

Divergência genética entre clones de guaranazeiro⁽¹⁾

Firmino José do Nascimento Filho⁽²⁾, André Luiz Atroch⁽²⁾, Nelcimar Reis de Sousa⁽²⁾,
Terezinha Batista Garcia⁽²⁾, Manoel da Silva Cravo⁽²⁾ e Enilton Fick Coutinho⁽²⁾

Resumo – As técnicas multivariadas, para estimar a diversidade genética de um grupo de progenitores, têm sido utilizadas com frequência pelos melhoristas de plantas. Os progenitores são utilizados em cruzamentos biparentais ou múltiplos, para formação de populações segregantes que tenham maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores. Este trabalho foi realizado com o objetivo de identificar clones de guaranazeiro produtivos e divergentes que possam ser utilizados em um programa de cruzamentos para obter híbridos com alto valor heterótico e materiais para propagação vegetativa. Foram avaliados 148 clones de guaranazeiro atualmente em uso no programa de melhoramento genético da Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental. Utilizou-se, para estimativa da divergência genética, a análise de agrupamento, em que a medida de dissimilaridade utilizada foi a distância euclidiana média padronizada e os métodos de agrupamento de otimização de Tocher e do vizinho mais próximo para construção do dendrograma entre grupos de clones. Houve a formação de sete grupos divergentes de clones. Concluiu-se que a divergência genética entre os clones não é grande, pois dois grupos foram formados com dois clones e três grupos foram formados somente com um único clone. Os clones CMU384 e CMU801 foram os mais próximos geneticamente e podem ser utilizados na formação de uma população com desenvolvimento vegetativo uniforme para uso em plantios comerciais.

Termos para indexação: *Paullinia cupana*, distância genética, cruzamento, híbridos, população de plantas, métodos de melhoramento.

Genetic divergence between clones of guarana

Abstract – The multivariate techniques to estimate the genetic diversity of a group of progenitors has been used by plant breeders. The progenitors are still being used in parental or multiple crossings to form segregating populations that have larger probability of recovering superior genotypes. This work was carried out with the objective of identifying guarana clones with high production and divergent clones that can be used in a crossing program in order to obtain hybrids with heterosis, as well as materials for vegetative propagation. One hundred and forty-eight clones of guarana in use at this moment in the genetic breeding program of Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental were studied. To estimate the genetic divergence, the cluster analysis was used in which the measure of dissimilarity used was the euclidian average standardized distance and the Tocher's method of grouping and a single linkage method to make up a dendrogram between groups of clones. There was formation of seven divergent groups. It was concluded that the genetic divergence between the clones is not large because two groups with two clones and three groups with one clone have been formed. The CMU384 and CMU801 clones were the genetically closest and could be used to form a population with uniform vegetative development for use in commercial plantations.

Index terms: *Paullinia cupana*, genetic distance, crossbreeding, hybrids, plant population, breeding methods.

Introdução

O conhecimento da diversidade genética entre um grupo de progenitores é de grande importância para qualquer programa de melhoramento genético. Isto porque é necessário identificar combinações híbri-

⁽¹⁾ Aceito para publicação em 21 de junho de 2000.

⁽²⁾ Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental, Caixa Postal 319, CEP 69011-970 Manaus, AM.
E-mail: atroch@cpaa.embrapa.br, firmino@cpaa.embrapa.br,
nelcimar@cpaa.embrapa.br, tgarcia@cpaa.embrapa.br,
coutinho@cpaa.embrapa.br

das de maior efeito heterótico, em cujas descendências tenha-se maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores (Cruz & Regazzi, 1997). Além disso, as medidas de distância genética têm sido úteis na avaliação de acessos em bancos de germoplasma, no estabelecimento das relações entre a diversidade genética e geográfica, e também para evitar a vulnerabilidade genética das culturas.

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem-se tornado comum entre os melhoristas de plantas. Entre essas práticas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições; e, por último, os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Machado, 1999).

Entre as medidas de dissimilaridade, a distância euclidiana e a distância D^2 de Mahalanobis são as mais utilizadas nos programas de melhoramento genético. Um dos inconvenientes apresentados pela distância euclidiana é o fato de ela ser alterada com a mudança de escala de medições, com o número de caracteres estudados, e de não levar em conta o grau de correlação entre eles. No entanto, para contornar o problema de escala, tem sido recomendada a padronização dos dados, e para contornar a influência do número de caracteres, utilizou-se a distância euclidiana média (Cruz & Regazzi, 1997).

A análise de agrupamento, segundo Cruz & Regazzi (1997), tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os progenitores (ou qualquer outro tipo de unidade amostral) em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

Com a possibilidade da clonagem pelo método da estaquia, a estratégia de melhoramento genético utilizada na cultura do guaraná tem sido a seleção clonal, ou seja, plantas superiores de diversas populações são propagadas assexuadamente. Estes clones são avaliados em ensaios de competição, e os melhores são recomendados para plantio comercial. Entretanto, esta estratégia pode ter como consequência a limitação da diversidade genética, a suscetibilidade dos genótipos a fatores bióticos e abióticos em face da uniformidade do plantio e a redução da possibilidade de ganhos adicionais futuros

nos programas de seleção, uma vez que o melhorista passa a manejar um "pool" gênico de tamanho limitado. Duas alternativas são viáveis para ampliar a variabilidade genética no guaraná: uso da seleção recorrente e hibridação, visando à obtenção de variedades ou híbridos superiores.

Em um programa de hibridação, a escolha dos progenitores é o passo fundamental para o sucesso do programa. Estes progenitores devem apresentar bom desempenho e grande divergência genética, sob o risco de não se ampliar variabilidade genética suficiente para se obterem ganhos com a seleção.

O presente trabalho teve como objetivo identificar clones que possam ser utilizados em um programa de cruzamentos biparentais ou cruzamentos múltiplos, visando à obtenção de híbridos com alto valor heterótico e de materiais para propagação vegetativa.

Material e Métodos

O trabalho foi realizado na Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental, em Manaus, AM.

Os dados foram coletados em 148 clones de guaranzeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*), em experimentos de competição de clones, e no Banco Ativo de Germoplasma, instalados no Campo Experimental de Manaus, localizado a uma latitude de 3°8'5" S, longitude de 60°1' W de GRT e numa altitude de 50 m acima do nível do mar; tipo climático Afi da classificação de Köppen (clima tropical chuvoso), caracterizado por apresentar temperatura média do mês mais frio nunca inferior a 18°C, e a precipitação pluvial do mês mais seco, acima de 60 mm (Boletim Agrometeorológico, 1998).

As características utilizadas para o cálculo da divergência genética foram o comprimento do ramo principal aos 12 meses de idade (CRP), o número de ramos aos 12 meses de idade (NR), o número de folhas aos 12 meses de idade (NF) e a produção de sementes torradas (PROD), em kg/planta (média de seis anos de avaliação).

A divergência genética foi estimada por análise de agrupamento, em que a medida de dissimilaridade utilizada foi a distância euclidiana média padronizada, e o método de agrupamento, o de otimização de Tocher. A formação dos grupos teve como critério o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada progenitor.

A padronização dos dados foi realizada de acordo com Cruz & Regazzi (1997), por:

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

em que $S(X_j)$ é o desvio-padrão dos dados do j -ésimo caráter; então,

$$d_{ij} = \sqrt{1/n \sum_j (x_{ij} - x_{ij})^2}$$

é a distância euclidiana média baseada em dados padronizados, em que n é o número de caracteres analisados, e x_{ij} é a observação no i -ésimo progenitor ($i=1,2,\dots,p$), em referência ao j -ésimo caráter ($j=1,2,\dots,n$) estudado.

Foi utilizado o programa GENES (Cruz, 1997) para as análises de divergência genética.

Após a formação inicial dos grupos, realizou-se a análise de variância entre e dentro de grupos, em relação a cada característica, utilizando o procedimento General Linear Model (GLM) do programa SAS.

Também utilizou-se o método do vizinho mais próximo para formação de um dendrograma entre os grupos de clones, por meio do programa MAPGEN, da Universidade Federal de Lavras (Minas Gerais).

Resultados e Discussão

Os clones avaliados, bem como as médias originais relativas aos caracteres CRP, NR, NF e PROD, encontram-se na Tabela 1.

A Tabela 2 resume os resultados das estimativas das distâncias genéticas dos 148 clones. Os clones mais distantes geneticamente foram CMA247 e CMU687, e os mais próximos, CMU384 e CMU801.

As estimativas das distâncias genéticas permitiram a formação de sete grupos distintos, pelo método de Tocher (Tabela 3). Este resultado indica que a divergência genética entre os clones, atualmente em uso no programa de melhoramento genético do guaranazeiro da Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental, não é grande, pois dois grupos foram formados com dois clones, e três grupos foram formados somente com um único clone, concentrando-se a maioria dos clones em dois grupos.

Isto pode ser explicado pelo fato de que as coletas de ramos de matrizes para formação dos clones foi restrita aos municípios de Manaus, Maués e Iranduba, no Estado do Amazonas, que se mostraram insuficientes para representar a diversidade genética da cultura. Ou, que a diversidade geográfica não está correlacionada com a diversidade genética, fato confirmado pela existência de clones de origens geográficas diferentes, que foram classificados no

mesmo grupo de divergência genética, e clones da mesma origem geográfica classificados em grupos diferentes.

Cruz (1990) relata que a escolha de progenitores para cruzamentos tem sido feita, algumas vezes, tomando-se a diversidade geográfica como indicador da diversidade genética. Porém este critério tem recebido críticas, pelo fato de não quantificar a divergência entre as populações, e, em muitos casos, por não existir relação entre a divergência genética e a diversidade geográfica.

Murty & Arunachalam (1966) e Upadhyay & Murty (1970) citam que a deriva genética e a seleção em vários ambientes podem causar maior diversidade que a distância geográfica. Além disso, atualmente, as trocas de germoplasma de várias espécies entre pesquisadores e instituições causam perdas de individualidade e ocorrência de tipos particulares nas regiões, em virtude da interferência humana (Cruz, 1990).

A origem e evolução do guaranazeiro, bem como sua domesticação pelos índios amazônidas, e a seleção artificial realizada por instituições de pesquisa, corroboram os resultados obtidos neste trabalho.

Conforme Ducke (1937), a cultura do guaranazeiro propagou-se das suas origens do alto Orenoco e alto Rio Negro venezuelano, para o baixo Rio Negro, onde está estabelecida a sua maior área de cultivo, a região de Maués no Amazonas, delimitada pelos rios Madeira, Maués e Paraná dos Ramos. Entretanto, Cavalcante (1967) é da opinião de que o possível centro de origem do guaranazeiro seria o Município de Santarém, Pará, por ter sido encontrado em estado provavelmente espontâneo em uma mata virgem da região.

A estimativa da divergência genética na cultura do guaranazeiro apresenta duas vantagens, segundo Nascimento Filho et al. (1992): a identificação de progenitores com máxima divergência genética, destinados a cruzamentos; e a identificação de progenitores produtivos com máxima similaridade genética, destinados à propagação vegetativa.

Os resultados obtidos indicam que, para se obterem populações segregantes com possibilidades de superioridade sobre os pais a partir de cruzamentos biparentais, os clones mais produtivos de cada grupo deveriam ser inter cruzados. Entretanto, o fato de dois genitores serem divergentes não implica supe-

Tabela 1. Médias de comprimento do ramo principal (CRP), em cm, número de ramos (NR) e número de folhas (NF), aos 12 meses de idade, e produção de sementes torradas (PROD), em kg/planta, de 148 clones de guaranazeiro.

Clone ⁽¹⁾	CPR	NR	NF	PROD	Clone	CPR	NR	NF	PROD	Clone	CPR	NR	NF	PROD
CMA183	93,80	9,10	24,40	0,60	CMU259	80,60	8,90	30,90	0,55	CMU625	96,40	6,40	21,90	0,74
CMA189	64,80	6,00	24,00	1,16	CMU263	67,30	3,80	16,80	0,89	CMU627	128,00	6,10	35,60	0,66
CMA190	32,00	4,40	13,70	0,44	CMU268	57,00	3,90	15,40	0,62	CMU628	129,41	5,00	23,00	0,86
CMA191	17,50	2,90	11,50	0,62	CMU300	39,00	4,13	14,00	1,06	CMU629	110,10	8,20	30,80	0,70
CIR196	99,20	6,00	25,00	1,12	CMU375	57,60	4,60	24,70	0,87	CMU631	119,37	5,00	28,00	1,00
CIR201	52,20	5,50	15,40	0,79	CMU376	57,00	5,97	24,30	0,13	CMA639	89,70	3,40	21,30	0,71
CIR202	13,30	3,40	16,00	0,89	CMU377	53,40	4,30	12,20	0,94	CMU687	14,60	1,60	3,80	0,35
CIR203	52,50	2,70	17,00	0,54	CMU378	56,10	5,50	22,20	0,41	CMU690	90,30	4,40	28,20	0,51
CIR212	82,40	7,40	31,90	0,32	CMU379	52,60	4,10	14,90	0,37	CMU691	105,10	5,10	44,41	0,60
CIR213	65,10	2,90	17,70	0,40	CMU380	75,50	6,00	27,00	1,06	CMU692	115,30	7,60	38,60	0,38
CIR215	95,60	5,00	20,00	1,51	CMU381	55,30	6,00	20,00	1,47	CMU693	60,10	4,40	22,10	0,27
CIR217	82,10	4,00	25,00	1,14	CMU382	33,40	3,90	11,40	0,25	CMU696	39,70	2,60	9,12	0,46
CIR220	97,80	7,50	34,50	0,44	CMU383	55,80	6,60	24,80	0,44	CMU697	48,80	4,80	19,20	0,35
CMA222	143,00	8,77	41,00	1,10	CMU384	64,90	5,50	22,20	0,24	CMU698	36,70	4,30	23,10	0,75
CMA223	89,40	8,00	24,00	1,30	CMU385	135,70	6,00	35,00	1,33	CMU703	77,50	4,70	26,10	0,33
CMA224	130,88	10,00	48,00	1,04	CMU387	39,40	6,00	16,30	0,84	CMU706	63,40	3,20	17,50	0,65
CMA225	153,63	11,00	54,00	1,28	CMU388	63,10	6,00	20,00	1,02	CMU707	42,60	4,60	16,20	0,27
CMA227	173,31	10,00	54,00	1,54	CMU389	61,70	4,00	15,00	1,53	CMU708	44,30	2,90	14,40	0,74
CMA228	147,76	11,00	54,00	1,17	CMU390	34,80	3,50	9,90	0,80	CMU711	63,70	4,10	16,30	0,48
CMA229	124,40	8,40	31,10	1,20	CMU391	67,50	6,20	20,50	0,35	CMU714	84,10	5,50	31,20	0,40
CMA242	99,40	14,40	32,90	0,60	CMU393	61,80	6,70	24,80	0,27	CMU717	103,30	6,10	31,60	0,37
CMA247	157,20	14,00	85,00	1,53	CMU394	47,70	3,60	18,50	0,44	CMU718	58,70	4,10	19,80	0,32
CMA274	130,50	10,00	42,00	1,16	CMU396	50,30	4,60	17,40	0,61	CMU719	77,60	3,10	11,40	0,34
CMA276	137,14	11,00	48,00	1,17	CMU397	61,10	6,32	26,30	0,95	CMU722	23,90	4,40	13,60	1,10
CMA280	84,40	8,40	22,60	0,54	CMU399	41,00	7,50	22,30	0,17	CMU723	102,80	5,10	39,30	0,55
CMA285	116,70	5,20	24,40	0,48	CMU501	66,50	4,50	23,90	0,33	CMU725	79,80	4,30	24,40	0,66
CMA286	32,20	4,20	14,80	0,55	CMU502	54,60	2,80	10,60	1,00	CMU726	41,50	3,80	11,30	0,49
CMA287	109,30	8,50	31,20	0,26	CMU503	35,90	3,50	13,10	0,53	CMU798	51,80	4,50	18,00	0,47
CMA347	84,00	4,80	17,50	0,78	CMU504	30,00	2,90	9,80	0,60	CMU801	63,60	5,20	20,60	0,25
CMA348	112,10	5,80	32,20	0,44	CMU505	65,50	2,88	11,00	0,98	CMA846	60,40	10,10	45,40	1,07
CMA349	86,80	6,30	28,10	0,57	CMU601	97,60	4,80	23,20	1,03	CMA850	63,20	6,80	29,20	1,62
CMA350	99,70	7,50	27,40	0,77	CMU605	84,90	5,00	19,00	1,17	CMU860	55,40	3,60	17,70	0,16
CMA351	35,80	3,90	11,80	0,43	CMU607	58,00	3,00	13,00	0,85	CMU861	69,60	4,40	24,90	0,61
CMA358	74,00	7,00	21,30	1,28	CMU608	121,00	7,00	33,00	2,04	CMU862	82,17	5,60	21,20	0,72
CMA366	115,70	7,40	30,90	0,57	CMU609	126,00	3,75	24,00	1,28	CMU868	45,40	3,00	15,50	0,23
CMA367	52,50	13,70	12,80	0,24	CMU610	89,12	4,00	16,10	1,26	CMU871	119,30	3,60	28,60	1,55
CMA368	72,10	9,60	27,30	0,59	CMU611	133,30	13,00	47,00	1,22	CMU874	83,40	5,70	28,10	0,41
CMA369	66,30	8,20	31,60	0,62	CMU612	92,00	8,00	26,00	1,62	CMU877	101,20	4,60	22,40	0,65
CMA370	58,40	7,70	29,30	0,85	CMU613	117,00	10,00	38,00	1,28	CMU879	48,20	3,90	13,70	0,29
CMA371	96,30	9,10	42,30	0,80	CMU614	76,60	5,70	23,30	0,91	CMU880	79,50	7,00	30,60	0,39
CMA372	38,30	4,10	9,60	1,05	CMU615	98,50	7,00	18,00	1,04	CMU881	33,30	2,80	8,70	0,17
CMA374	82,70	9,20	39,90	0,59	CMU616	157,20	5,00	20,00	1,00	CMU882	68,80	2,60	10,50	0,91
CMA426	98,90	7,90	26,30	1,30	CMU617	89,80	4,00	24,00	1,13	CMU886	42,60	3,80	14,40	0,23
CMA427	82,10	4,70	21,30	0,56	CMU618	64,10	3,12	10,19	1,10	CMU888	57,80	5,40	19,00	0,49
CMA431	112,50	10,30	46,30	0,50	CMU619	147,80	5,00	41,00	1,00	CMU897	70,70	5,60	18,70	0,44
CMA433	107,50	7,00	36,10	0,47	CMU620	133,60	7,00	27,00	1,00	CMU900	82,00	3,40	19,80	0,39
CMA436	80,80	5,40	21,70	0,33	CMU621	83,10	7,50	22,10	0,70	CIR849	75,10	5,50	55,50	0,53
CMA437	89,40	5,10	20,40	0,46	CMU622	74,00	6,50	18,90	0,88	CIR903	49,75	6,80	27,90	0,48
CMA514	76,00	3,60	16,70	0,54	CMU623	57,34	7,00	20,00	1,03					
CMU174	64,80	7,70	18,30	0,29	CMU624	73,60	7,00	27,00	1,00					

⁽¹⁾CMU: Clones procedentes de Maués; CMA: Clones procedentes de Manaus; CIR: Clones procedentes de Iranduba.

rioridade de seus híbridos, conforme Ferreira (1993), em milho. Por outro lado, Oliveira (1995) relata que a média de uma população segregante depende da frequência dos locos fixados com alelos favoráveis, e da frequência de locos em heterozigose. Quando os genitores utilizados são adaptados, a frequência de locos favoráveis é alta.

Os clones utilizados são materiais com alta frequência de locos em heterozigose, porém não se pode afirmar que exista alta frequência de locos com alelos favoráveis fixados, pois a clonagem foi realizada em plantas-matrizes cuja população não tinha sido melhorada, e que a expressão fenotípica poderia estar sendo grandemente influenciada pelo ambiente. Entretanto, a formação de populações segregantes, a partir de cruzamentos biparentais ou múltiplos, entre os melhores clones de cada grupo, aumentaria a probabilidade de surgimento de combinações híbridas superiores.

Em relação à propagação vegetativa, principalmente os clones geneticamente mais próximos, como é o caso dos clones CMU384 e CMU801, poderiam ser utilizados para formação de uma população com desenvolvimento vegetativo uniforme e de base ge-

nética não restrita a uma única fonte, ou seja, um “pool” clonal, para plantio em condições comerciais.

Existe variabilidade genética entre os grupos formados pelo método de Tocher, nas quatro características consideradas na avaliação (Tabela 4). Portanto, existe possibilidade de ganhos com a seleção de progênies provenientes de cruzamentos entre clones de grupos distintos.

O dendrograma formado pelo método do vizinho mais próximo, a partir das distâncias genéticas entre os grupos, permite visualizar que os grupos 1, 4 e 5 são muito próximos, e podem ser considerados como um único grupo (Figura 1).

Tabela 4. Resumo das análises de variância dos caracteres comprimento do ramo principal (CRP), em cm, número de ramos (NR), e número de folhas (NF), aos 12 meses de idade, e produção de sementes torradas (PROD), em kg/planta.

Fonte de variação	GL	Quadrados médios			
		CRP	NR	NF	PROD
Entre grupos	6	9,6188**	12,3780**	14,1897**	6,4708**
Dentro de grupos	141	0,6332	0,5158	0,4387	0,7672
CV (%)		33,27	30,18	31,29	45,59

**Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 2. Resumo das estimativas das distâncias genéticas, com base na distância euclidiana média padronizada, entre 148 clones de guaranazeiro, para os caracteres comprimento do ramo principal (CRP), em cm, número de ramos (NR) e número de folhas (NF), aos 12 meses de idade, e produção de sementes torradas (PROD), em kg/planta.

Distância genética	Estimativa	Clone
Máxima	5,06660	CMA247 e CMU687
Mínima	0,09503	CMU384 e CMU801
Soma das estimativas	13657,51855	
Soma de quadrados das estimativas	21756,05078	
Média das estimativas	1,25552	

Tabela 3. Grupos de progenitores estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média padronizada.

Grupo	Progenitores
1	Demais clones
2	CMA225, CMA228, CMA276, CMA224, CMA274, CMA222, CMU613, CMU611, CMA227, CMA431, CMU385, CMU619, CMA846, CMU812 e CMU608
3	CMU616 e CMU871
4	CMA242 e CMA367
5	CIR849
6	CMU687
7	CMA247

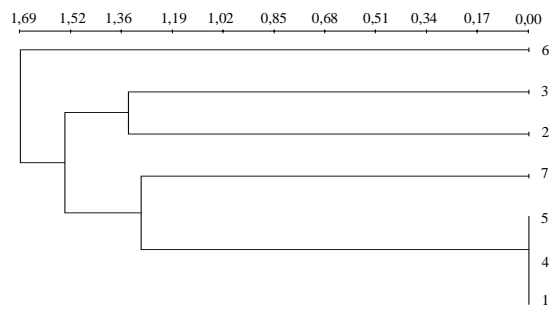


Figura 1. Dendrograma de distâncias genéticas entre grupos de clones de guaranazeiro obtido pelo método do vizinho mais próximo. Grupo 1: Demais clones; Grupo 2: CMA225, CMA228, CMA276, CMA224, CMA274, CMA222, CMU613, CMU611, CMA227, CMA431, CMU385, CMU619, CMA846, CMU812 e CMU608; Grupo 3: CMU616 e CMU871; Grupo 4: CMA242 e CMA367; Grupo 5: CIR849; Grupo 6: CMU687; Grupo 7: CMA247.

Conclusões

1. A divergência genética dos clones atualmente em uso no programa de melhoramento genético do guaranazeiro da Embrapa-Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental não é grande.

2. A formação de populações segregantes, a partir de cruzamentos biparentais ou múltiplos, entre os clones mais produtivos de cada grupo, aumenta a probabilidade de surgimento de combinações híbridas superiores.

3. Os clones CMU384 e CMU801 são os mais próximos, geneticamente, e podem ser utilizados na formação de uma população com desenvolvimento vegetativo uniforme para uso em plantios comerciais.

Referências

- BOLETIM AGROMETEOROLÓGICO. Manaus : Embrapa-CPAA, 1998. 23 p.
- CAVALCANTE, P. B. O guaraná (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*) em estado provavelmente espontâneo, no planalto de Santarém, Pará. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi**, Belém, n. 26, p. 1-5, jan. 1967.
- CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba : ESALQ, 1990. 188 p. Tese de Doutorado.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa : UFV, 1997. 442 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa : UFV, 1997. 390 p.
- DUCKE, A. Diversidade dos guaranás. **Rodriguésia**, Rio de Janeiro, v. 3, n. 10, p. 155-156, 1937.
- FERREIRA, D. F. **Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos**. Lavras : UFLA, 1993. 72 p. Dissertação de Mestrado.
- MACHADO, C. F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão**. Lavras : UFLA, 1999. 118 p. Dissertação de Mestrado.
- MURTY, B. R.; ARUNACHALAM, V. The nature of genetic divergence in relation to breeding system in crop plants. **Indian Journal of Genetics**, New Delhi, v. 26, p. 188-189, 1966.
- NASCIMENTO FILHO, F. J. do; CRUZ, C. D.; GARCIA, T. B. Divergência genética em plantas jovens de guaranazeiro e possibilidades de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 27, n. 12, p. 1571-1577, dez. 1992.
- OLIVEIRA, L. B. **Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro**. Lavras : UFLA, 1995. 60 p. Dissertação de Mestrado.
- UPADHYAY, M. K.; MURTY, B. R. Genetic divergence in relation to geographical distribution in pearl millet. **Indian Journal of Genetics**, New Delhi, v. 30, p. 704-715, 1970.