



## Divergência fenotípica de *Handroanthus impetiginosus* por meio de imagens digitais

Jéssica Maia Alves Pimenta<sup>1</sup>, Wendy Mattos Andrade Teixeira de Souza<sup>1</sup>, Rômulo Henrique Teixeira do Egito<sup>1</sup>, Cibele dos Santos Ferrari<sup>1</sup>, Mauro Vasconcelos Pacheco\*<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Unidade Acadêmica Especializada em Ciências Agrárias, Rodovia RN 160, Km 03, CEP 59280-000, Macaíba, RN, Brasil

\*Autor correspondente:  
pacheco.sementes@gmail.com

### Termos para indexação:

Análise de sementes  
Descritores morfológicos  
Conservação

### Index terms:

Seed analysis  
Morphology descriptors  
Conservation

### Histórico do artigo:

Recebido em 30/05/2022  
Aprovado em 06/12/2022  
Publicado em 26/04/2024

**Resumo** - *Handroanthus impetiginosus* (Bignoniaceae) é uma espécie arbórea reconhecida pelo seu potencial ecológico e econômico. A realização de estudos voltados para divergência genética dessa espécie se torna fundamental para o estabelecimento de programas de conservação e melhoramento genético. Neste contexto, objetivou-se analisar a divergência fenotípica entre 63 árvores de uma população de *H. impetiginosus* a partir de caracteres biométricos de sementes obtidos por meio de técnicas de processamento digital de imagens. Foram obtidos oito caracteres, analisados utilizando-se abordagens de estatística univariada (análise descritiva e correlação simples) e de análise multivariada (análise de componentes principais e análise de agrupamento). Os resultados indicam que todas as variáveis biométricas influenciam a variabilidade entre árvores de *H. impetiginosus*. A utilização de imagens digitais na biometria de sementes evidenciou a existência de divergência fenotípica, demonstrando eficiência na detecção de diferenças entre árvores, caracterizando-as, portanto, como importantes marcadores morfológicos na diferenciação de genótipos de *H. impetiginosus* e nos estudos de divergência fenotípica.

## Phenotypic divergence of *Handroanthus impetiginosus* through digital images

**Abstract** - *Handroanthus impetiginosus* (Bignoniaceae) is a tree species recognized for its ecological and economic potential. Carrying out studies aimed at the genetic divergence of this species is essential in order to establish conservation and genetic breeding programs. In this context, we aimed at to analyze the phenotypic divergence among 63 trees of a population of *H. impetiginosus* from biometric characters of seeds obtained through digital image processing techniques. The eight characters obtained were analyzed using univariate statistical approach (descriptive analysis and simple correlation) and multivariate analysis (principal component analysis and cluster analysis). The results indicate that all biometric variables influence the variability among trees of *H. impetiginosus*. The digital images in the seeds biometry evidenced the existence of phenotypic divergence, demonstrating efficiency to detect differences. Therefore, they are morphological markers that can help in the differentiation of genotypes of *H. impetiginosus* and contribute to phenotypic divergence studies.

Trabalho proveniente da dissertação da primeira autora Jéssica Maia Alves Pimenta – “Como selecionar indivíduos de *Handroanthus impetiginosus* (Mart. ex. DC.) para subsidiar áreas de coleta de sementes na Caatinga?” Universidade Federal do Rio Grande do Norte - UFRN, 2021.



## Introdução

A diversidade genética existente dentro e entre as populações da mesma espécie florestal podem ser expressas por variações fenotípicas nas características biométricas dos frutos e sementes (Maranho et al., 2014). As combinações dos marcadores morfológicos com marcadores moleculares são essenciais para a caracterização sobre a variabilidade fenotípica e diversidade genética existente entre os genótipos (Giustina et al., 2017).

Os estudos relacionados com a biometria de sementes subsidiam informações que auxiliam na seleção de genótipos e contribuem para a conservação in situ e ex situ das espécies florestais. Tais informações são fundamentais para subsidiar os programas de conservação genética de populações naturais e de melhoramento genético das espécies (Araújo et al., 2015; Leão et al., 2018). Entretanto, a obtenção dos dados biométricos manualmente é difícil, demorada e passível de erro humano (Paiva et al., 2018). Nesse sentido, a análise por meio de processamento digital de imagens vem se tornando uma ferramenta eficiente na obtenção de dados quantitativos de descritores morfométricos de sementes (Rahman & Cho, 2016; Menegatti et al., 2017).

Os estudos que buscam compreender a variabilidade genética entre indivíduos e populações sejam de suma importância, a investigação relacionada à biometria de sementes em espécies provenientes de florestas nativas do Brasil, utilizando a abordagem de processamento digital de imagens, ainda é limitada. Contudo, é possível encontrar na literatura alguns exemplos de trabalhos bem-sucedidos nesse âmbito (Noronha et al., 2018; Felix et al., 2020).

Dentre as espécies arbóreas florestais de importante valor ecológico e econômico no Brasil, destaca-se *Handroanthus impetiginosus* (Mart. ex DC.) Mattos (Bignoniaceae), com distribuição em diversos domínios fitogeográficos (Maia, 2012). Essa espécie vem sendo largamente utilizada no paisagismo, em programas de recuperação de áreas degradadas e em construção civil (Ferreira et al., 2020). Sua madeira é considerada uma das mais valiosas, tornando-a altamente explorada no Brasil, o que estimula esforços em direção à conservação in situ e ex situ das populações existentes (Silva-Junior et al., 2018).

Portanto, o objetivo deste trabalho foi realizar a biometria de sementes de *H. impetiginosus* por meio do processamento digital de imagens como subsídio para estudos de divergência genética.

## Material e métodos

### *Local de estudo e obtenção das sementes*

A coleta dos frutos foi realizada em 63 árvores de *Handroanthus impetiginosus* localizadas na Floresta Nacional (FLONA) de Açú (5°34'20" S e 36°54'33" W), uma Unidade de Conservação Federal (Portaria n.º 245 de 18/07/2001) (Brasil, 2001) que está localizada no município de Assu, RN (Figura 1). Os dados foram cadastrados no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético e do Conhecimento Tradicional Associado (SisGen) (registro: A5DB85E).

Os frutos foram coletados quando ainda estavam ligados às árvores, no início do processo natural de deiscência, porém antecedendo à dispersão das sementes. Estes lotes passaram por um processo de beneficiamento manual, no qual as sementes foram classificadas em categorias de sadias e sementes danificadas (infestadas, afetadas por insetos e fungos). Posteriormente, as sementes de cada lote associado à cada árvore foram fotografadas e submetidas a uma análise biométrica detalhada, por processamento digital de imagens.

### *Biometria de sementes por meio do processamento de imagem*

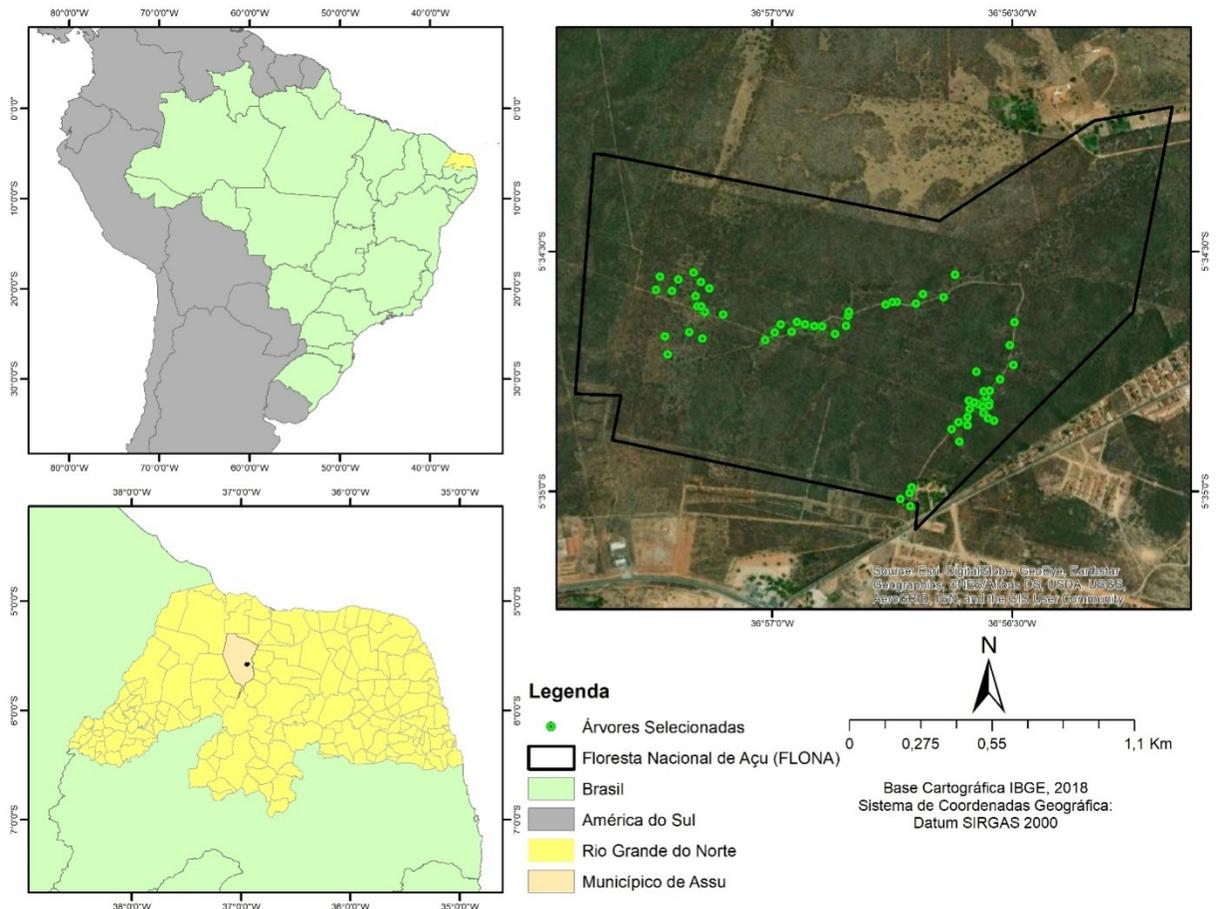
A biometria de sementes foi realizada com 200 sementes de cada árvore, fotografadas com lente de 12 mp a uma distância de 20 cm em fundo de papel branco marcado com régua milimetrada.

As seguintes variáveis biométricas foram avaliadas durante o processo de processamento digital de imagens (Figura 2): a) área: refere-se à medida da superfície da semente em unidades quadradas calibradas, calculada dentro da delimitação do polígono formado pelo perímetro (mm<sup>2</sup>); b) perímetro: extensão do limite externo da semente, expressa em unidades quadradas calibradas, obtida por meio do cálculo a partir dos centros dos pixels que constituem a borda (mm); c) circularidade: valor numérico situado entre 0,0 e 1,0, que sugere a semelhança com um círculo perfeito quando se aproxima de 1,0, e representa a forma da

semente em relação ao seu perímetro (calculado como  $4\pi \times [\text{área}]/[\text{perímetro}]$ ); d) comprimento: refere-se à maior distância entre dois pontos ao longo do limite da semente, expressa em unidades quadradas calibradas (mm); e) largura: corresponde à menor distância entre dois pontos ao longo da borda da semente, medida em unidades quadradas calibradas (mm); f) proporção da relação entre os eixos maior e menor da elipse ajustada à semente ( $[\text{eixo maior}]/[\text{eixo menor}]$ ); g) arredondeza: valor numérico variando entre 0,0 e 1,0, indicando uma semelhança com um círculo perfeito quando se aproxima de 1,0 em relação à forma da semente em relação ao seu eixo principal

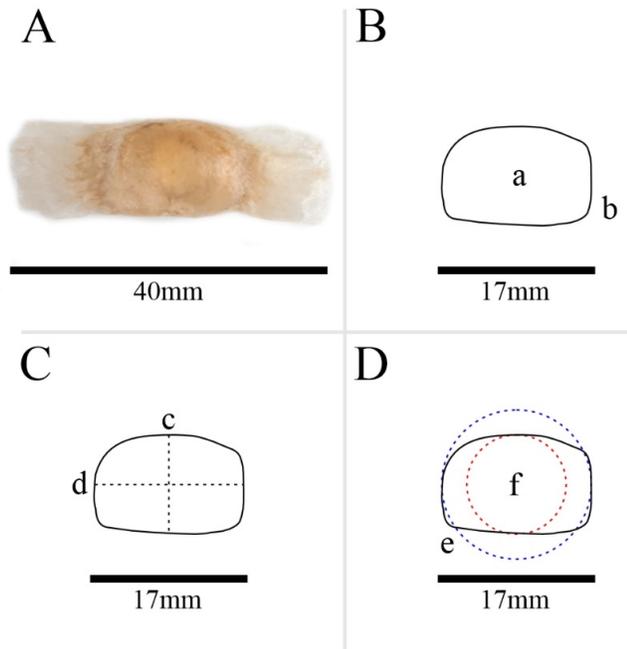
(calculado como  $4 \times [\text{área}]/[\pi \times [\text{eixo maior}]^2]$ ); e h) solidez: valor numérico situado entre 0,0 e 1,0, representando a relação com a área convexa da semente (Felix et al., 2020).

As análises foram realizadas com o software ImageJ® versão 1.46 (Ferreira & Rasband, 2012). As imagens foram convertidas para o formato de 8 bits (256 tons), seguido da calibração da escala da imagem (em mm), seleção da área a ser analisada e uso da máscara de *threshold* para diferenciação de contraste entre os componentes da imagem. Por fim, as sementes foram analisadas biometricamente e os resultados exportados para planilha eletrônica.



**Figura 1.** Localização das árvores de *Handroanthus impetiginosus* selecionadas na Floresta Nacional de Açú, em Assu, Rio Grande do Norte, Brasil.

**Figure 1.** Selected *Handroanthus impetiginosus* trees located at the Açú National Forest, in Assu, Rio Grande do Norte State, Brazil.



**Figura 2.** Parâmetros analisados no processamento digital de imagens para obtenção de dados biométricos em sementes de *Handroanthus impetiginosus*. A: imagem da semente com alas; B: análise biométrica da área (a), perímetro (b) e solidez (área/área convexa); C: comprimento (c) e largura (d); D: circularidade (e) e arredondamento da semente (f).

**Figure 2.** Parameters analyzed in digital image processing to obtain biometric data in *Handroanthus impetiginosus* seeds. A: image of the seed with wings; B: biometric analysis of area (a), perimeter (b) and solidity (area/convex area); C: length (c) and width (d); D: roundness (e) and roundness of the seed (f).

### *Delineamento experimental e análise de dados*

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, utilizando-se 63 árvores e 200 sementes por árvore. Os dados biométricos das sementes foram submetidos aos testes de normalidade residual de Lilliefors ( $p < 0,01$ ), estatística descritiva e análise de variância pelo teste F, sendo as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ). Posteriormente, a correlação simples de Pearson (rp) foi realizada entre todos os parâmetros biométricos pelo teste t ( $p < 0,01$ ). O programa estatístico utilizado foi R (R Core Team, 2017).

Com a finalidade de eliminar os componentes não representativos, foi realizada a análise multivariada, obtendo-se resultados de autovalor e variância para a contribuição de cada componente principal e distância entre as árvores. Posteriormente, a análise da matriz

de distância euclidiana para os genótipos foi realizada, seguida da elaboração de um dendrograma hierárquico de similaridade UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average*). O programa estatístico utilizado para esta análise foi o Past® (versão 3.20) (Hammer & Harper, 2008).

## **Resultados**

As sementes das diferentes árvores de *Handroanthus impetiginosus* apresentaram variações dos aspectos fenotípicos de tamanho e forma (Tabela 1), evidenciando que existem variações dentro da mesma espécie e entre indivíduos da mesma população natural.

As características biométricas das sementes apresentaram efeito significativo em 22 das 28 correlações testadas. Além disso, um forte coeficiente de correlação linear (rp) foi observado entre área e largura (0,873), área e perímetro (0,772), perímetro e largura (0,885), comprimento e solidez (0,921), largura e proporção (0,721) e proporção e redondeza (-0,976) de sementes de *H. impetiginosus*.

De acordo com a Figura 3, quanto maior o círculo, mais forte são as correlações entre as variáveis. Além disso, quanto mais azul escuro, mais próxima a correlação fica de 1, o que significa que além de forte, a correlação é positiva. Dessa forma, observa-se que as sementes desta espécie, com maior área, apresentam maior largura e perímetro.

Os três primeiros componentes principais representaram aproximadamente 96% da variação total dos dados analisados (Tabela 2).

O primeiro grupo do dendrograma concentra 94% das árvores. A análise de agrupamento (Figura 5) corrobora os resultados obtidos pela análise multivariada (Figura 4), que mostra uma maior dissimilaridade entre as árvores 52 e 8 e mais próximas as árvores 32 e 1 (0,316).

A análise de oito descritores morfométricos nos 63 indivíduos de *H. impetiginosus* permitiu diferenciar as árvores e agrupá-las conforme a semelhança entre elas (Figura 5). Para a seleção de árvores para a coleta de sementes (considerando os aspectos de divergência fenotípica) é recomendado selecionar algumas árvores dentro de cada grupo, visando selecionar árvores que apresentem menor similaridade. Portanto os seguintes indivíduos apresentaram maior dissimilaridade, podendo ser selecionados: 1 ao 10, 12, 13, 15, 16, 18 ao 20, 24, 26, 27, 29 ao 31, 33, 35 ao 38, 40, 42, 45, 46, 48, 50 ao 53, 55, 56, 59 e 63.

**Tabela 1.** Aspectos biométricos de sementes de *Handroanthus impetiginosus* analisadas por meio do processamento digital de imagens.**Table 1.** Biometric aspects of *Handroanthus impetiginosus* seeds analyzed using digital image processing.

Árvore	Área	Perímetro	CL	CS	LS	PS	Redondeza	Solidez
	(mm <sup>2</sup> )	(mm)	(0,0 – 1,0)	(mm)	(0,0 – 1,0)			
1	124,9 d	63,1 c	0,426 c	12,0 a	14,6 e	1,35 e	0,758 b	0,888 b
2	167,2 d	64,6 b	0,512 b	12,8 a	17,2 c	1,43 e	0,713 b	0,931 a
3	142,2 d	67,7 b	0,412 d	12,1 a	16,8 d	1,58 d	0,652 c	0,893 b
4	106,7 e	65,7 b	0,335 f	10,2 b	15,9 d	1,85 c	0,565 e	0,844 c
5	146,7 e	71,8 b	0,392 e	11,9 a	18,1 c	1,68 c	0,610 d	0,873 b
6	120,1 e	60,5 c	0,433 c	11,6 a	14,6 e	1,43 e	0,712 b	0,889 b
7	110,6 e	58,6 c	0,438 c	10,7 b	14,6 e	1,55 d	0,661 c	0,897 b
8	88,9 e	51,7 d	0,435 c	10,3 b	12,0 f	1,43 e	0,751 b	0,886 b
9	115,2 e	60,4 c	0,413 d	10,4 b	16,0 d	1,75 c	0,603 d	0,889 b
10	138,3 d	68,2 b	0,401 d	12,2 a	16,7 d	1,57 d	0,661 c	0,877 b
11	107,0 e	65,6 b	0,328 f	11,0 b	14,9 e	1,61 d	0,650 c	0,833 d
12	107,3 e	66,6 b	0,316 f	10,6 b	15,6 d	1,91 b	0,557 e	0,817 d
13	108,5 e	50,6 d	0,537 a	10,7 b	13,2 f	1,35 e	0,760 b	0,924 a
14	116,2 e	62,1 c	0,407 d	11,2 b	14,7 e	1,55 d	0,663 c	0,871 b
15	114,7 e	61,44 c	0,392 e	11,3 a	14,4 e	1,43 e	0,716 b	0,884 b
16	127,9 d	63,4 c	0,428 c	12,1 a	15,1 e	1,38 e	0,740 b	0,924 a
17	126,4 d	64,0 c	0,418 d	11,7 a	15,5 d	1,55 d	0,667 c	0,862 c
18	93,4 e	56,4 d	0,368 e	10,2 b	13,2 f	1,43 e	0,699 c	0,860 c
19	118,0 e	67,8 b	0,331 f	10,7 b	16,7 d	2,00 b	0,539 e	0,839 c
20	146,6 d	65,8 b	0,448 c	11,7 a	17,3 c	1,55 d	0,658 c	0,907 a
21	115,1 e	59,9 c	0,421 d	11,5 a	14,2 e	1,37 e	0,744 b	0,882 b
22	147,7 d	67,3 b	0,435 c	11,6 a	18,0 c	1,80 c	0,572 e	0,877 b
23	108,0 e	61,37 c	0,381 e	11,0 b	14,6 e	1,54 d	0,668 c	0,858 c
24	111,9 e	61,6 c	0,380 e	10,8 b	15,1 e	1,55 d	0,662 c	0,876 b
25	133,3 d	64,6 b	0,450 c	12,0 a	16,0 d	1,56 d	0,670 c	0,882 b
26	228,2 b	84,1 a	0,436 c	12,9 a	24,8 b	1,93 b	0,548 e	0,885 b
27	124,2 d	60,9 c	0,460 c	11,7 a	14,7 e	1,36 e	0,749 b	0,897 b
28	126,6 d	63,6 c	0,403 d	10,9 b	16,7 d	1,75 c	0,593 d	0,878 b
29	94,6 e	54,3 d	0,441 c	10,2 b	13,3 f	1,46 e	0,695 c	0,895 b

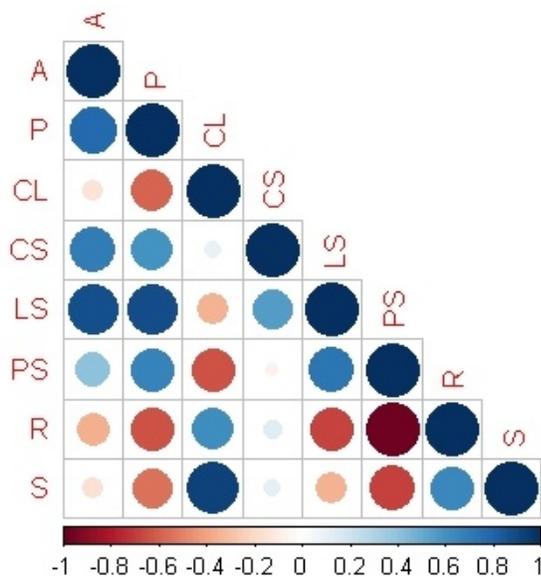
Tabela 1. Continuação.

Árvore	Área	Perímetro	CL	CS	LS	PS	Redondeza	Solidez
	(mm <sup>2</sup> )	(mm)	(0,0 – 1,0)	(mm)	(0,0 – 1,0)			
30	130,1 d	63,3 c	0,445 c	11,7 a	16,1 d	1,52 d	0,675 c	0,884 b
31	124,5 d	57,9 c	0,485 b	11,1 b	15,3 e	1,47 e	0,698 c	0,914 a
32	125,0 d	62,8 c	0,435 c	11,0 b	16,0 d	1,61 d	0,626 d	0,883 b
33	104,0 e	54,2 d	0,453 c	10,4 b	13,3 f	1,43 e	0,715 b	0,901 b
34	110,0 e	58,6 c	0,429 c	11,6 a	13,4 f	1,38 e	0,748 b	0,871 b
35	143,8 d	62,5 c	0,496 b	10,6 b	17,8 c	1,80 c	0,560 e	0,928 a
36	127,4 d	55,2 d	0,531 a	11,0 b	15,2 e	1,46 e	0,697 c	0,931 a
37	149,1 d	67,1 b	0,445 c	12,5 a	16,4 d	1,40 e	0,731 b	0,911 a
38	126,8 d	65,4 b	0,331 f	11,4 a	15,0 e	1,47 e	0,704 c	0,874 b
39	105,1 e	65,5 b	0,326 f	10,1 b	16,2 d	1,96 b	0,513 e	0,817 d
40	115,4 e	63,2 c	0,369 e	11,5 a	14,9 e	1,47 e	0,696 c	0,862 c
41	138,8 d	59,8 c	0,504 b	11,9 a	15,8 d	1,40 e	0,722 b	0,926 a
42	112,2 e	59,8 c	0,419 d	11,1 b	14,3 e	1,43 e	0,713 b	0,886 b
43	99,9 e	55,7 d	0,439 c	10,8 b	13,1 f	1,37 e	0,748 b	0,893 b
44	114,3 e	61,2 c	0,401 d	10,7 b	14,9 e	1,52 d	0,679 c	0,887 b
45	106,9 e	58,7 c	0,416 d	10,5 b	14,7 e	1,64 d	0,631 d	0,870 b
46	132,9 d	64,7 b	0,442 c	11,7 a	16,1 d	1,56 d	0,661 c	0,891 b
47	128,4 d	54,6 d	0,564 a	12,3 a	13,9 f	1,22 e	0,829 a	0,929 a
48	136,5 d	73,1 b	0,346 f	12,6 a	16,3 d	1,54 d	0,686 c	0,841 c
49	92,8 e	58,3 c	0,356 e	10,1 b	13,5 f	1,60 d	0,652 c	0,852 c
50	124,9 d	73,5 b	0,308 f	11,3 a	17,1 c	1,84 c	0,568 e	0,814 d
51	125,1 d	68,4 b	0,349 f	11,8 a	15,6 d	1,49 d	0,679 c	0,862 c
52	274,1 a	91,6 a	0,197 g	13,6 a	29,6 a	2,46 a	0,430 f	0,762 e
53	113,3 e	64,2 c	0,368 e	11,4 a	14,3 e	1,37 e	0,744 b	0,874 b
54	110,7 e	60,0 c	0,405 d	11,1 b	14,2 e	1,46 e	0,703 c	0,884 b
55	102,7 e	62,8 c	0,348 f	10,5 b	14,9 e	1,73 c	0,604 d	0,833 d
56	93,8 e	58,9 c	0,348 f	9,7 b	15,1	1,93 b	0,552 e	0,828 d
57	143,1 d	67,8 b	0,417 d	12,5 a	16,1 d	1,48 e	0,685 c	0,867 b
58	127,8 d	69,3 b	0,358 e	11,5 a	16,6 d	1,83 c	0,593 d	0,831 d
59	130,0	67,4 b	0,378 e	10,7 b	17,8 c	1,91 b	0,538 e	0,870 b
60	116,6 e	65,8 b	0,334 f	10,7 b	15,8 d	1,75 c	0,608 d	0,858 c

**Tabela 1.** Continuação.

Árvore	Área (mm <sup>2</sup> )	Perímetro (mm)	CL (0,0 – 1,0)	CS (mm)	LS (mm)	PS	Redondeza (0,0 – 1,0)	Solidez
61	112,6 e	62,9 c	0,374 e	11,4 a	14,7 e	1,53 d	0,672 c	0,852 c
62	199,8 c	69,4 b	0,355 e	11,9 a	17,9 c	1,60 d	0,631 d	0,862 c
63	199,8 c	67,3 b	0,346 f	10,6 b	15,9 d	1,62 d	0,649 c	0,827 d
Média	127,21	63,565	0,404	11,290	15,750	1,586	0,659	0,874
CV%	18,0%	11,96%	9,87%	11,53%	9,61%	9,17%	6,86%	3,23%

As médias seguidas pela mesma letra na coluna são estatisticamente semelhantes pelo teste Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. CL = circularidade; CS = comprimento; LS = largura; PS = proporção; CV = coeficiente de variação.



**Figura 3.** Gráfico de correlação de Pearson das variáveis biométricas analisadas por meio do processamento digital de imagens de *Handroanthus impetiginosus*. A = área; P = perímetro; CL = circularidade; CS = comprimento; LS = largura; PS = proporção; R = redondeza e S = solidez.

**Figure 3.** Pearson’s correlation graph of the biometric variables analyzed through the digital processing of images of *Handroanthus impetiginosus*. A = area; P = perimeter; CL = roundness; CS = length; LS = width; PS = solidity (area/convex area); R = roundness of the seed and S = solidity.

**Tabela 2.** Estimativa dos autovalores associados aos componentes principais e às variâncias dos oito descritores morfométricos analisados no processamento digital de imagens em sementes de *Handroanthus impetiginosus*.

**Table 2.** Estimation of the eigenvalues associated with the principal components and their variances obtained from the eight variables from the digital processing of images in seeds of *Handroanthus impetiginosus*.

Componente principal	Autovalor	Variância (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	4,734	59,182	4,73	59,18
2	2,163	27,041	6,89	86,22
3	0,754	9,424	7,65	95,64
4	0,178	2,224	7,82	97,87
5	0,095	1,190	7,92	99,06
6	0,043	0,538	7,96	99,60
7	0,020	0,257	7,98	99,85
8	0,011	0,141	8,00	100

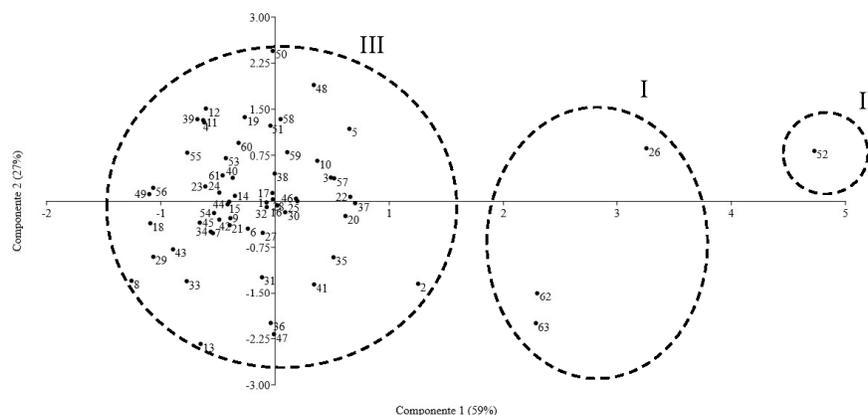
A contribuição das variâncias encontradas em cada variável para os componentes principais foi diferente. O componente 1 apresentou área (12%), perímetro (15%), largura (15%) e proporção (15%) das sementes, contribuindo com 57%, enquanto a circularidade (19%), comprimento (14%), redondeza (17%) e solidez (17%) das sementes contribuíram com 67% para o componente 2 (Tabela 3).

Após a seleção dos componentes que apresentaram variação mais significativa dos dados (componentes 1 e 2), foi possível observar quais indivíduos apresentaram maior distância entre os eixos dos componentes principais, de acordo com o nível de similaridade fenotípica entre as árvores agrupadas (Figuras 4 e 5).

**Tabela 3.** Contribuição absoluta e relativa das variáveis biométricas para os dois componentes principais resultantes da análise multivariada com sementes de *Handroanthus impetiginosus*.

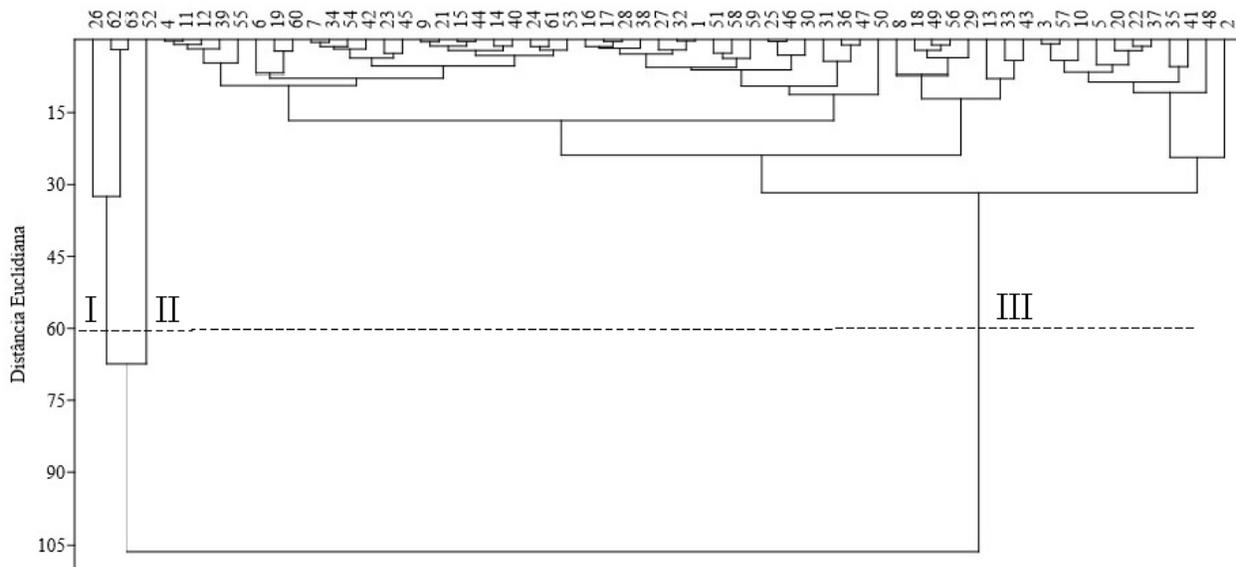
**Table 3.** Absolute and relative contribution of biometric variables to the two main components resulting from the multivariate analysis with seeds of *Handroanthus impetiginosus*.

Variável	Componente principal 1		Componente principal 2	
	---	%	---	%
Área	0,32	11,68	0,08	3,09
Perímetro	0,42	15,33	-0,18	6,95
Circularidade	-0,32	11,68	0,50	19,31
Comprimento	0,15	5,47	-0,36	13,90
Largura	0,41	14,96	0,24	9,27
Proporção	0,40	14,60	0,37	14,29
Redondeza	-0,39	14,23	-0,43	16,60
Solidez	-0,33	12,04	0,43	16,260
<b>Total</b>	<b>2,74</b>	<b>100</b>	<b>2,59</b>	<b>100</b>



**Figura 4.** Dispersão gráfica de árvores de *Handroanthus impetiginosus*, com base na análise multivariada dos componentes principais obtidos por meio da biometria de sementes.

**Figure 4.** Graphic dispersion of *Handroanthus impetiginosus* trees based on multivariate analysis of principal components obtained through seed biometry.



**Figura 5.** Dendrograma de distância Euclidiana entre árvores de *Handroanthus impetiginosus* com base nos aspectos biométricos.  
**Figure 5.** Dendrogram of Euclidean distance among *Handroanthus impetiginosus* trees based on biometric aspects.

## Discussão

Em plantas não domesticadas, variações morfométricas em frutos e sementes são comuns em populações naturais, podendo ser explicadas pela diversidade genética intrínseca dos indivíduos e pelos fatores abióticos que permitem a diversidade fenotípica (Leão et al., 2018). As diferenças fenotípicas podem ser agrupadas para classificar as sementes e revelar padrões de semelhança entre as árvores (Felix et al., 2020).

Os dados de biometria das sementes de *Handroanthus impetiginosus* apresentaram valores de erro padrão inferiores a 0,8 para todas as variáveis, indicando que a média representa com precisão os valores reais do conjunto de dados. Além disso, o coeficiente de variação encontrado foi inferior a 20% (Tabela 1), demonstrando a precisão do experimento (Menegatti et al., 2017). A eficiência e precisão das análises estão associadas ao método biométrico empregado, o que só é viável com o uso da análise computadorizada de imagens (Felix et al., 2020).

A análise dos componentes principais tem como finalidade demonstrar a variação dos dados presentes nas variáveis (Costa et al., 2016), podendo ser utilizado para verificar a divergência entre as árvores. Nessa

perspectiva, cada variável no estudo possui uma representatividade na variação dos dados (Tabelas 2 e 3), sendo importante analisar qual representa a variação mais significativa. Portanto, o estudo dos componentes principais e o arranjo dos modelos de agrupamento são análises multivariadas que podem ser utilizadas para estimar a divergência entre árvores, com base em variações morfofisiológicas em plantas, frutos e sementes (Menegatti et al., 2017).

Os três primeiros componentes principais representaram grande parte das variações (Tabela 2), no entanto, o componente três apresentou autovalor inferior a 1, não sendo considerado ideal para a seleção (Kaiser, 1960). Segundo esse mesmo autor, para a seleção dos componentes principais é necessário que a variável concentre a variação mais significativa dos dados, para que seja possível realizar um agrupamento divergente entre os genótipos. Portanto, os componentes principais 1 (59,1%) e 2 (27,0%) foram selecionados para explicar cerca de 86,1% da variação total.

Os resultados apresentados na Tabela 3 indicam uma variação nas contribuições das variáveis individuais para os componentes principais. Isso evidencia que as diversas variáveis biométricas desempenham papéis distintos na diversidade observada entre os indivíduos

de *H. impetiginosus* que foram submetidos à análise por processamento digital de imagens de sementes. Portanto, é possível afirmar que todas essas variáveis exercem influência sobre a variabilidade dentro do conjunto analisado.

O agrupamento dos indivíduos mostrou a formação de 3 grupos distintos para a análise dos componentes principais e da distância euclidiana (Figuras 3 e 4) ao nível de corte de 60% pelo modelo UPGMA (Figura 5). A escolha dos indivíduos para coleta de sementes deve ser feita com base na maior divergência, principalmente para conservação e/ou melhoramento genético, sendo uma estratégia para garantir a preservação da espécie, da dinâmica evolutiva de populações naturais e fomentar programas de restauração ecológica (Belarmino et al., 2017). Dessa maneira, a utilização dos métodos de agrupamento e análise multivariada de componentes principais usando descritores morfológicos de sementes é empregada e tem se destacado como uma alternativa eficiente para verificar a existência de diversidade genética e similaridade entre os genótipos (Lúcio et al., 2015).

A variabilidade observada entre os indivíduos de *H. impetiginosus* pode ser atribuída à biologia reprodutiva da espécie, que possui um sistema de reprodução auto-incompatível, apresenta fecundação cruzada e dispersão das sementes por anemocoria (Bittencourt Júnior, 2017). Além disso, a variabilidade fenotípica encontrada dentro da população pode estar associada ao status de conservação e ausência de atividade antrópica, por se tratar de uma Unidade de Conservação.

A utilização de imagens digitais na biometria de sementes evidenciou a existência de divergência entre os indivíduos de *H. impetiginosus*. Assim, a técnica utilizada confirma a contribuição que a análise de imagens pode trazer para a indústria de sementes, além da alta precisão obtidas nos estudos (Devkule et al., 2017).

Variações genotípicas entre indivíduos de uma espécie em uma única população fornecem subsídios essenciais para melhorar uma característica de interesse. Portanto, pesquisas com esse enfoque permitem selecionar características que atendam às necessidades de viveiros e programas de recuperação de áreas degradadas com sementes que promovam o estabelecimento de plantas vigorosas com a variabilidade desejada (Correia et al., 2019).

A variabilidade entre as matrizes sugere o potencial da população como fonte para coleta de sementes para

produção de mudas destinadas a programas de recuperação de áreas degradadas, reflorestamentos, plantios de árvores urbanas ou mesmo para garantir a conservação dessa espécie. Nesse sentido, é importante que se busque a máxima representatividade da variabilidade das espécies, evitando-se a consanguinidade.

## Conclusões

As características morfológicas das sementes demonstram variações entre árvores de *Handroanthus impetiginosus*, possibilitando agrupá-las de acordo com o grau de similaridade. A biometria por meio do processamento digital de imagens pode auxiliar na diferenciação de genótipos de *H. impetiginosus* e contribuir para estudos de divergência genética.

## Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (Processo 437955/2018-4) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

## Conflito de interesses

Os autores não têm conflito de interesses a declarar.

## Contribuição de autoria

**Jéssica Maia Alves Pimenta:** Conceituação; análise formal; investigação; metodologia; escrita – primeira redação.

**Wendy Mattos Andrade Teixeira de Souza:** Investigação, metodologia e escrita – primeira redação.

**Rômulo Henrique Teixeira do Egito:** Investigação e metodologia.

**Cibele dos Santos Ferrari:** Supervisão e escrita – revisão e edição.

**Mauro Vasconcelos Pacheco:** Conceituação, investigação, supervisão e escrita – revisão e edição.

## Referência

Araújo, B. et al. Caracterização biométrica de frutos e sementes, química e rendimento de polpa de juazeiro (*Ziziphus joazeiro* Mart.). **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 11, n. 2, p. 15-21, 2015. <http://dx.doi.org/10.30969/acsa.v11i2.605>.

Belarmino, K. S. et al. Genetic diversity in a *Poincianella pyramidalis* (Tul.) LP Queiroz population assessed by RAPD molecular markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017. <http://doi.org/10.4238/gmr16039663>.

- Bittencourt Júnior, N. S. Evidence for post-zygotic self-incompatibility in *Handroanthus impetiginosus* (Bignoniaceae). **Plant reproduction**, v. 30, n. 2, p. 69-79, 2017. <https://doi.org/10.1007/s00497-017-0300-7>.
- Brasil. Ministério do Meio Ambiente. Portaria n. 245, de 18/07/2001. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, n. 139-E, seção 1, p. 90, 2001.
- Correia, L. A. D. S. et al. Morphometric descriptors and physiological seed quality for selecting *Aspidosperma pyriforme* Mart. **Revista Caatinga**, v. 32, p. 751-759, 2019. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252019v32n319rc>.
- Costa, M. F. et al. Characterization and genetic divergence of *Casearia grandiflora* populations in the Cerrado of Piauí state, Brazil. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387-396, 2016. <https://doi.org/10.1590/2179-8087.007115>.
- Devkule, A. N. et al. Computerized seed imaging: It's applications in seed science research. **Agriculture Update**, v. 12, n. 1, p. 284-286, 2017. <https://doi.org/10.15740/HAS/AU/12.techsear2017/284-286>.
- Felix, F. C. et al. Biometry of *Pityrocarpa moniliformis* seeds using digital imaging: implications for studies of genetic divergence. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 15, n. 1, p. 1-8, 2020. <https://doi.org/10.5039/agraria.v15i1a6128>.
- Ferreira, D. D. R. G. et al. Temperature and light under the physiological potential of seeds of *Handroanthus impetiginosus*. **Bioscience Journal**, v. 36, n. 1, 2020. <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n1a2020-42454>.
- Ferreira, T. & Rasband, W. **ImageJ: user guide** - IJ 1.46r. 2012. 198 p. Disponível em: <https://imagej.nih.gov/ij/docs/guide/user-guide.pdf>.
- Giustina, L. D. et al. Variabilidade genética em genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn. F.) baseada em marcadores moleculares ISSR e caracteres morfológicos. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 4, 2017. <https://doi.org/10.5902/1980509829894>.
- Hammer, O. & Harper, A. T. D. **Paleontological data analysis**. Malden: Blackwell Publishing, 2008. 368 p. <https://doi.org/10.1002/9780470750711>.
- Kaiser, H. F. The application of electronic computers to factor analysis. **Educational and Psychological Measurement**, v. 20, n. 1, p. 141-151, 1960. <http://dx.doi.org/10.1177/001316446002000116>.
- Leão, N. V. M. et al. Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King.) from *Parakana indigena* Land, Para State, Brazil. **Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 3, p. 435, 2018. <https://doi.org/10.21475/ajcs.18.12.03.pne879>.
- Lúcio, A. D. C. et al. A multivariate approach to analyse native forest tree species seeds. **Cerne**, v. 12, n. 1, p. 27-37, 2015.
- Maia, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades**. 2. ed. Fortaleza: Printcolor, 2012.
- Maranho, A. S. et al. Biometria de frutos-sementes e emergência de plântulas de *Cordia alliodora* (Ruiz & Pav.) Cham. em diferentes substratos e profundidades de semeadura. **Revista Biociências**, v. 20, n. 1, 2014.
- Menegatti, R. D. et al. Genetic divergence among provenances of *Mimosa scabrella* Benth. based on seed analysis. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 12, n. 3, p. 366-371, 2017. <https://doi.org/10.5039/agraria.v12i3a5449>.
- Noronha, B. G. et al. Morphometry and physiological quality of *Moringa oleifera* seeds in the function of their fruit position. **Journal of Experimental Agriculture International**, p. 1-10, 2018. <https://doi.org/10.9734/JEAI/2018/43375>.
- Paiva, J. N. et al. Assessment of the physiological quality of *Moringa oleifera* Lam. seeds. **Ciência Florestal**, v. 28, n. 1, p. 393-402, 2018. <https://doi.org/10.5902/1980509831615>.
- Rahman, A. & Cho, B. K. Assessment of seed quality using non-destructive measurement techniques: A review. **Seed Science Research**, v. 26, n. 4, p. 285-305, 2016. <https://doi.org/10.1017/S0960258516000234>.
- R Core Team. **R: a language and environment for statistical computing**: version 4.0 Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2017. Disponível em: <https://www.rproject.org/>.
- Silva-Junior, O. B. et al. Genome assembly of the pink ipê (*Handroanthus impetiginosus*, Bignoniaceae), a highly valued, ecologically keystone neotropical timber forest tree. **Gigascience**, v. 7, n. 1, p. 110-125, 2018. <https://doi.org/10.1093/gigascience/gix125>.