de Biologia, porém, foi amplamente usado em Ecologia, Engenharia, e Ciências Humanas. A versão utilizada no presente trabalho corresponde à 1.40 desenvolvida por JAMES ROHLF (1988) do Department of Ecology and Evolution, State University Of New York. Este programa dispõe de 8 métodos para análise hierárquica, 16 coeficientes de parecença para atributos

qualitativos e 9 para atributos quantitativos. A análise de agrupamento não-hierárquica pode ser realizada através de uma variação do método de k-médias.

3.2.2. Cálculo dos parâmetros genéticos.

Em relação ao cálculo dos parâmetros genéticos, que visa a caracterizar a variação genética dos grupos, foram utilizados os dados de altura total das plantas e diâmetro à altura do peito coletados em janeiro de 1992, tomados a nível das estacas individuais em cada um dos grupos formados.

3.2.2.1 Análise estatística e estimação de variâncias genéticas e fenotípicas.

A análise de variância para os dados de cada característica a nível de plantas individuais foi feita conforme o esquema que obedece ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = m + t_i + e_{ij} + d_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = observação do tratamento "i", na repetição "j"

m = média geral do experimento.

t_i = efeito de tratamento.

e_{ij} = erro experimental associado à parcela que contém o tratamento "i" na repetição "j".

d_{ijk} = contribuição genética e do ambiente sobre Y_{ijk} .

O esquema da análise de variância utilizado foi:

F. V.	G. L.	Q. M.	E(Q. M.)
Clones	n-1	Q_1	$\sigma_d^2 + k \cdot \sigma_e^2 + k \cdot r \cdot \sigma_g^2$
Erro	n(r-1)	Q_2	$\sigma_d^2 + k \cdot \sigma_e^2$
Dentro	nr(k-1)	Q_3	σ_d^2
Total	n.r.k-1		

sendo:

N= número total de parcelas.

n= número de tratamentos.

r= número de repetições.

k= número de árvores por parcela.

As estimativas de variâncias genéticas, ambiental e de parâmetros afins, foram obtidos da descomposição dos quadrados médios ajustados em sua esperança matemática geradas pelo esquema de análise de variância. Desta maneira o cálculo das variâncias foi feita segundo as expressões seguintes:

$$\sigma_g^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{k \cdot r}$$

$$\sigma_e^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{k}$$

$$\sigma_d^2 = Q_3$$

A estimação do desvio padrão, ou respectivo erro, de estimativas de componentes genéticos da variância, foram calculados conforme citado por VENCovsky e BARRIGA (1992) mediante as expressões:

$$s(\hat{\sigma}_g^2) = \sqrt{\frac{2}{k^2 r^2} \left(\frac{Q_1}{n_1 + 2} + \frac{Q_2}{n_2 + 2} \right)}$$

$$s(\hat{\sigma}_e^2) = \sqrt{\frac{2}{k^2} \left(\frac{Q_1}{n_1 + 2} + \frac{Q_2}{n_2 + 2} \right)}$$

$$s(\hat{\sigma}_d^2) = \sqrt{\frac{2 Q_3}{n + 2}}$$

Nas expressões:

r = número de repetições;

k = número de plantas (dados) por parcela;

Q_1 ; Q_2 ; Q_3 = quadrados médios relativos às fontes de variação de clones, do resíduo e do componente dentro de clones, respectivamente.

n_1 ; n_2 ; n_3 = número de graus de liberdade de Q_1 ; Q_2 ; Q_3 respectivamente.

A variância fenotípica individual foi calculada segundo a expressão:

$$\sigma_{F1}^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2$$

onde:

σ_g^2 = coeficiente de variação genética.

σ_e^2 = coeficiente de variação entre parcelas.

σ_d^2 = coeficiente de variação dentro de parcelas.

O coeficiente de variação entre clones (CVcl), o coeficiente de variação dentro (CVd), o coeficiente de variação entre, e o coeficiente de variação fenotípica em porcentagem da média ($\bar{x}$), foram estimados pelas expressões:

$$CVcl (\%) = \frac{\sigma_{cl}}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$CVd (\%) = \frac{\sigma_d}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$CVe (\%) = \frac{\sigma_e}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$CVF (\%) = \frac{\sigma_F}{\bar{x}} \cdot 100$$

3.2.2.2 Estimativas do coeficiente de herdabilidade (h^2).

Foi estimado o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo a partir das estimativas das variâncias genéticas e não genéticas, segundo a expressão seguinte:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}$$

A estimativa do desvio padrão, ou respectivo erro, de estimativas do coeficiente de herdabilidade a nível de plantas, foi calculado conforme VENCOSKY e BARRIGA (1992), através da expressão:

$$s(\hat{h}_i^2) = \sqrt{\frac{2}{(\sigma_f^2)^4} [D_1(\sigma_f^2 - \sigma_g^2) + D_2(a\sigma_f^2 + b\sigma_g^2) + D_3\sigma_g^4]}$$

sendo:

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 = a.Q_1 + b.Q_2 + c.Q_3$$

$$a = \frac{1}{r.k}$$

$$b = \frac{1}{k} \left(1 - \frac{1}{r}\right)$$

$$c = 1 - \frac{1}{k}$$

$$D_1 = \frac{a^2 Q_1^2}{n_1 + 2}$$

$$D_2 = \frac{Q_2^2}{n_2 + 2}$$

$$D_3 = \frac{c^2 Q_3^2}{n_3 + 2}$$

3.2.2.3. Estimativas do progresso genético na seleção.

Foram estimados os ganhos genéticos para o esquema de seleção entre clones, dentro dos grupos formados, conforme o citado por VENCovsky (1978) através da expressão:

$$K. \frac{\sigma_{cl}^2}{\sqrt{\sigma_{cl}^2 + \frac{\sigma_e^2}{r} + \frac{\sigma_{da}^2}{n.r}}}$$

onde:

K = intensidade de seleção entre clones.

σ_{cl}^2 = variância entre clones.

σ_{da}^2 = variância dentro de clones (ambiental).

n = número médio de plantas por parcela.

r = número de repetições.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Resultados da análise de agrupamentos

A tabela 1 mostra a representação gráfica da estrutura taxonômica resultante do processo de agrupamento, chamado dendrograma. Ele é um diagrama arvorescente que representa em forma bidimensional as relações de parença multidimensionais da totalidade de OTU's (CRISCI et alii, 1983). Nele estão indicados os clones no extremo direito, aglomerados em diferentes grupos segundo o nível de parença conforme a escala de similaridade colocada no extremo superior.

4.1.1. Avaliação do dendrograma

O dendrograma pode ser considerado uma representação da matriz de parença. Porém, esta representação nunca é exata devido à distorsão interna das técnicas de agrupamento e à natureza dos objetos sob estudo (BUSSAB et alii, 1990; ROHLF, 1988). A bondade desta representação é testada através do Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC), computado entre a matriz de parença (matriz soma), e a matriz cofenética como discutido na Metodologia.

Como se mostra na tabela 2 obteve-se o valor 0.48 para este coeficiente quando utilizado o Método das Médias das Distâncias. Este valor está abaixo dos valores achados na literatura, os quais normalmente ficam

Tabela 2. Valores de Coeficiente de Correlação Cofenética (CCCC) segundo os métodos de agrupamento.

MÉTODO	C. C. C.
Médias das Distâncias	0.48
Ligação simples	0.14
Médias Ponderadas (WPGMA)	0.43

acima de 0.6. Ainda destaca-se a este respeito, que o citado valor é o mais representativo quando comparado aos valores obtidos pelos Métodos de Ligação Simples e da Média Aritmética Ponderada. Ou seja, mesmo utilizando a técnica que origina a menor distorsão, obteve-se uma representação pobre da matriz de parecença devido à natureza dispersa das OTU's (ROHLF 1988).

4.1.2. Interpretação do dendrograma

A interpretação do dendrograma é apenas uma descrição que contribui para a formulação de hipóteses sobre as causas biológicas e metodológicas que explicam a formação de determinados agrupamentos. Por isso não se deve confundir com a etapa de formulação de sugestões, na qual participam mais o juízo e os conhecimentos do pesquisador sobre o assunto (CRISCI et alii, 1983).

A descrição não oferece maiores dificuldades: primeiro distinguem-se visualmente os grandes grupos, ou seja aqueles que se formam a baixos níveis de parecença. Depois, ao se analisar dentro destes grupos, é possível a separação em sub-grupos até chegar aos núcleos que representam a máxima semelhança encontrada nos organismos em estudo (CRISCI et alii, 1983).

No dendrograma da figura 1 nota-se perfeitamente a existência de pouca diferenciação na formação dos grupos, isto é, eles se formam mediante pequenos saltos nos níveis de parença. Assim por exemplo, ao nível 4.70 apenas diferencia-se o clone número 2, ficando os restantes num grupo só.

Ao se "cortar" o dendrograma nos sucessivos níveis de parença aparecem novos conjuntos e sub-conjuntos de clones. Com o corte do dendrograma ao nível 4.6 da escala de parença, separam-se os sub-grupos formados pelos clones: 1, 17, etc. até 33; 11, 32 etc. até 34; e o constituído apenas pelo clone 2. Deste modo, podem-se efetuar sucessivos cortes no dendrograma, obtendo-se diferentes conjuntos de clones agrupados a níveis de parença cada vez mais distantes. Neste sentido deve-se destacar que os possíveis sucessivos cortes ao dendrograma, como se observa na escala de similaridade, ocorrem a níveis de parença bastante próximos revelando um fato muito importante: os clones sob estudo distam muito pouco entre eles.

A possibilidade de "relaxar" o nível de parença na determinação dos diferentes grupos obriga a dispor de um critério adicional na escolha do nível.

Os algoritmos utilizados produzem grupos que constituem uma proposição sobre a organização básica e desconhecida dos dados. Entretanto, todos os procedimentos esbarram em uma mesma dificuldade comum, que é a determinação do número ideal de grupos (BUSSAB et alii, 1990). O processo aglomerativo pode ser interrompido em qualquer nível de parença produzindo diferentes agrupamentos de clones. Para auxiliar na decisão de qual dos cortes representa melhor a população em estudo, normalmente utiliza-se a análise gráfica. Neste sentido BUSSAB et alii, (1990) sugerem o exame do dendrograma em busca de grandes alterações dos níveis de similaridade

para as sucessivas fusões.

A aplicação do citado critério na realização dos "cortes" no dendrograma determinou o arranjo dos 45 clones em 5 e 19 grupos, correspondentes aos níveis de similaridade 4.30 e 3.25, respectivamente.

Resultados da escolha do número ideal de grupos.

Na aplicação do teste sugerido por BUSSAB et alii (1990), baseado na redução relativa da variância dentro dos grupos, ao se passar de uma opção a outra dentre as alternativas de agrupamento, obtiveram-se os seguintes resultados, para a variável volume cilíndrico aos 3,5 e 6 anos de idade:

Soma de quadrados e produtos das matrizes de dispersão para 5 e 19 grupos:

$$WC(5) = \begin{bmatrix} 0.1199316 & 0.1649878 \\ 0.1649878 & 0.4258795 \end{bmatrix}$$

$$WC(19) = \begin{bmatrix} 0.0686768 & 0.1051007 \\ 0.1051007 & 0.2759640 \end{bmatrix}$$

Tabela 3. Valores da estatística R para ambas as alternativas de agrupamento. Valor crítico da tabela de F.

GRUPOS		F _(1%)
5	19	1 e 39g.l.
29.10644	21.18647	7,4

Analisando-se os resultados obtidos, observa-se que houve uma redução relativa na variância dentro dos grupos ao se passar de 5 para 19 grupos, porém insuficiente para superar em 10 vezes o valor crítico da tabela de F, como sugere Hartigan (1975). Em função dessa conclusão, optou-se pelo arranjo dos clones em 5 grupos como sendo o mais eficiente dentre as alternativas testadas.

É possível a utilização de um teste mais geral que o presente, usando todas as variáveis envolvidas no estudo, e não apenas duas como no presente caso. Para tal, se faria necessária a verificação de algumas premissas básicas, tais como a independência das variáveis e a distribuição normal dos dados com a mesma matriz de covariância, premissas essas incompatíveis com o presente estudo, onde o objetivo geral é uma análise exploratória dos dados sem qualquer consideração respeito da sua distribuição.

Segundo CRISCI et alii, (1983) o problema da significância estatística das técnicas numéricas é um assunto ainda por resolver, devido ao seu grande componente empírico. O fato destas técnicas estarem de certo modo excluídas das provas de significância, relaciona-se mais com a falta de uma teoria estatística da classificação e uma definição matemática mais efetiva do conceito de grupo.

Para contornar estes problemas, SNEATH & SOKAL, (1973) resolveram utilizar o conceito "Phenon". Este termo representa os diferentes grupos formados, acompanhados de um número que indica o nível de similaridade em que eles se formam. Assim, 80-"phenon" representa os grupos associados a 80% de similaridade segundo uma escala porcentual de parecença.

O termo "phenon" serve para representar os grupos obtidos por qualquer forma de análise de

agrupamentos ou qualquer forma de coeficiente de parecença. O seu valor numérico varia com o coeficiente, com o tipo de análise de agrupamentos e com a amostra de caracteres usada no estudo. Portanto, os valores são comparáveis apenas dentro dos limites da análise conduzida. Os grupos representados pelos "phenons" aproximam-se mais ou menos aos taxa naturais, embora não sejam sinónimos, isto porque são mais arbitrários e relativos que os taxa derivados de um esquema de nomenclatura lineana.

Porém, mesmo utilizando o conceito de "phenon", não há consenso geral a respeito da existência de uma classificação adequada, exceto para o Cladismo, para o qual a melhor classificação é aquela que melhor reflete as relações filogenéticas dos organismos através da sua história evolucionária. Para o Feneticismo, este critério não é apropriado, com o que deve-se adotar um outro que permita um arranjo das OTU's que mostre as relações naturais entre os clones. Neste sentido era de se esperar, no presente estudo, que o citado arranjo pudesse representar às diferentes procedências ensaiadas. Infelizmente, estas referências não foram tomadas ao se selecionarem as árvores matrizes para serem clonadas. Tal fato não impede que o arranjo obtido das OTU's possa ser testado em futuros testes de progênies envolvendo diferentes níveis altitudinais na zona de ocorrência. Para tal, optou-se por um critério prático na determinação do número de grupos, isto é, escolheram-se os "phenons" correspondentes aos maiores saltos nos níveis de similaridade do dendrograma e depois decidiu-se pela melhor escolha, como já foi mostrado, mediante a aplicação do teste proposto por BUSSAB et alii (1990), baseado no estudo da variável volume tomada aos 3 anos e meio, e aos 6 anos de idade.

Considerando-se, também, que a Silvicultura Intensiva Clonal é hoje de muita importância no Brasil, espera-se que a técnica de agrupamentos possa ser útil na futura classificação dos clones, visando racionalizar os testes clonais, até agora carentes de padronização.

Resultados da análise de variância multivariada.

A seguir se mostram os resultados da análise de variância multivariada que revelam o comportamento das variâncias entre os grupos formados, quando consideradas as variáveis associadas com a produtividade, ou seja, altura DAP e volume cilíndrico, aos 6 anos de idade:

Tabela 4. Estimativas de variâncias entre os 5 grupos formados, para as características DAP, altura e volume cilíndrico, aos 6 anos de idade.

Variáveis	F.V.	QM	F	Pr > F
DAP	Grupos	260.96	22.95	0.0001
Altura	Grupos	415.06	45.53	0.0001
Volume	grupos	1.36	10.22	0.0001

Tabela 5. Resultados da aplicação de 4 testes estatísticos na análise multivariada dos grupos formados para as variáveis altura, DAP e volume cilíndrico, aos 6 anos de idade.

TESTE	VALOR	F	Pr > F
WILKS' LAMBDA	0.831	21.37	0.0001
PILLAI's TRACE	0.175	20.85	0.0001
HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.194	21.72	0.0001
ROY's GREATEST ROOT	0.138	46.47	0.0001

Os resultados consignados nas tabelas precedentes, demonstram que existem diferenças altamente significativas entre os grupos formados, quando consideradas as variáveis DAP, altura e volume cilíndrico, tanto em forma separada, quanto conjuntamente. Porém, como estes resultados não revelam entre quais grupos se verificam estas diferenças, pode ocorrer que apenas exista a separação de um grupo só, e que os restantes fiquem englobados em um único grupo. Esta questão foi resolvida testando também a significância dos contrastes de todos os grupos entre si, para cada variável envolvida na análise, tomadas por separado e em conjunto. Os resultados destes contrastes estão relacionados nas tabelas a seguir:

Tabela 6. Estimativas de variância dos contrastes de todos os grupos entre si, para as características altura DAP e volume cilíndrico consideradas por separado.

CARÁCTER	CONTRASTE	QM	F	Pr > F
DIAMETRO	Grupo 1 Vs. Grupo 2	28.00	2.46	0.1168
	Grupo 1 Vs. Grupo 3	372.76	32.79	0.0001
	Grupo 1 Vs. Grupo 4	122.43	10.70	0.0011
	Grupo 1 Vs. Grupo 5	399.70	35.16	0.0001
	Grupo 2 Vs. Grupo 3	333.49	29.33	0.0001
	Grupo 2 Vs. Grupo 4	32.26	2.84	0.0923
	Grupo 2 Vs. Grupo 5	263.19	23.15	0.0001
	Grupo 3 Vs. Grupo 4	462.54	40.68	0.0001
	Grupo 3 Vs. Grupo 5	708.96	62.36	0.0001
	Grupo 4 Vs. Grupo 5	139.20	12.24	0.0005
ALTURA	Grupo 1 Vs. Grupo 2	82.43	9.04	0.0027
	Grupo 1 Vs. Grupo 3	213.72	23.45	0.0001
	Grupo 1 Vs. Grupo 4	300.80	33.00	0.0001
	Grupo 1 Vs. Grupo 5	934.28	102.49	0.0001
	Grupo 2 Vs. Grupo 3	9.03	0.99	0.3197
	Grupo 2 Vs. Grupo 4	417.11	45.76	0.0001
	Grupo 2 Vs. Grupo 5	1049.32	115.11	0.0001
	Grupo 3 Vs. Grupo 4	583.92	64.05	0.0001
	Grupo 3 Vs. Grupo 5	1213.80	133.15	0.0001
	Grupo 4 Vs. Grupo 5	317.34	34.81	0.0001

Contrastes (Cont.)

VOLUME	Grupo 1 Vs. Grupo 2	0.00	0.00	0.9975
	Grupo 1 Vs. Grupo 3	3.19	23.90	0.0001
	Grupo 1 Vs. Grupo 4	0.48	3.60	0.0580
	Grupo 1 Vs. Grupo 5	1.11	8.38	0.0039
	Grupo 2 Vs. Grupo 3	1.65	12.38	0.0004
	Grupo 2 Vs. Grupo 4	0.33	2.48	0.1158
	Grupo 2 Vs. Grupo 5	0.96	7.21	0.0073
	Grupo 3 Vs. Grupo 4	2.88	21.64	0.0001
	Grupo 3 Vs. Grupo 5	2.92	21.90	0.0001
	Grupo 4 Vs. Grupo 5	0.32	2.41	0.1200

Tabela 7. Resultados da aplicação de 4 testes estatísticos na análise de variância multivariada de cada contraste efetuado, com as variáveis altura, DAP, e volume cilíndrico, aos 6 anos de idade.

CONTRASTE	TESTE	VALOR	Pr > F
GRUPO 1 Vs. GRUPO 2	WILKS' LAMBDA	0.95	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.04	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.04	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.04	0.0001
GRUPO 1 Vs. GRUPO 3	WILKS' LAMBDA	0.97	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.02	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.02	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.02	0.0001
GRUPO 1 Vs. GRUPO 4	WILKS' LAMBDA	0.97	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.02	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.02	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.02	0.0001
GRUPO 1 Vs. GRUPO 5	WILKS' LAMBDA	0.92	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.07	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.08	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.08	0.0001
GRUPO 2 Vs. GRUPO 3	WILKS' LAMBDA	0.95	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.04	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.04	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.04	0.0001
GRUPO 2 Vs. GRUPO 4	WILKS' LAMBDA	0.95	0.0001
	PILLAI's TRACE	0.04	0.0001
	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.04	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.04	0.0001

Contrastes (Cont.)

GRUPO 2	WILKS' LAMBDA	0.92	0.0001
Vs.	PILLAI's TRACE	0.07	0.0001
GRUPO 5	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.08	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.08	0.0001
GRUPO 3	WILKS' LAMBDA	0.94	0.0001
Vs.	PILLAI's TRACE	0.05	0.0001
GRUPO 4	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.05	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.05	0.0001
GRUPO 3	WILKS' LAMBDA	0.90	0.0001
Vs.	PILLAI's TRACE	0.09	0.0001
GRUPO 5	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.10	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.10	0.0001
GRUPO 4	WILKS' LAMBDA	0.97	0.0001
Vs.	PILLAI's TRACE	0.02	0.0001
GRUPO 5	HOTELLING-LAWLEY TRACE	0.02	0.0001
	ROY's GREATEST ROOT	0.02	0.0001

As estimativas de variância dos contrastes de todos os grupos formados entre si, para as variáveis DAP altura e volume cilíndrico consignadas na tabela 6, mostram a existência de níveis variáveis de significância. De uma maneira geral, as variâncias dos contrastes efetuados denotam níveis altos de significância, exceto para alguns contrastes tais como: grupo 1 vs. grupo 2 para a variável volume cilíndrico; grupo 2 vs. grupo 3 para a variável altura; etc. Porém, quando considerados estes mesmos contrastes, desde o ponto de vista multivariado, segundo revelam os dados da tabela 7, a aplicação dos testes estatísticos mostram resultados altamente significativos; o que demonstra a consistência dos grupos formados em relação com as características altura DAP e volume cilíndrico.

4.2. Estimativa de parâmetros genéticos para os "phenons".

4.2.1. Estimativas de variâncias genéticas e não genéticas para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico.

As estimativas de variâncias genéticas e não genéticas, e do seus respectivos desvios padrões, foram calculadas a partir dos componentes de variância das análises de variância por grupo para altura, diâmetro e volume cilíndrico das árvores, através do delineamento inteiramente casualizado, nas diferentes idades.

Essas estimativas, às idades de 3.5 e 6 anos, estão expressadas nas tabelas a seguir:

Tabela 8. Estimativas de variâncias dentro de parcelas (σ_d^2), do erro entre parcelas (σ_e^2), entre clones (σ_g^2), e fenotípica a nível de plantas individuais (σ_F^2) para as características altura, diâmetro e volume cilíndrico nos "phenons" estabelecidos, aos 3.5 anos de idade.

PHENON	CARATER	σ_d^2	σ_e^2	σ_g^2	σ_F^2
(1) 2 clones	Diâmetro	2.583	2.234**	0.859**	5.676
	Altura	0.978	4.518**	0.882*	8.379
	Volume	0.003	0.005**	0.001 ^{n.s}	0.010
(2) 5 clones	Diâmetro	1.746	1.529**	4.928**	8.204
	Altura	0.573	1.761**	11.620**	13.954
	Volume	0.002	0.001**	0.013**	0.016
(3) 7 clones	Diâmetro	2.188	2.471**	2.092**	6.751
	Altura	0.913	5.716**	3.958**	10.588
	Volume	0.004	0.008**	0.006**	0.018

Estimativas (Cont.)

(4) 3 clones	Diâmetro	2.045	1.661**	-0.413 ^{n.s}	3.293
	Altura	0.678	4.425**	0.419 ^{n.s}	5.522
	Volume	0.002	0.004**	-0.0006 ^{ns}	0.005
(5) 1 clone	Diâmetro	2.064	0.194	---	2.258
	Altura	0.980	1.515	---	2.496
	Volume	0.001	0.0003	---	0.001

* = significativo a 5 % de probabilidades (teste de F).

** = significativo a 1 % de probabilidades.

n.s = não significativo.

Tabela 9. Estimativas de variâncias dentro de parcelas (σ_d^2), do erro entre parcelas (σ_e^2), entre clones (σ_g^2), e fenotípica a nível de plantas individuais (σ_F^2) para as características altura, diâmetro e volume cilíndrico nos "phenons" estabelecidos, aos 6 anos de idade.

GRUPO	CARATER	σ_d^2	σ_e^2	σ_g^2	σ_F^2
(1) 2 clones	Diâmetro	3.070	1.800**	0.750*	5.620
	Altura	1.640	3.670**	2.500**	7.810
	Volume	0.008	0.007**	0.003**	0.019
(2) 5 clones	Diâmetro	2.400	0.400**	5.700**	8.540
	Altura	1.070	1.210**	13.070**	15.350
	Volume	0.005	0.002**	0.025**	0.032
(3) 7 clones	Diâmetro	39.750	-0.580 ^{n.s.}	3.650*	42.800
	Altura	1.460	4.040**	11.160**	16.660
	Volume	0.749	-0.009 ^{n.s.}	0.018*	0.758
(4) 3 clones	Diâmetro	2.130	3.270**	-0.280 ^{n.s}	5.120
	Altura	1.230	4.650**	0.980 ^{n.s}	6.860
	Volume	0.003	0.008**	-0.0002 ^{ns}	0.011

Estimativas (Cont.)

(5)	Diâmetro	1.270	0.820**	----	2.090
1	Altura	0.710	0.003 ^{n.s.}	----	0.713
clone	Volume	0.001	0.006 ^{n.s.}	----	0.006

* = significativo a 5 % de probabilidades (teste de F)

** = significativo a 1 % de probabilidades.

n.s. = não significativo.

Tabela 10 Desvios padrões das estimativas de variância genética e não genética aos 3.5 anos de idade.

GRUPO	CARACTER	$s(\sigma_g^2)$	(%)	$s(\sigma_e^2)$	(%)	$s(\sigma_d^2)$	(%)
(1)	ALTURA	0.68	(77.6)	0.84	(18.6)	0.17	(18.2)
20	DIÂMETRO	0.46	(53.7)	0.45	(20.3)	0.47	(18.2)
clones	VOLUME	0.0008	(63.8)	0.001	(19.4)	0.0006	(17.4)
(2)	ALTURA	7.06	(60.7)	0.74	(42.1)	0.23	(40.8)
5	DIÂMETRO	3.18	(64.5)	0.69	(45.5)	0.71	(40.8)
clones	VOLUME	0.007	(60.3)	0.0006	(49.3)	0.0008	(40.0)
(3)	ALTURA	3.02	(76.4)	2.05	(35.8)	0.32	(35.3)
7	DIÂMETRO	1.52	(73.0)	0.95	(38.4)	0.77	(35.3)
clones	VOLUME	0.004	(73.2)	0.002	(37.4)	0.001	(35.7)
(4)	ALTURA	1.54	(369.)	2.24	(50.7)	0.33	(50.0)
3	DIÂMETRO	0.34	(83.2)	0.93	(56.1)	1.02	(49.9)
clones	VOLUME	0.0008	(148.)	0.002	(52.9)	0.0009	(50.0)
(5)	ALTURA	--	--	1.14	(75.2)	0.69	(70.6)
1	DIÂMETRO	--	--	0.28	(148.)	1.45	(70.7)
clone	VOLUME	--	--	0.0003	(100.)	0.0009	(75.3)

(%) : $s(\sigma_g^2)$ em porcentagem de σ_g^2

Tabela 11. Desvios padrões das estimativas de variância genética e não genética aos 6 anos de idade.

GRUPO	CARACTER	$s(\sigma_g^2)$	(%)	$s(\sigma_e^2)$	(%)	$s(\sigma_d^2)$	(%)
(1) 20 clones	ALTURA	1.00	(40.0)	0.99	(26.9)	0.29	(18.0)
	DIÂMETRO	0.39	(52.9)	0.38	(21.3)	0.56	(18.2)
	VOLUME	0.001	(51.5)	0.001	(20.4)	0.001	(17.8)
(2) 5 clones	ALTURA	7.8	(59.7)	0.54	(44.6)	0.43	(40.8)
	DIÂMETRO	3.4	(59.6)	0.26	(66.5)	0.99	(40.8)
	VOLUME	0.01	(59.2)	0.0009	(51.6)	0.002	(40.8)
(3) 7 clones	ALTURA	6.29	(56.4)	2.19	(54.4)	0.52	(35.6)
	DIÂMETRO	2.41	(66.5)	1.26	(217.)	14.	(35.3)
	VOLUME	0.02	(120.)	0.02	(272.)	0.26	(35.0)
(4) 3 clones	ALTURA	1.98	(202.)	2.38	(51.3)	0.61	(50.0)
	DIÂMETRO	0.85	(304.)	1.74	(53.3)	1.06	(50.0)
	VOLUME	0.002	(1179)	0.004	(52.0)	0.001	(42.8)
(5) 1 clone	ALTURA	--	--	0.05	(18.7)	0.5	(70.7)
	DIÂMETRO	--	--	0.67	(82.0)	0.89	(70.7)
	VOLUME	--	--	0.0004	(8.1)	0.0006	(70.0)

(%) : $s(\sigma_g^2)$ em porcentagem de σ_g^2 .

As estimativas de variância genética entre clones nos diferentes grupos e idades estudadas, mostram em geral valores altamente significativos quando aplicado o teste de F, indicando que há diferença entre os clones testados em cada grupo. Isto, em princípio, indicaria a presença de variabilidade suficiente, passível de ser explorada mediante seleção dentro dos grupos. Neste sentido, destacam-se em particular os valores das estimativas de variância entre clones do grupo 2 para ambas as idades, e para todas as características estudadas, que sugerem boas perspectivas de ganho na seleção entre clones.

Em contraste com este grupo, destaca-se o grupo 4 cujas estimativas desta variância para todas as características estudadas mostram valores muito baixos, não significativos no teste de F, e até negativas em ambas as idades consideradas, indicando a presença de pouca variabilidade entre os clones do grupo.

A precisão obtida para as estimativas de variância genética entre clones para ambas as idades, revelado pelos respectivos desvios padrões, foi pouco satisfatória no geral; indicando que os resultados esperados na seleção, mediante a utilização destes parâmetros, deverão ser interpretados com cautela. A amostragem restrita das populações estudadas, certamente tem contribuído significativamente nas magnitudes dos desvios padrões. Não se descarta também, o efeito negativo decorrente do uso de um delineamento experimental inadequado no ensaio, que não resolveu as variações marcantes existentes entre repetições de um mesmo tratamento, como revelado pelos desvios padrões das estimativas das variâncias.

A tendência geral de acréscimo das estimativas de variância genética entre clones (σ_g^2) com a idade, observada nas tabelas 8 e 9, apenas mostra a influência da escala na estimativa destas variâncias, consequência do crescimento em diâmetro, altura e volume dos clones com a idade.

As tabelas 8 e 9 mostram valores significativos das estimativas de variância do erro entre parcelas (σ_e^2) para as características estudadas nos grupos considerados, o que reforça o discutido a respeito do comportamento da estimativa de variância genética. Porém, as estimativas deste parâmetro estão sujeitas a erros consideráveis, segundo denotam os dados das tabelas 10 e 11; que sugerem escasso número de repetições por tratamento, e pouca precisão experimental no delineamento

utilizado. Um maior número de repetições por tratamento deve diminuir este efeito, melhorando a estimativa dos parâmetros genéticos.

Os resultados das estimativas de variância dentro (σ_d^2), mostram valores superiores para a característica diâmetro em todos os grupos e idades, e de um modo geral estes valores são maiores aos 6 anos de idade. Isto reflete a perda de homogeneidade dos clones nas parcelas, talvez por efeito da competição entre eles ou como já foi exposto, a manifestação tardia dos efeitos da clonagem ou dos clones no comportamento das estacas. Os desvios padrões das estimativas deste parâmetro, apresentados nas tabelas 10 e 11, também mostram valores elevados. Este fato relativiza sua validade, sugerindo a necessidade de um delineamento experimental de maior precisão.

Em relação às estimativas de variância fenotípica (σ_F^2), dos valores reportados percebe-se que as variâncias do erro entre e dentro de parcelas foram as responsáveis pela maior parte das variâncias fenotípicas em todos os grupos, exceto no grupo 2 para 3,5 e 6 anos de idade, indicando uma maior participação da variância genética nesse grupo para todas as características estudadas.

As estimativas de coeficientes de variação genética entre clones, de variação entre parcelas, e fenotípicas a nível individual para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico, aos 3,5 e 6 anos de idade, estão relacionadas nas tabelas 12 e 13 a seguir:

Tabela 12. Coeficientes de variação genética entre clones (CVcl), de variação entre parcelas (CVe), de variação dentro de parcelas (CVd), e fenotípicos a nível individual (CV_F) para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico, aos 3,5 anos de idade.

GRUPO	Parâmetro (%)	Característica		
		Diâmetro	Altura	Volume
1	CVcl	7.50	6.02	18.72
	CVe	12.09	13.76	36.30
	CVd	13.00	1.79	30.01
	CV _F	19.29	15.12	47.95
2	CVcl	18.50	20.99	53.90
	CVe	10.29	8.17	17.39
	CVd	11.01	4.65	21.82
	CV _F	23.86	22.99	60.77
3	CVcl	10.42	11.46	28.83
	CVe	11.33	13.78	31.46
	CVd	10.66	5.51	22.42
	CV _F	18.73	18.75	48.44
4	CVcl	-5.55	4.39	-15.81
	CVe	11.12	14.30	38.50
	CVd	12.35	5.59	27.02
	CV _F	15.67	15.96	45.37
5	CVcl	---	---	---
	CVe	4.40	10.53	18.36
	CVd	14.39	8.47	37.12
	CV _F	15.05	13.52	41.40

Tabela 13. Coeficientes de variação genética entre clones (CVcl), de variação entre parcelas (CVe), de variação dentro de parcelas (CVd), e fenotípicos a nível individual (CV_F) para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico, aos 6 anos de idade.

GRUPO	Parâmetro (%)	Característica		
		Diâmetro	Altura	Volume
1	CVcl	6.37	7.90	18.42
	CVe	9.87	9.57	28.00
	CVd	12.89	6.40	29.20
	CV _F	17.44	13.97	44.46
2	CVcl	18.19	17.37	50.80
	CVe	4.82	5.28	14.10
	CVd	11.81	4.97	23.61
	CV _F	22.22	18.82	57.77
3	CVcl	12.64	15.81	30.02
	CVe	5.05	9.51	21.24
	CVd	41.83	5.72	192.00
	CV _F	43.40	19.30	193.00
4	CVcl	4.27	5.47	6.87
	CVe	14.62	11.92	38.80
	CVd	11.80	6.13	25.80
	CV _F	18.20	14.40	46.40
5	CVcl	---	---	---
	CVe	9.16	0.38	67.50
	CVd	11.40	5.88	26.50
	CV _F	14.60	5.89	72.40

A observação dos coeficientes de variação apresentados nas tabelas 12 e 13 evidencia melhor as diferentes tendências das variâncias nos grupos e idades estudadas. Segundo KAGEYAMA (1983), os parâmetros genéticos, em termos percentuais, podem ser comparados, permitindo a sua análise em termos de variação com a idade.

De um modo geral, a característica diâmetro apresentou os menores valores de coeficiente de variação genética seguida da altura, exceto no grupo 2, onde observa-se uma ligeira superioridade do coeficiente de variação genética do caráter altura. O volume cilíndrico apresenta os maiores valores deste coeficiente por ser uma característica composta.

Estas relações, no geral, tendem a se manter com a idade, o que é muito importante em se tratando de avaliar qualquer material genético visando a uma seleção precoce.

A comparação entre idades nos diferentes grupos, para a característica diâmetro mostra uma tendência de decréscimo. Estes resultados concordam com os obtidos por KIKUTI (1988), que verificou decréscimos do coeficiente de variação genética com a idade para *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. Porém, a altura mostrou uma tendência geral de acréscimo com a idade. Em outras palavras, os valores do coeficiente de variação genética entre clones, nas idades consideradas, mostram que a contribuição genética na expressão fenotípica varia em função da característica estudada, sendo a altura a que apresenta os maiores valores.

O coeficiente de variação genética tem grande importância nas perspectivas de ganho por seleção pela sua relação diretamente proporcional com a herdabilidade. Neste sentido destaca-se o grupo 2 como sendo o mais propício, segundo os dados, para se efetuar seleção com boas perspectivas de ganho genético. Os grupos restantes mostram valores muito baixos deste coeficiente, o que refletirá na estimativa de ganho genético através da expressão de coeficientes de herdabilidade muito baixos e até negativos. Porém, os resultados esperados na seleção deverão ser interpretados com cautela, devido ao fato de que os objetivos do Banco Clonal instalado no delineamento

inteiramente casualizado, não eram basicamente a estimativa dos parâmetros genéticos. Assim mesmo, como é uma prática comum nas empresas ou entidades florestais, os testes clonais muitas vezes são conduzidos na forma de arboretos, bancos ou jardins clonais, justificando-se pois a tentativa de utilizá-los na análise exploratória dos parâmetros genéticos. Dos dados das tabelas 12 e 13, respeito do coeficiente de variação entre parcelas (σ_e^2), percebe-se que este coeficiente em geral diminui com a idade, o que refletirá na estimativa do coeficiente de variação fenotípica (σ_F^2) e, consequentemente, na estimativa de herdabilidade (h^2) de uma maneira inversamente proporcional. Os valores deste coeficiente nos diferentes grupos e características estudadas, estão mostrando grandes variações nas repetições dos tratamentos. Isto refletirá na precisão do ensaio e na estimativa das variâncias.

O coeficiente de variação dentro das parcelas (σ_d^2) para o caráter diâmetro sempre é superior que o da altura, se mantendo esta relação com a idade. Não observa-se qualquer tendência única nos grupos em relação a este coeficiente com a idade, para todas as características estudadas. Neste sentido, só a altura mostra um acréscimo deste coeficiente com a idade em todos os grupos, mostrando a desuniformidade dos clones em relação a esta característica. Já o diâmetro e o volume cilíndrico apresentam valores quase estáveis com a idade, exceto o grupo 3 que apresenta fortes acréscimos desta características.

O coeficiente de variação fenotípica resultante das variâncias entre e dentro de clones, está representado nas tabelas 12 e 13 para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico.

Observa-se que o citado coeficiente apresenta uma tendência geral de diminuição com a idade

nos grupos para todas as características estudadas, especialmente a altura. Só o grupo 3 não obedece esta tendência nas características diâmetro e volume cilíndrico que mostram um aumento considerável devido ao significativo aumento do coeficiente de variação dentro.

A análise dos coeficientes até agora apresentada revela que a execução, a condução e a interpretação dos testes clonais devem ser melhor entendidas. Além dos aspectos estatísticos em relação ao teste, deve-se destacar os efeitos do clone e da clonagem e, ainda, os efeitos da competição intraclonal pouco estudados. É possível que o agrupamento dos clones pela taxonomia numérica possa dar algumas indicações em relação à evolução dentro de cada grupo e suas implicações genético-fisiológicas no comportamento da estaca. Abre-se, portanto, um possível campo de especulação dentro do gênero *Eucalyptus*, tão complexo na sua situação taxonômica.

Outro fato importante refere-se à espécie *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake, descrita botanicamente em 1983. Aparentemente ela seria uma espécie recém introduzida no Brasil, mas tal afirmativa não está certa, pois ela é intensivamente utilizada como *Eucalyptus alba* Reinw desde 1919. A espécie é considerada hoje altamente potencial para as zonas tropicais úmidas e semi-úmidas do mundo inteiro. A procedência Flores é a mais importante, e o "*Eucalyptus urophylla* var *platyphylla*" dentro das variações naturais da população Flores é, sem dúvida, altamente potencial para a reprodução sexual e clonal.

4.2.2. Estimativas de coeficientes de herdabilidade (h_i^2) para altura DAP e volume cilíndrico nas diferentes idades

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, obtidas ao nível de

plantas, e seus respectivos desvios padrões para as características avaliadas, estão apresentadas nas tabelas 14 e 15 para 3.5 e 6 anos respectivamente.

Tabela 14 Coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (h_i^2) para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico, aos 3.5 anos de idade nos grupos estabelecidos

GRUPO	CARACTERÍSTICAS					
	Diâmetro		Altura		Volume cil.	
	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)
1	.15	.07 (73.3)	.15	.10 (73.3)	.15	.35 (230.)
2	.60	.16 (27.8)	.83	.09 (11.6)	.78	.10 (13.6)
3	.30	.19 (64.0)	.37	.20 (55.6)	.35	.19 (55.1)
4	-.12	.13 (102.)	.07	.27 (378.)	-.12	.18 (154.)
5	---	---	---	---	---	---

(%) : $s(h_i^2)$ em porcentagem de h_i^2

Tabela 15 Coeficientes de herdabilidade individual (h_i^2) para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico aos 6 anos de idade nos grupos estabelecidos

GRUPO	CARACTERÍSTICAS					
	Diâmetro		Altura		Volume cil.	
	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)	h_i^2	$s(h_i^2)$ (%)
1	.13	.06 (49.8)	.32	.09 (30.6)	.17	.07 (44.9)
2	.67	.13 (20.4)	.85	.08 (9.60)	.77	.10 (13.7)
3	.08	.05 (65.7)	.67	.14 (212.)	.02	.02 (117.)
4	.05	.18 (360.)	.14	.02 (195.)	-.02	.21 (949.)
5	---	---	---	---	---	---

(%) : $s(h_i^2)$ em porcentagem de h_i^2

Os valores deste coeficiente variam com a idade e características avaliadas, mostrando que a herdabilidade não é uma magnitude fixa e depende da população e do local de ensaio, conforme relatado por VENCovsky (1987).

A herdabilidade para o caráter altura apresenta uma tendência de aumento com a idade, para os diferentes grupos. Esta tendência é coerente com o que foi constatado por KIKUTI (1987), em *Eucalyptus grandis*, porém, não concorda com o revelado pelas pesquisas feitas sobre a mesma espécie por KAGEYAMA (1983), que verificou diminuições das estimativas de herdabilidade com a idade. Na realidade, normalmente esperam-se estes resultados, devido à variância fenotípica (σ_F^2) diminuir com o tempo, pelo efeito do aumento da competição entre as plantas (VENCovsky, 1987).

O aumento da herdabilidade para o caráter altura com a idade, poderia ser explicado pelo aumento da variância entre clones (σ_g^2) em relação à variância fenotípica (σ_F^2), ou a manifestações tardias do efeito dos clones ou da clonagem.

Para as características diâmetro e volume cilíndrico, os valores do coeficiente de herdabilidade mostram um ligeiro decréscimo com a idade como era esperado.

Como já foi discutido, o delineamento experimental e o número de repetições dos tratamentos utilizados, influenciaram na precisão do ensaio e na estimativa dos parâmetros genéticos. Em se tratando das estimativas dos coeficientes de herdabilidade, as magnitudes dos valores dos desvios padrões encontrados mostram pouca consistência para estas estimativas, exceto para o grupo 2 onde se revelaram precisões razoáveis em ambas as idades. Por outro lado, as estimativas do coeficiente de variação experimental relacionados nas

tabelas 16 e 17 permitem a avaliação da precisão do ensaio.

Tabela 16. Coeficientes de variação experimental das características diâmetro, altura e volume cilíndrico nos grupos estabelecidos aos 3,5 anos de idade.

	G r u p o s				
	1	2	3	4	5
Diâmetro	40.41	34.37	37.39	37.29	20.05
Altura	43.56	26.26	43.92	45.53	34.38
Volume	119.00	60.43	102.40	125.50	69.21

Tabela 17. Coeficientes de variação experimental das características diâmetro, altura e volume cilíndrico nos grupos estabelecidos aos 6 anos de idade.

	G r u p o s				
	1	2	3	4	5
Diâmetro	33.78	19.39	38.61	47.77	31.24
Altura	30.94	17.47	30.65	38.21	0.06
Volume	93.69	160.00	181.70	125.50	72.60

No presente estudo, como mostram as tabelas 16 e 17, os coeficientes na maioria dos casos são altos quando comparados com os valores encontrados na literatura para experimentos semelhantes. Isto revela a pouca precisão do experimento, devido fundamentalmente ao uso de um delineamento experimental inadequado. A este respeito destaca-se que para o grupo 2, em geral, estão associados valores mais baixos dos coeficientes de variação experimental, aumentando deste modo a validade das

possíveis conclusões a serem efetuadas em relação ao grupo.

Segundo relata VENCovsky (1987), a estimativa do coeficiente de herdabilidade é função do número de progênies, do número de repetições das progênies e do número de árvores por parcela; deste modo, as variações nas estimativas deste parâmetro estão sujeitas às condições de amostragem e ao tamanho da população em estudo. No presente estudo, a julgar pelos valores elevados dos desvios padrões das estimativas deste coeficiente, o número de repetições nos tratamentos foi baixo, como já foi anteriormente discutido, refletindo negativamente na precisão das estimativas de herdabilidade.

Segundo destaca FONSECA (1979), sendo o coeficiente de herdabilidade um dos parâmetros genéticos mais importantes dentro de um programa de melhoramento genético, a instalação dos ensaios deverá ser feita de maneira tal que seja possível estimá-lo da forma mais real e precisa possível. Em função dos esclarecimentos anteriores, devido a que no presente estudo o experimento se encontra instalado em um só local, é possível que a variância genética estimada esteja inflacionada pela interação genótipo x ambiente, influenciando no cálculo da h^2 . Ainda segundo FONSECA (1979), este fato não traz grandes implicações se o material for utilizado em condições semelhantes a do ensaio. Porém, para outras condições, as informações obtidas não podem ser extrapoladas uma vez que os efeitos das interações não são transmissíveis aos descendentes, e por conseguinte, não capitalizados no progresso esperado.

No presente estudo, os grupos em geral apresentam valores baixos de herdabilidade. Sem entrar em detalhes sobre a validade ou não destes coeficientes, deve-se ressaltar que se a população de *Eucalyptus*

urophylla da Ilha Flores for submetida a uma seleção com baixa intensidade, é possível a formação de grupos taxonômicos numéricos com parâmetros genéticos bem diferenciados.

No presente trabalho o grupo 2 tem muito boas perspectivas para a seleção clonal. O grupo 1, apesar de ser o de maior frequência na população, merece ser melhor estudado visando ampliar a sua variabilidade genética. O grupo 3 apresenta problemas em relação aos efeitos dos clones e da clonagem, devendo-se ampliar os estudos para melhor entendê-los. Os grupos 4 e 5 contém um número reduzido de clones, impedindo que as conclusões sejam mais efetivas. Inclusive o grupo 4 mostra valores até negativos de herdabilidade. Costuma-se considerar os valores de herdabilidade negativos como zero, e mesmo sendo anormais, podem fazer sentido quando comparados globalmente dentro do ensaio conforme cita TORGGLER (1987).

Da obsevação dos valores do coeficiente de herdabilidade nos diferentes grupos, destaca-se apenas o grupo 2 como tendo boas perspectivas para a seleção. Os valores de h^2 deste grupo sobressaem sempre sobre os outros em ambas as idades e em todas as características estudadas. O caráter altura mostra os maiores valores, o que é coerente com os resultados achados por outros pesquisadores em essências florestais. Neste sentido, KAGEYAMA (1980), também obteve os maiores valores de h^2 para esta característica.

4.2.3. Estimativa de ganho genético com seleção entre clones, dentro dos grupos estabelecidos.

As estimativas de ganhos genéticos com seleção entre clones nos grupos formados, estão

relacionadas nas tabelas 18 e 19 conforme as idades estudadas.

Tabela 18. Estimativas de ganho genético (Gs%) nos grupos estabelecidos, para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico, aos 3,5 anos de idade.

GRUPO	CARACTERÍSTICA		
	Diâmetro	altura	vol.cl.
1	7.21	4.94	16.3
2	23.69	27.69	72.9
3	11.82	12.74	32.2
4	10.53	2.78	1.8

Tabela 19. Estimativa de ganhos genéticos (Gs%) nos grupos estabelecidos, para as características diâmetro, altura e volume cilíndrico aos 6 anos de idade.

GRUPO	CARACTERÍSTICA		
	Diâmetro	altura	vol.cil.
1	6.18	8.50	18.11
2	24.15	20.09	67.96
3	14.13	20.16	25.74
4	3.23	4.59	2.58

O ganho genético com a seleção entre clones, representa o ganho a ser obtido quando os melhores clones forem novamente propagados vegetativamente. Deve-se lembrar que não existe seleção dentro dos clones uma vez

que são árvores geneticamente iguais.

Os dados relacionados nas tabelas citadas respeito do ganho genético, mostram-se perfeitamente coerentes com o discutido antes em relação ao coeficiente de herdabilidade nos respectivos grupos:

O grupo 2 sobressai dos restantes, proporcionando os maiores ganhos para todas as características e idades. Nele os maiores ganhos foram verificados para volume cilíndrico, seguido pela altura e o diâmetro

Ainda em relação ao grupo 2, é interessante destacar que os clones nele contidos, mesmo sendo em número reduzido (5), apresentam maior variabilidade que o grupo 1 que contém 29 clones.

O grupo 3 é a seguir mais importante quando são considerados os valores dos ganhos genéticos. Os grupos 1 e 4 na sequência de importância, distanciam-se bastante dos anteriores.

De uma maneira geral, os ganhos são bastante significativos ao serem comparados com os obtidos por KIKUTI (1988) com clones de *Eucalyptus grandis*. Porém, como já foi discutido anteriormente, estes resultados devem ser tomados com reservas pois estão inflacionados pelas prováveis interações com local e ano, que certamente existem, mas não contempladas no delineamento experimental utilizado.

A intensidade de seleção para a estimativa dos ganhos foi de 20% para todas as características, para que os dados possam ser comparáveis com os resultados de outras pesquisas. Teoricamente, a utilização de uma intensidade maior proporcionaria um ganho maior. No entanto, seria desaconselhável devido aos riscos de infestação por pragas e doenças por tratar-se de poucos clones.

5. CONCLUSÕES

Os resultados apresentados e discutidos no presente estudo, permitem estabelecer as seguintes conclusões:

- O estudo numérico das variações fenotípicas da população de clones de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake da Ilha Flores, revelou a existência de 5 grupos, compostos pelos clones etiquetados segundo a relação seguinte:

Grupo 1: 1; 17; 28; 15; 25; 26; 8; 53; 39; 22; 3; 10;
16; 45; 6; 20; 7; 19; 38; 4; 54; 21; 41; 5; 51;
13; 48; 27; 46.

Grupo 2: 12; 35; 40; 18; 33.

Grupo 3: 11; 32; 55; 29; 50; 49; 36.

Grupo 4: 23; 43; 34.

Grupo 5: 2.

- O dendrograma mostrou pouca capacidade para reproduzir a matriz de parença. Tal fato é atribuído à natureza dispersa dos dados, e ao uso de caracteres aos quais atribuiu-se o mesmo peso.

- Muito embora o Feneticismo recomende não atribuir, a priori, peso aos caracteres, um maior conhecimento da importância relativa da importância dos caracteres usados deve revelar melhor a estrutura taxonômica da população de clones.

- Dentre os métodos hierárquicos, o Método das Médias das Distâncias mostrou-se mais eficiente para a obtenção da estrutura taxonômica dos clones.

- Os grupos diferenciam-se a níveis de similaridade muito baixos, consequência da natureza muito semelhante do material.

- Não dispor da relação de procedências dos clones, e portanto do conhecimento das características do local de origem, prejudicou a formulação das inferências mais importantes. Os grupos poderiam estar refletindo aspectos associados às procedências, como por exemplo, características relacionadas com a altitude de ocorrência

- O conhecimento das referências do local de origem dos clones, teria permitido o estudo de correlações (canônicas) entre as características morfológicas deles e as características do local (altitude, latitude, etc.), que poderiam revelar agrupamentos naturais dos clones, e ao mesmo tempo testar os agrupamentos efetuados através de análise de agrupamentos.

- O estudo dos parâmetros genéticos nos respectivos grupos revelou que a variabilidade genética não é função do número de clones contidos neles.

- O grupo 2, mesmo tendo um número reduzido de clones (5) apresenta a maior variabilidade genética.

- Os coeficientes de herdabilidade (h^2) mostraram diferentes padrões de variação com a idade para cada característica estudada: aumenta para o caráter altura, e diminui para o diâmetro e volume cilíndrico.

- O grupo 2 mostrou a melhor resposta em termos de ganhos genéticos para diâmetro, altura e volume cilíndrico. O grupo 3 segue ao 2 na sequência.

- A pouca precisão do teste, revelada pelas estimativas do coeficiente de variação experimental, mostra a necessidade do uso de delineamentos experimentais que controlem melhor as fontes de variação (interação genótipo x ambiente por ex.), evitando deste modo o inflacionamento das estimativas das variâncias. - O grupo 4 apresenta pouca variabilidade entre os clones envolvidos.

- O comportamento diferenciado dos grupos em relação aos parâmetros genéticos, reforçam os resultados obtidos através de análise de agrupamentos e propiciam um ordenamento possível de ser utilizada em futuros testes clonais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BUSSAB, W.O.; ANDRADE, D.F.; WYAZAKY, E.S. Introdução à análise de agrupamentos. s.l. Associação Brasileira de Estatística, 1990. 105p.
- CORBASSON, M. & COSSALTER, C. Essais de provenances D'*Eucalyptus urophylla* S.T. Blake réalisées à partir des provenances récoltées par le Centre Technique Forestier Tropical. *Silvicultura*, S.P. 1983.
- CRISCI, J.V. & LÓPEZ ARMENGOL, M.F. Introducción a la teoría y práctica de la Taxonomía Numérica. OEA. Washington, D.C. 1983. Monografía n°26. 120p.
- ELDRIDGE, K.G. Genetic improvement of *Eucalyptus*. In: THIRD WORLD CONSULTATION ON TREE BREEDING. vol. 2, Canberra, 1977. p.545-559.
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1981. 279p.
- FERREIRA, M. Uma revolução: O melhoramento genético florestal - Métodos sexuais ou assexuais? *Silvicultura*. SÃO PAULO, 2(17):35-39, 1980.
- FONSECA, S.M. Variações Fenotípicas e Genéticas em *Bracatinga Mimosa scabrella* Benth. Piracicaba, 1982. 86p. (Mestrado, E.S.A.L.Q. /USP).

- GOLFARI, L. & CASER, R.L. Zoneamento ecológico da região Nordeste para experimentação florestal. Belo Horizonte, PRODEPEF. 66p. (Série técnica, 11). 1977.
- HEYWOOD, V.H. The current scene in plant taxonomy. In: *Current concepts in plant taxonomy. Proceeding.* Ed. Heywood & Moore. New York, Academic Press. 1984. 432p.
- KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. Piracicaba, 1980 a. 125p. (Doutorado, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- KIKUTI, P. Parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos e clonais numa população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na região de Telêmaco Borba-PR. Piracicaba 1988 (Mestrado-ESALQ/USP).
- MARTIN, B. & COSSALTER, C. Les *Eucalyptus* des Iles de la Sonde. *Bois et Forêts des Tropiques*. Nogent-sur-Marne (163): 3-25, set./out. (164): 3-14, nov./dec. 1975-1976.
- METTLER, L.E. & GREGG, T.G. Genética de populações e evolução. Editora da USP. 1973. 262p.
- Mc NEIL, J. Taximetrics To-Day. In: *Currents concepts in plant taxonomy. Proceedings.* Ed. Heywood and Moore. New York. The Systematics Association. vol. 25 1984.
- NAMKOONG, G. Imbreeding, hybridization and conservation in provenances of tropical trees. In: JOINT MEETING OF IUFRO WORKING PARTIES OF PROVENANCE AND GENETIC IMPROVEMENT STRATEGIES IN TROPICAL FOREST TREES. Mutare, 1984. 7p. (Separata).

- PINTO, JR. Variabilidade genética em progênies de uma população de *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake da Ilha de Flores - Indonésia. Piracicaba, 1984. 166p. (Mestrado, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ROHLF, F.J. *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. version 1.40.* New York. 1988.
- ROMESBURG, H.C. *Cluster analysis for researches.* Belmont, Lifetime Learning, 1984. 341p.
- SNEATH, P.H.A. & SOKAL, R.R. *Numerical Taxonomy.* Freeman & Co. San Francisco. 1973. 573p.
- STEINER, K.C. Patterns of variation in bud-burst timing among populations in several *Pinus* species. *Silvae Genetica*, 28(5/6):185-194. 1979.
- TODA, R. Mass selection and heritability studies in forest tree breeding. In: FAO - PROCEEDING OF THE WORLD CONSULTATION OF FOREST GENETICS AND TREE IMPROVEMENT. Stockholm. v.1, section 2 a /2. 11p.1973
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (coord.). *Melhoramento de milho no Brasil.* Piracicaba Fundação Cargill. 1978 p.122-199.
- VENCOVSKY, R. e BARRIGA, P. *Genética biométrica no Fitomelhoramento.* Ribeirão Preto. 1992. 498p.
- VIEIRA, F.S. e BUCSAN, B. Ocorrências naturais de *Eucalyptus urophylla* na Indonésia. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 3., Manaus. Anais. S.P. Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1979.

APENDICE

VARIAVEIS QUALITATIVAS NOMINAIS: Valores codificados.

Clone	Bifurc. Base	Bifurc. Topo	Forma da Arvore	Forma Fruto	Tipo Disco	Tipoo Valvas
1	0 0 1 0	0 0 1 0	0 0 0 1 0 0	1 0 0	1	1 0 0
2	1 0 0 0	1 0 0 0	0 1 0 0 0 0	0 1 0	1	1 0 0
3	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 1 0	1	0 1 0
4	0 0 1 0	0 0 1 0	0 0 1 0 0 0	1 0 0	1	0 1 0
5	0 0 1 0	0 0 1 0	0 0 0 0 1 0	0 0 1	1	0 1 0
6	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 0 1	0	0 0 1
7	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 0 0 1	0 1 0	0	0 0 1
8	0 0 0 1	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	0 0 1	1	0 1 0
10	0 0 1 0	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	0 1 0	0	0 1 0
11	1 0 0 0	0 0 1 0	1 0 0 0 0 0	0 1 0	1	0 1 0
12	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 0 1 0	0 0 1	0	0 0 1
13	0 0 1 0	0 0 1 0	1 0 0 0 0 0	0 0 1	1	0 1 0
15	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	1 0 0	1	1 0 0
16	0 1 0 0	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	0 0 1	0	0 1 0
17	1 0 0 0	0 1 0 0	0 1 0 0 0 0	0 1 0	1	1 0 0
18	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 0 1 0	1 0 0	1	1 0 0
19	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 1 0	0	0 0 1
20	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 0 0 1	1 0 0	0	0 0 1
21	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 1 0	1	1 0 0
22	1 0 0 0	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	0 0 1	1	0 1 0
23	0 0 0 1	1 0 0 0	0 1 0 0 0 0	1 0 0	1	1 0 0
25	0 0 1 0	0 0 1 0	1 0 0 0 0 0	0 0 1	1	1 0 0
26	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	1 0 0	1	0 1 0
27	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 0 0 1	0 0 1	1	0 1 0
28	0 0 0 1	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	1 0 0	1	1 0 0
29	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 1 0	0	0 0 1
32	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 0 1 0	0 1 0	1	0 1 0
33	0 0 1 0	1 0 0 0	0 0 0 0 0 0	0 0 1	1	1 0 0
34	0 0 1 0	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	1 0 0	0	0 0 1
35	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 0 0 0	0 0 1	0	0 0 1
36	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 1 0 0 0	1 0 0	1	0 1 0
38	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 0 1 0	0 0 1	0	0 0 1
39	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 0 0	0 0 1	1	0 1 0
40	1 0 0 0	0 1 0 0	0 1 0 0 0 0	0 1 0	1	0 1 0
41	0 0 0 1	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	1 0 0	1	0 1 0
43	0 0 1 0	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	0 0 1	0	0 0 1
45	0 1 0 0	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	0 1 0	1	0 1 0
46	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 0 0	0 1 0	0	0 0 1
48	0 0 0 1	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	1 0 0	0	0 1 0
49	0 0 1 0	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 0 1	0	0 1 0
50	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 0 1 0 0	0 1 0	1	0 0 1
51	0 0 1 0	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	1 0 0	0	0 0 1
53	0 0 0 1	0 0 0 1	0 1 0 0 0 0	0 0 1	0	0 1 0
54	0 0 0 1	0 0 0 1	1 0 0 0 0 0	1 0 0	1	0 1 0
55	0 0 0 1	0 0 0 1	0 0 1 0 0 0	1 0 0	1	0 1 0

VARIAVEIS QUANTITATIVAS : valores medios por clone

Clone No.	Volume (m3)	C/L Folh.	Compr. Peciolo	Diam. Fruto	Comp. Pedicel	Comp. Fruto	Sob. %
1	0.2372	5.00	2.80	0.60	0.93	0.75	88
2	0.1183	5.59	2.00	0.75	0.82	0.85	79
3	0.1714	4.31	2.40	0.85	0.30	0.80	82
4	0.2256	4.18	2.80	0.80	0.20	0.65	85
5	0.2117	6.83	2.10	0.67	0.55	0.65	83
6	0.1876	4.79	2.30	0.88	0.50	0.72	91
7	0.2279	5.74	2.00	0.83	0.25	0.68	84
8	0.2114	3.38	2.20	0.66	0.80	0.72	94
10	0.1714	4.13	2.70	0.85	0.22	0.72	90
11	0.1559	4.14	2.60	0.95	0.55	0.92	87
12	0.2751	3.61	1.90	0.92	0.30	0.85	90
13	0.2417	4.40	2.80	0.80	0.48	0.73	85
15	0.2222	4.66	2.40	0.62	0.47	0.70	90
16	0.2683	5.93	2.20	0.80	0.52	0.77	84
17	0.1602	3.99	2.20	0.72	0.70	0.80	89
18	0.2959	5.11	1.80	0.60	0.20	0.80	94
19	0.1285	3.70	2.30	0.83	0.50	0.65	85
20	0.1766	5.23	2.20	0.90	0.56	0.72	92
21	0.2205	3.55	2.20	0.77	0.45	0.80	87
22	0.1680	5.68	2.30	0.90	0.60	0.92	90
23	0.1242	4.36	2.60	0.63	0.78	0.97	78
25	0.1693	4.15	2.90	0.70	0.50	0.70	91
26	0.2775	4.04	2.60	0.80	0.37	0.67	95
27	0.2154	4.48	2.20	0.85	0.45	0.65	78
28	0.2809	4.27	2.20	0.70	0.77	0.82	88
29	0.2764	4.16	2.10	1.07	0.60	0.90	82
32	0.3229	4.06	2.60	0.80	0.30	0.84	88
33	0.1383	4.07	1.90	0.70	0.45	0.65	85
34	0.1760	3.47	2.00	0.87	0.20	0.75	74
35	0.1517	3.77	2.40	0.80	0.45	0.65	91
36	0.2041	5.16	2.80	0.77	0.37	0.92	92
38	0.2154	3.20	2.90	0.92	0.53	0.72	87
39	0.1929	5.53	2.00	0.77	0.37	0.72	90
40	0.1891	4.35	1.90	0.70	0.63	0.67	86
41	0.2191	4.19	1.50	0.78	0.32	0.75	87
43	0.2661	4.93	2.00	1.02	0.30	0.70	78
45	0.1820	4.66	2.60	0.73	0.25	0.75	78
46	0.2911	5.28	2.20	0.90	0.50	0.70	86
48	0.1675	4.18	2.60	0.78	0.53	0.68	86
49	0.2662	4.37	3.00	1.03	0.32	0.87	82
50	0.2344	4.80	3.00	0.85	0.63	0.78	78
51	0.2093	3.49	2.90	0.77	0.60	0.70	80
53	0.1791	6.77	2.20	0.83	0.48	0.78	90
54	0.2323	3.09	2.30	0.73	0.28	0.73	88
55	0.4188	3.82	2.70	0.70	0.32	0.80	82

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUANTITATIVOS

[illegible]

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUANTITATIVOS (Cont.)

[illegible]

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUANTITATIVOS (Cont.)

0.00									
3.47	0.00								
2.45	2.89	0.00							
3.64	3.58	3.98	0.00						
2.75	3.16	2.73	2.77	0.00					
2.63	3.58	1.84	3.72	2.02	0.00				
3.88	2.89	3.50	4.69	4.12	4.84	0.00			
2.92	3.38	2.44	4.18	4.06	2.96	4.60	0.00		
4.25	3.93	4.75	4.14	4.11	4.14	5.85	3.73	0.00	

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS NOMINAIS

-0.75
-0.15 -0.75
-0.25 -0.15 -0.75
-0.38 -0.07 -0.25 -0.75
-0.25 -0.07 -0.25 -0.38 -0.75
-0.08 0.00 -0.17 0.00 -0.08 -0.75
-0.08 -0.08 -0.28 -0.08 -0.08 -0.19 -0.75
-0.07 -0.07 -0.25 -0.15 -0.25 -0.28 -0.08 -0.75
-0.08 -0.17 -0.43 -0.17 -0.17 -0.08 -0.32 -0.17 -0.75
-0.15 -0.25 -0.25 -0.25 -0.25 0.00 -0.08 -0.25 -0.17 -0.75
0.00 0.00 -0.08 0.00 -0.17 -0.50 -0.19 -0.28 -0.08 0.00 -0.75
-0.25 -0.07 -0.25 -0.38 -0.54 -0.08 -0.08 -0.38 -0.17 -0.38 -0.08 -0.75
-0.38 -0.15 -0.25 -0.15 -0.07 -0.28 -0.08 -0.25 -0.08 -0.07 -0.17 -0.07 -0.75
0.00 0.00 -0.17 -0.08 -0.17 -0.19 -0.08 -0.43 -0.19 -0.17 -0.19 -0.28 -0.08 -0.75
-0.15 -0.54 -0.15 -0.07 -0.07 0.00 -0.08 -0.07 -0.17 -0.25 0.00 -0.07 -0.15 0.00 -0.75
-0.25 -0.15 -0.15 -0.15 -0.15 -0.17 -0.08 -0.25 -0.08 -0.07 -0.28 -0.07 -0.54 -0.08 -0.15 -0.75
-0.17 -0.08 -0.43 -0.08 -0.08 -0.32 -0.50 -0.08 -0.32 -0.08 -0.19 -0.08 -0.17 -0.08 -0.08 -0.08 -0.75
-0.08 0.00 -0.08 -0.08 0.00 -0.32 -0.32 -0.17 -0.08 0.00 -0.32 0.00 -0.28 -0.08 0.00 -0.28 -0.19 -0.75
-0.38 -0.25 -0.54 -0.15 -0.15 -0.17 -0.28 -0.15 -0.28 -0.15 -0.08 -0.15 -0.38 -0.08 -0.25 -0.25 -0.43 -0.08
-0.07 -0.15 -0.25 -0.15 -0.25 -0.17 -0.08 -0.54 -0.17 -0.38 -0.17 -0.38 -0.15 -0.43 -0.15 -0.15 -0.08 -0.08
-0.25 -0.38 -0.07 -0.15 -0.07 -0.08 0.00 -0.15 -0.08 -0.07 -0.08 -0.07 -0.38 0.00 -0.25 -0.38 0.00 -0.17
-0.38 -0.15 -0.15 -0.25 -0.38 -0.08 -0.08 -0.25 -0.08 -0.25 -0.08 -0.54 -0.15 -0.17 -0.15 -0.15 -0.08 0.00
-0.25 -0.07 -0.38 -0.25 -0.15 -0.28 -0.08 -0.38 -0.17 -0.15 -0.17 -0.15 -0.54 -0.17 -0.07 -0.38 -0.17 -0.28
-0.15 -0.07 -0.38 -0.25 -0.38 -0.17 -0.28 -0.38 -0.28 -0.15 -0.17 -0.38 -0.15 -0.28 -0.07 -0.15 -0.17 -0.17
-0.25 -0.25 -0.15 -0.15 -0.07 -0.17 -0.08 -0.25 -0.17 -0.07 -0.17 -0.07 -0.54 -0.08 -0.25 -0.54 -0.08 -0.28
-0.08 -0.08 -0.28 0.00 0.00 -0.50 -0.32 -0.17 -0.19 -0.08 -0.32 0.00 -0.28 -0.08 -0.08 -0.17 -0.50 -0.32
-0.07 -0.15 -0.38 -0.15 -0.25 -0.17 -0.17 -0.38 -0.28 -0.25 -0.28 -0.15 -0.25 -0.17 -0.15 -0.38 -0.17 -0.17
-0.28 -0.28 -0.17 -0.17 -0.28 -0.08 -0.08 -0.17 -0.08 -0.08 -0.08 -0.28 -0.17 -0.08 -0.17 -0.17 -0.08 0.00
-0.17 -0.08 -0.17 -0.17 -0.08 -0.19 -0.32 -0.08 -0.32 0.00 -0.19 -0.08 -0.17 -0.08 -0.08 -0.17 -0.32 -0.32
-0.08 0.00 -0.19 -0.08 -0.19 -0.38 -0.38 -0.19 -0.21 0.00 -0.38 -0.19 -0.08 -0.21 0.00 -0.08 -0.38 -0.21
-0.25 -0.07 -0.38 -0.54 -0.25 -0.08 -0.17 -0.25 -0.28 -0.15 -0.08 -0.25 -0.25 -0.17 -0.07 -0.25 -0.17 -0.17
0.00 0.00 -0.08 0.00 -0.17 -0.50 -0.19 -0.28 -0.08 0.00 -0.75 -0.08 -0.17 -0.19 0.00 -0.28 -0.19 -0.32
-0.07 -0.07 -0.25 -0.25 -0.25 -0.28 -0.08 -0.54 -0.17 -0.15 -0.28 -0.25 -0.25 -0.28 -0.07 -0.25 -0.08 -0.17
-0.07 -0.38 -0.25 -0.15 -0.15 0.00 -0.08 -0.15 -0.28 -0.38 0.00 -0.15 -0.07 -0.08 -0.54 -0.07 -0.08 0.00
-0.15 -0.15 -0.25 -0.25 -0.15 -0.17 -0.08 -0.38 -0.28 -0.15 -0.17 -0.15 -0.38 -0.17 -0.15 -0.38 -0.08 -0.28
-0.08 0.00 -0.17 -0.08 -0.17 -0.32 -0.32 -0.28 -0.19 -0.08 -0.32 -0.28 -0.08 -0.32 0.00 -0.08 -0.32 -0.19
-0.07 -0.15 -0.38 -0.15 -0.15 -0.08 -0.17 -0.38 -0.28 -0.38 -0.08 -0.25 -0.15 -0.43 -0.15 -0.15 -0.17 -0.08
0.00 -0.28 -0.17 -0.08 0.00 -0.32 -0.32 -0.17 -0.19 -0.08 -0.32 0.00 -0.17 -0.08 -0.08 -0.17 -0.32 -0.32
-0.08 -0.08 -0.17 -0.17 -0.08 -0.19 -0.08 -0.28 -0.32 -0.08 -0.19 -0.08 -0.28 -0.19 -0.08 -0.28 -0.08 -0.32
-0.17 0.00 -0.43 -0.17 -0.28 -0.32 -0.19 -0.28 -0.32 -0.08 -0.19 -0.28 -0.17 -0.32 0.00 -0.08 -0.32 -0.08
-0.15 -0.15 -0.38 -0.07 -0.07 -0.43 -0.28 -0.25 -0.17 -0.15 -0.28 -0.07 -0.38 -0.08 -0.15 -0.25 -0.43 -0.28
-0.17 0.00 -0.17 -0.17 -0.08 -0.19 -0.32 -0.17 -0.19 -0.08 -0.19 -0.17 -0.17 -0.19 0.00 -0.17 -0.32 -0.32
0.00 -0.08 -0.17 -0.08 -0.17 -0.32 -0.08 -0.43 -0.32 -0.08 -0.32 -0.17 -0.17 -0.32 -0.08 -0.17 -0.08 -0.19
-0.15 -0.07 -0.25 -0.25 -0.15 -0.17 -0.08 -0.54 -0.17 -0.25 -0.17 -0.25 -0.38 -0.28 -0.07 -0.38 -0.08 -0.28
-0.15 -0.07 -0.25 -0.38 -0.15 -0.17 -0.08 -0.38 -0.17 -0.15 -0.17 -0.15 -0.38 -0.17 -0.07 -0.38 -0.08 -0.28

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS NOMINAIS (Cont.)

-0.75
-0.15 -0.75
-0.15 -0.07 -0.75
-0.25 -0.25 -0.15 -0.75
-0.25 -0.25 -0.25 -0.07 -0.75
-0.25 -0.38 -0.07 -0.25 -0.25 -0.75
-0.25 -0.15 -0.54 -0.15 -0.38 -0.15 -0.75
-0.28 -0.08 -0.08 0.00 -0.28 -0.08 -0.17 -0.75
-0.25 -0.25 -0.15 -0.07 -0.38 -0.25 -0.25 -0.28 -0.75
-0.28 -0.17 -0.28 -0.43 -0.08 -0.28 -0.17 0.00 -0.08 -0.75
-0.17 -0.08 -0.17 -0.08 -0.17 -0.17 -0.28 -0.19 -0.08 -0.08 -0.75
-0.19 -0.19 0.00 -0.19 -0.08 -0.32 -0.08 -0.21 -0.08 -0.21 -0.38 -0.75
-0.25 -0.25 -0.15 -0.15 -0.38 -0.38 -0.25 -0.08 -0.25 -0.17 -0.28 -0.19 -0.75
-0.08 -0.17 -0.08 -0.08 -0.17 -0.17 -0.17 -0.32 -0.28 -0.08 -0.19 -0.38 -0.08 -0.75
-0.15 -0.38 -0.15 -0.15 -0.38 -0.38 -0.25 -0.17 -0.38 -0.17 -0.08 -0.19 -0.38 -0.28 -0.75
-0.15 -0.25 -0.15 -0.07 -0.15 -0.15 -0.15 -0.08 -0.25 -0.08 -0.08 0.00 -0.15 0.00 -0.15 -0.75
-0.15 -0.25 -0.38 -0.07 -0.54 -0.25 -0.54 -0.17 -0.38 -0.08 -0.28 -0.08 -0.38 -0.17 -0.38 -0.25 -0.75
-0.17 -0.28 0.00 -0.28 -0.08 -0.28 -0.08 -0.19 -0.08 -0.19 -0.32 -0.62 -0.17 -0.32 -0.17 0.00 -0.08 -0.75
-0.25 -0.38 -0.07 -0.15 -0.25 -0.25 -0.15 -0.17 -0.38 -0.08 -0.08 -0.08 -0.25 -0.08 -0.25 -0.25 -0.25 -0.17
-0.17 -0.08 -0.08 0.00 -0.17 -0.08 -0.17 -0.50 -0.28 0.00 -0.19 -0.21 -0.17 -0.32 -0.28 -0.08 -0.17 -0.19
-0.08 -0.17 -0.28 0.00 -0.43 -0.17 -0.43 -0.19 -0.28 0.00 -0.32 -0.09 -0.28 -0.19 -0.28 -0.17 -0.62 -0.08
-0.28 -0.28 0.00 -0.17 -0.28 -0.43 -0.08 -0.19 -0.17 -0.19 -0.19 -0.38 -0.28 -0.19 -0.28 -0.08 -0.17 -0.32
-0.38 -0.15 -0.15 -0.07 -0.38 -0.15 -0.25 -0.62 -0.38 -0.08 -0.17 -0.19 -0.15 -0.28 -0.25 -0.15 -0.25 -0.17
-0.17 -0.17 -0.08 -0.17 -0.17 -0.17 -0.17 -0.19 -0.08 -0.08 -0.50 -0.38 -0.28 -0.19 -0.08 0.00 -0.17 -0.50
-0.08 -0.28 -0.17 -0.08 -0.28 -0.28 -0.28 -0.19 -0.28 -0.08 -0.19 -0.21 -0.17 -0.32 -0.43 -0.17 -0.43 -0.19
-0.15 -0.38 -0.25 -0.15 -0.54 -0.25 -0.38 -0.17 -0.38 -0.08 -0.17 -0.08 -0.38 -0.17 -0.38 -0.15 -0.54 -0.17
-0.15 -0.25 -0.25 -0.07 -0.54 -0.25 -0.38 -0.17 -0.38 -0.08 -0.17 -0.08 -0.54 -0.17 -0.54 -0.15 -0.54 -0.08

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS NOMINAIS (

-0.75									
-0.17	-0.75								
-0.17	-0.19	-0.75							
-0.17	-0.08	-0.19	-0.75						
-0.25	-0.43	-0.17	-0.17	-0.75					
-0.17	-0.19	-0.19	-0.19	-0.17	-0.75				
-0.17	-0.19	-0.50	-0.32	-0.17	-0.08	-0.75			
-0.38	-0.17	-0.43	-0.17	-0.25	-0.28	-0.28	-0.75		
-0.25	-0.28	-0.43	-0.17	-0.25	-0.17	-0.28	-0.54	-0.75	

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS ORDINAIS

-0.82
-0.62 -0.82
-0.67 -0.59 -0.82
-0.64 -0.61 -0.66 -0.82
-0.69 -0.60 -0.66 -0.62 -0.82
-0.73 -0.64 -0.64 -0.61 -0.66 -0.82
-0.70 -0.53 -0.67 -0.64 -0.59 -0.67 -0.82
-0.69 -0.55 -0.66 -0.57 -0.62 -0.72 -0.64 -0.82
-0.66 -0.63 -0.69 -0.55 -0.65 -0.69 -0.62 -0.71 -0.82
-0.63 -0.55 -0.66 -0.62 -0.56 -0.66 -0.64 -0.75 -0.65 -0.82
-0.70 -0.57 -0.73 -0.64 -0.63 -0.67 -0.70 -0.69 -0.66 -0.69 -0.82
-0.63 -0.55 -0.66 -0.68 -0.62 -0.66 -0.64 -0.68 -0.65 -0.68 -0.69 -0.82
-0.75 -0.61 -0.72 -0.63 -0.68 -0.72 -0.64 -0.75 -0.72 -0.68 -0.75 -0.68 -0.82
-0.58 -0.55 -0.72 -0.62 -0.62 -0.55 -0.59 -0.56 -0.59 -0.56 -0.63 -0.62 -0.62 -0.82
-0.64 -0.62 -0.67 -0.59 -0.58 -0.62 -0.60 -0.69 -0.66 -0.69 -0.70 -0.63 -0.69 -0.58 -0.82
-0.62 -0.50 -0.64 -0.67 -0.61 -0.64 -0.73 -0.61 -0.59 -0.61 -0.67 -0.66 -0.62 -0.56 -0.57 -0.82
-0.73 -0.64 -0.70 -0.67 -0.66 -0.70 -0.68 -0.66 -0.64 -0.66 -0.73 -0.66 -0.73 -0.61 -0.73 -0.65 -0.82
-0.79 -0.59 -0.64 -0.62 -0.66 -0.70 -0.73 -0.66 -0.64 -0.61 -0.73 -0.61 -0.73 -0.56 -0.62 -0.65 -0.70 -0.82
-0.65 -0.62 -0.73 -0.64 -0.59 -0.67 -0.66 -0.64 -0.67 -0.64 -0.70 -0.64 -0.70 -0.64 -0.70 -0.63 -0.68 -0.63
-0.64 -0.56 -0.66 -0.58 -0.57 -0.66 -0.64 -0.68 -0.72 -0.68 -0.69 -0.68 -0.69 -0.57 -0.69 -0.62 -0.67 -0.62
-0.72 -0.58 -0.69 -0.60 -0.71 -0.69 -0.62 -0.71 -0.68 -0.65 -0.72 -0.65 -0.78 -0.65 -0.66 -0.59 -0.69 -0.69
-0.63 -0.66 -0.66 -0.57 -0.62 -0.60 -0.54 -0.68 -0.71 -0.62 -0.63 -0.62 -0.68 -0.62 -0.69 -0.51 -0.61 -0.61
-0.73 -0.59 -0.70 -0.67 -0.66 -0.70 -0.73 -0.66 -0.64 -0.66 -0.79 -0.66 -0.73 -0.61 -0.67 -0.70 -0.76 -0.76
-0.64 -0.51 -0.72 -0.69 -0.62 -0.66 -0.70 -0.68 -0.66 -0.68 -0.69 -0.75 -0.69 -0.62 -0.64 -0.73 -0.67 -0.62
-0.67 -0.54 -0.64 -0.66 -0.72 -0.64 -0.67 -0.60 -0.58 -0.60 -0.73 -0.66 -0.66 -0.60 -0.62 -0.70 -0.70 -0.70
-0.67 -0.59 -0.75 -0.61 -0.66 -0.64 -0.67 -0.66 -0.69 -0.66 -0.79 -0.66 -0.72 -0.66 -0.67 -0.64 -0.70 -0.70
-0.67 -0.50 -0.64 -0.67 -0.66 -0.59 -0.73 -0.56 -0.54 -0.56 -0.67 -0.61 -0.62 -0.61 -0.57 -0.70 -0.65 -0.70
-0.62 -0.59 -0.59 -0.60 -0.61 -0.65 -0.58 -0.67 -0.64 -0.67 -0.62 -0.74 -0.68 -0.55 -0.57 -0.60 -0.60 -0.60
-0.58 -0.60 -0.60 -0.60 -0.56 -0.60 -0.59 -0.62 -0.59 -0.68 -0.63 -0.75 -0.62 -0.56 -0.63 -0.61 -0.66 -0.56
-0.56 -0.75 -0.58 -0.55 -0.54 -0.58 -0.48 -0.59 -0.62 -0.59 -0.56 -0.54 -0.60 -0.54 -0.66 -0.45 -0.59 -0.54
-0.73 -0.59 -0.75 -0.66 -0.66 -0.69 -0.67 -0.72 -0.69 -0.72 -0.79 -0.72 -0.79 -0.66 -0.73 -0.64 -0.76 -0.70
-0.68 -0.60 -0.65 -0.67 -0.62 -0.65 -0.68 -0.57 -0.59 -0.57 -0.63 -0.62 -0.62 -0.57 -0.63 -0.66 -0.66 -0.66
-0.70 -0.52 -0.62 -0.64 -0.63 -0.67 -0.76 -0.63 -0.61 -0.63 -0.70 -0.69 -0.64 -0.53 -0.59 -0.73 -0.67 -0.73
-0.63 -0.55 -0.66 -0.68 -0.62 -0.60 -0.59 -0.68 -0.59 -0.75 -0.69 -0.68 -0.68 -0.56 -0.69 -0.61 -0.66 -0.61
-0.66 -0.58 -0.69 -0.66 -0.71 -0.69 -0.67 -0.65 -0.68 -0.65 -0.66 -0.71 -0.66 -0.59 -0.61 -0.69 -0.69 -0.64
-0.64 -0.62 -0.67 -0.59 -0.58 -0.67 -0.65 -0.69 -0.72 -0.69 -0.70 -0.69 -0.69 -0.58 -0.76 -0.62 -0.73 -0.62
-0.61 -0.58 -0.69 -0.70 -0.59 -0.58 -0.62 -0.59 -0.57 -0.65 -0.66 -0.71 -0.66 -0.65 -0.61 -0.64 -0.64 -0.59
-0.69 -0.56 -0.72 -0.63 -0.62 -0.72 -0.70 -0.75 -0.72 -0.75 -0.75 -0.75 -0.75 -0.62 -0.69 -0.67 -0.73 -0.67
-0.64 -0.61 -0.66 -0.69 -0.62 -0.66 -0.59 -0.62 -0.60 -0.68 -0.69 -0.68 -0.69 -0.57 -0.64 -0.62 -0.67 -0.62
-0.69 -0.56 -0.66 -0.69 -0.68 -0.72 -0.70 -0.68 -0.66 -0.68 -0.69 -0.75 -0.69 -0.57 -0.64 -0.73 -0.73 -0.67
-0.72 -0.58 -0.63 -0.66 -0.71 -0.75 -0.67 -0.71 -0.68 -0.65 -0.66 -0.71 -0.72 -0.54 -0.61 -0.69 -0.69 -0.69
-0.63 -0.55 -0.66 -0.68 -0.62 -0.60 -0.59 -0.62 -0.59 -0.62 -0.69 -0.75 -0.68 -0.62 -0.63 -0.61 -0.66 -0.61
-0.67 -0.59 -0.59 -0.56 -0.60 -0.75 -0.67 -0.66 -0.63 -0.60 -0.67 -0.60 -0.66 -0.50 -0.57 -0.64 -0.64 -0.70
-0.69 -0.61 -0.72 -0.69 -0.62 -0.66 -0.64 -0.68 -0.66 -0.68 -0.75 -0.75 -0.75 -0.68 -0.69 -0.62 -0.73 -0.67
-0.64 -0.51 -0.72 -0.69 -0.62 -0.66 -0.70 -0.68 -0.66 -0.69 -0.75 -0.69 -0.62 -0.64 -0.73 -0.67 -0.62

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS ORDINAIS (cont.)

-0.82
-0.70 -0.82
-0.67 -0.66 -0.82
-0.64 -0.62 -0.65 -0.82
-0.68 -0.67 -0.69 -0.61 -0.82
-0.70 -0.69 -0.66 -0.57 -0.67 -0.82
-0.62 -0.61 -0.69 -0.55 -0.76 -0.66 -0.82
-0.67 -0.66 -0.69 -0.66 -0.76 -0.66 -0.69 -0.82
-0.63 -0.57 -0.64 -0.51 -0.70 -0.67 -0.76 -0.64 -0.82
-0.58 -0.62 -0.64 -0.61 -0.60 -0.68 -0.59 -0.59 -0.55 -0.82
-0.59 -0.62 -0.59 -0.56 -0.61 -0.68 -0.60 -0.60 -0.56 -0.74 -0.82
-0.62 -0.55 -0.57 -0.71 -0.54 -0.50 -0.46 -0.58 -0.45 -0.58 -0.59 -0.82
-0.73 -0.72 -0.75 -0.66 -0.76 -0.72 -0.69 -0.75 -0.64 -0.65 -0.66 -0.58 -0.82
-0.74 -0.62 -0.59 -0.57 -0.66 -0.67 -0.65 -0.68 -0.71 -0.56 -0.57 -0.55 -0.65 -0.82
-0.60 -0.64 -0.61 -0.53 -0.73 -0.69 -0.73 -0.67 -0.73 -0.62 -0.63 -0.46 -0.67 -0.68 -0.82
-0.64 -0.62 -0.65 -0.62 -0.66 -0.68 -0.66 -0.66 -0.61 -0.67 -0.68 -0.59 -0.72 -0.62 -0.63 -0.82
-0.62 -0.66 -0.62 -0.59 -0.69 -0.72 -0.69 -0.69 -0.64 -0.64 -0.65 -0.52 -0.69 -0.64 -0.72 -0.65 -0.82
-0.70 -0.75 -0.66 -0.63 -0.67 -0.69 -0.62 -0.67 -0.57 -0.62 -0.69 -0.61 -0.73 -0.63 -0.64 -0.63 -0.66 -0.82
-0.67 -0.60 -0.62 -0.59 -0.64 -0.72 -0.63 -0.63 -0.64 -0.71 -0.71 -0.57 -0.69 -0.64 -0.61 -0.71 -0.62 -0.61
-0.70 -0.75 -0.72 -0.62 -0.73 -0.75 -0.66 -0.72 -0.62 -0.68 -0.68 -0.55 -0.79 -0.62 -0.69 -0.68 -0.72 -0.75
-0.70 -0.63 -0.66 -0.57 -0.67 -0.69 -0.66 -0.66 -0.62 -0.68 -0.68 -0.60 -0.72 -0.67 -0.64 -0.75 -0.66 -0.64
-0.64 -0.69 -0.66 -0.57 -0.73 -0.75 -0.72 -0.66 -0.67 -0.68 -0.68 -0.50 -0.72 -0.67 -0.75 -0.68 -0.78 -0.69
-0.62 -0.66 -0.68 -0.59 -0.69 -0.72 -0.69 -0.63 -0.64 -0.71 -0.65 -0.52 -0.69 -0.64 -0.72 -0.65 -0.75 -0.66
-0.64 -0.62 -0.65 -0.62 -0.66 -0.68 -0.66 -0.66 -0.61 -0.67 -0.68 -0.54 -0.72 -0.62 -0.63 -0.68 -0.65 -0.63
-0.62 -0.61 -0.63 -0.55 -0.70 -0.61 -0.64 -0.64 -0.59 -0.59 -0.55 -0.53 -0.64 -0.60 -0.67 -0.55 -0.63 -0.62
-0.70 -0.69 -0.72 -0.68 -0.73 -0.69 -0.66 -0.72 -0.62 -0.68 -0.68 -0.60 -0.79 -0.62 -0.64 -0.68 -0.66 -0.69
-0.70 -0.69 -0.66 -0.57 -0.67 -0.82 -0.66 -0.66 -0.67 -0.68 -0.68 -0.50 -0.72 -0.67 -0.69 -0.68 -0.72 -0.69

MATRIZ DE DISTANCIAS DOS DADOS QUALITATIVOS ORDINAIS (cont.)

-0.82									
-0.66	-0.82								
-0.72	-0.69	-0.82							
-0.66	-0.75	-0.69	-0.82						
-0.62	-0.72	-0.66	-0.78	-0.82					
-0.71	-0.68	-0.68	-0.68	-0.65	-0.82				
-0.53	-0.66	-0.61	-0.66	-0.69	-0.55	-0.82			
-0.72	-0.75	-0.69	-0.69	-0.66	-0.75	-0.61	-0.82		
-0.72	-0.75	-0.69	-0.75	-0.72	-0.68	-0.61	-0.69	-0.82	

MATRIZ SOMA (Soma das matrizes parciais)(cont.)

-1.57									
2.65	-1.57								
1.57	2.02	-1.57							
2.82	2.75	3.10	-1.57						
1.87	2.81	1.91	1.62	-1.57					
1.75	2.71	0.97	2.85	1.20	-1.57				
3.19	2.04	2.40	3.71	3.26	4.21	-1.57			
1.83	2.46	1.32	3.32	3.15	1.93	3.71	-1.57		
3.29	2.90	3.63	3.22	3.15	3.29	4.96	2.51	-1.57	