



Divergência Genética em uma População de Melhoramento de Cajueiro



**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Agroindústria Tropical
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

**BOLETIM DE PESQUISA
E DESENVOLVIMENTO
230**

**Divergência Genética em uma População
de Melhoramento de Cajueiro**

Dheyne Silva Melo
Maria Clideana Cabral Maia
Francisco das Chagas Vidal Neto
Levi de Moura Barros
Cosme Damião Cruz
Luís Cláudio de Oliveira
Lúcio Borges de Araújo
Luciano Macedo Medina

Embrapa Agroindústria Tropical
Fortaleza, CE
2022

Unidade responsável pelo conteúdo e edição:

Embrapa Agroindústria Tropical
Rua Dra. Sara Mesquita 2270, Pici
CEP 60511-110 Fortaleza, CE
Fone: (85) 3391-7100
Fax: (85) 3391-7109
www.embrapa.br/agroindustria-tropical
www.embrapa.br/fale-conosco

Comitê Local de Publicações
da Embrapa Agroindústria Tropical

Presidente
Antônio Genésio Vasconcelos Neto

Secretária-executiva
Celli Rodrigues Muniz

Secretária-administrativa
Eveline de Castro Menezes

Membros
Afrânio Arley Teles Montenegro, Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho, Christiana de Fátima Bruce da Silva, Francisco Nelsieudes Sombra Oliveira, José Roberto Vieira Júnior, Laura Maria Bruno, Roselayne Ferro Furtado, Sandra Maria Morais Rodrigues

Revisão de texto
José Cesamildo Cruz Magalhães

Normalização bibliográfica
Rita de Cassia Costa Cid

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
José Cesamildo Cruz Magalhães

Foto da capa
Francisco das Chagas Vidal Neto

1ª edição
On-line (2022)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Agroindústria Tropical

Divergência genética em uma população de melhoramento de cajueiro / Maria Clideana Cabral Maia... [et al.].
– Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2022.

17 p. : il. ; 16 cm x 22 cm – (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Agroindústria Tropical, ISSN 1679-6543; 230).

Publicação disponibilizada on-line no formato PDF.

1. *Anacardium occidentale*. 2. Análise de agrupamento. 3. Melhoramento genético. I. Melo, Dheyne Silva. II. Maia, Maria Clideana Cabral. III. Vidal Neto, Francisco das Chagas. IV. Barros, Levi de Moura. V. Cruz, Cosme Damião. VI. Oliveira, Luís Cláudio de. VII. Araújo, Lúcio Borges de. VIII. Medina, Luciano Macedo. IX. Série.

CDD 634.573

Sumário

Resumo.....	4
Abstract.....	6
Introdução.....	7
Material e Métodos.....	8
Resultados e Discussão.....	10
Conclusões.....	14
Agradecimentos.....	15
Referências.....	15

Divergência Genética em uma População de Melhoramento de Cajueiro

Dheyne Silva Melo¹

Maria Clideana Cabral Maia²

Francisco das Chagas Vidal Neto³

Levi de Moura Barros⁴

Cosme Damião Cruz⁵

Luís Cláudio de Oliveira⁶

Lúcio Borges de Araújo⁷

Luciano Macedo Medina⁸

Resumo - A seleção de genitores com ampla dissimilaridade genética é condição fundamental para obtenção de híbridos com maiores efeitos heteróticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética de progênes de cajueiro-comum, pertencentes à população de melhoramento de meios-irmãos, e identificar grupos superiores e dissimilares para as variáveis agrônomicas. Uma população segregante de polinização aberta do programa de melhoramento genético do cajueiro-comum da Embrapa Agroindústria Tropical, constituída por 49 diferentes progênes, representadas por oito indivíduos de meios-irmãos, foi avaliada considerando-se cinco safras consecutivas. Foram avaliadas as seguintes variáveis: produtividade de castanha; massa média da castanha; e reação à traça-das-castanhas e ao oídio. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados, com duas repetições e quatro plantas por parcela. Foi empregado o método

¹ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

² Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor da Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa, MG

⁶ Engenheiro Florestal, mestre em Ciências de Florestas Tropicais, pesquisador da Embrapa Acre, Rio Branco, AC

⁷ Matemático, doutor em Ciências Exatas, Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, MG

⁸ Engenheiro Florestal, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Paraná, PR

da ligação média não ponderada (do inglês: *Unweighted Pair-group Method with Arithmetic Average*, UPGMA), que tem sido empregado com frequência em estudos de divergência genética. A seleção de apenas dois indivíduos em cada progênie dos grupos mais divergentes, ou seja, III e V, possibilitará a obtenção de sessenta cruzamentos, considerando-se todas as combinações possíveis. A maioria das famílias (51%) encontra-se reunida dentro do grupo II, o que denota uma base genética relativamente restrita, a despeito da população experimental apresentar ampla divergência genética quando da sua alocação em cinco grupos geneticamente distintos.

Termos para indexação: *Anacardium occidentale* L., análise de agrupamento, melhoramento genético.

Genetic Divergence in a Cashew Breeding Population

Abstract - The selection of parents with wide genetic dissimilarity is a fundamental condition to obtain hybrids with higher heterotic effects. This work had the objective to evaluate the genetic divergence among progenies of the cashew-tree belonging of the half-sibs improvement population and to identify superiors and dissimilar groups for the studied agronomics variables. A segregant population with open pollination from the Embrapa Tropical Agroindustry's program of genetic improvement of cashew tree formed of 49 different progenies represented for eight plants of half sibs was evaluated considered five consecutives crops. Were evaluated the following variables: productivity of nut, mean weight of nut, reaction to cashew nut-moth and powdery mildew. The experimental design used was randomized blocks with two repetitions and four plants per plot. The clustering method used was the UPGMA (Unweighted Pair-group Method with Arithmetic Average), that has been frequently used in studies of genetic divergence. The selection of just two progenies in each family's groups more divergent, that is III and V groups will allow to obtain sixty crosses considering all possible combinations. Most families (51%) are in group II and this indicate a genetic base relatively restrict despite the population meet with a wide genetic divergence when allocated to five genetically distinct groups.

Index terms: *Anacardium occidentale* L., cluster analysis, genetic breeding.

Introdução

O agronegócio caju é uma atividade de grande importância para a região Nordeste, que respondeu por 99,4% da castanha produzida no Brasil na safra do ano de 2020 (IBGE, 2022). A manutenção dessa atividade depende, essencialmente, da disponibilidade de cultivares comerciais para o plantio, associada a um sistema de produção adaptado às diversas condições de cultivo. Nesse aspecto, o melhoramento genético tem desempenhado papel fundamental, a partir do lançamento dos primeiros clones de cajueiro-anão, tornando possível o cultivo do cajueiro em bases tecnológicas e viabilizando o aproveitamento do pseudofruto. A partir de 2007, foi lançado o primeiro clone de cajueiro-comum melhorado (Paiva et al., 2008).

A expansão das áreas cultivadas, entretanto, passou a demandar clones de cajueiro adaptados a novos ambientes, com elevado potencial produtivo e boas características de pedúnculo e castanha. Conseqüentemente, essa busca vem exigindo do programa de melhoramento a ampliação da base genética das populações de melhoramento. Inicialmente, essas populações eram derivadas de cruzamentos entre um pequeno número de indivíduos introduzidos, o que poderia resultar em risco de vulnerabilidade genética (Paiva et al., 2009).

Assim, essa utilização de uma fração reduzida do germoplasma é comum nos programas de melhoramento das culturas em geral, exigindo o aporte de variabilidade genética adicional nas populações de melhoramento ao longo do tempo (Brondani et al., 2003).

O estreitamento da base genética é um fator indesejável, inerente ao processo de domesticação e seleção artificial impostos pelo homem. Esse estreitamento da base genética precisa ser monitorado em programas de melhoramento por limitar a obtenção de ganhos genéticos e, conseqüentemente, a capacidade de desenvolvimento de novas cultivares.

A mitigação desse problema pode ser obtida pela ampliação significativa do nível de divergência genética nas populações de melhoramento. Isso pode ser obtido por meio de um esquema de cruzamentos planejados envolvendo parentais geneticamente divergentes e com boas características agrônômicas, simultaneamente. A diversidade proveniente da ampliação da base genética permitirá o surgimento de novas combinações alélicas e adaptações a

ambientes específicos, podendo proporcionar, por exemplo, uma redução da vulnerabilidade a doenças e pragas, além de maior estabilidade da produção (Brondani et al., 2003).

Nesse sentido, o conhecimento da distância genética entre os genitores representa uma informação muito importante no planejamento de cruzamentos para a geração de populações de melhoramento, e, desse modo, possibilita a variabilidade necessária à seleção de genótipos superiores (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2003).

A divergência genética pode ser estimada em relação a várias características, simultaneamente, por meio da utilização de medidas de dissimilaridade (Cruz; Carneiro, 2003). Uma forma prática e eficiente de se obter essas medidas é por meio da análise de agrupamentos (ou análise de *cluster*). A análise de agrupamentos tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos (Johnson; Wichern, 1998; Cruz; Regazzi, 2001).

O método UPGMA tem sido amplamente utilizado em estudos de diversidade genética. Ele tem como principal característica considerar as médias aritméticas das medidas de distâncias, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados (Cruz; Carneiro, 2006).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética de progênies de cajueiro-comum, pertencentes a uma população de melhoramento de meios-irmãos, e identificar grupos superiores e dissimilares para as variáveis agrônomicas de produtividade e massa de castanhas e reação à traça-das-castanhas e ao oídio durante 5 safras consecutivas.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Pacajus, pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, localizado no município de Pacajus, CE, nas coordenadas geográficas 4°10'22" de latitude Sul e 38°27'39" de longitude Oeste, e 60 m de altitude. O solo da área experimental é um Podzólico Vermelho Amarelo Tb Eutrófico A fraco, com textura arenosa

média. Segundo a classificação climática de Thornthwaite, o clima é do tipo seco/subúmido, apresentando valores médios anuais de precipitação pluvial em torno de 1.100 milímetros (mm) e temperatura de 26,5 °C.

Uma população segregante de polinização aberta, do programa de melhoramento genético do cajueiro-comum da Embrapa Agroindústria Tropical, constituída por 49 diferentes progênies, representadas por oito indivíduos de meios-irmãos, foi avaliada considerando-se cinco safras consecutivas, de 2010 a 2014.

As progênies foram obtidas a partir da coleta de sementes de plantas matrizes selecionadas fenotipicamente em áreas de produção comercial (plantios segregantes), nos municípios de Beberibe e Cruz (CE), Serra do Mel (RN), Araguaína (TO) e Belém (PA), com o objetivo de ampliar a base genética do programa de melhoramento. Os principais caracteres utilizados na seleção estão relacionados à produção (produtividade e massa de castanhas).

O delineamento experimental foi o de blocos completos (dois blocos), com 49 progênies representadas por quatro plantas por parcela, sendo avaliados os caracteres: produtividade da castanha (PROD, kg/ha); massa média de castanha (MMC, g), representado pela massa de uma amostra aleatória de 100 castanhas coletadas de cada planta; reação à traça-das-castanhas a partir da porcentagem de castanhas furadas, em uma amostra aleatória de 100 castanhas (PCF, %); e reação ao oídio, estimada por meio de uma escala de notas em ordem crescente de severidade (Soídio: 0 - 4), conforme Melo et al. (2018). Esses quatro caracteres foram avaliados durante cinco safras consecutivas, de 2010 a 2014. O controle de pragas e doenças não foi empregado no experimento, possibilitando o livre ataque aos genótipos (Melo et al., 2018). Foi considerada uma área experimental com histórico de infestação natural desses problemas fitossanitários.

Para a análise de agrupamento, utilizou-se o método UPGMA (Cruz; Carneiro, 2006), sendo o número de grupos nos métodos hierárquicos determinados pelo método de Mojena (1977), com base no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma. A proposta de Mojema é selecionar o número de grupos no passo j que primeiramente satisfizer a inequação: $\alpha_j > \theta_k$,

em que α_j : valor da distância do nível de fusão correspondente ao passo j ($j = 1, 2, \dots, n$); θ_k : valor referencial de corte, dado por $\theta_k = \bar{\alpha} + k\hat{\sigma}_\alpha$; $\bar{\alpha}$: média dos valores de α ; $\hat{\sigma}_\alpha$: desvio padrão dos valores de α ; e k é uma constante, cujo valor adotado, conforme Milligan e Cooper (1985), é de $k = 1,25$ para a definição do número ótimo de grupos.

Esses agrupamentos foram obtidos com a utilização do software *R Development Core Team* (2021), fazendo uso das funções *princomp* e *biplot*, disponíveis no pacote *stats*.

Resultados e Discussão

A caracterização genética ou fenotípica de populações, de quaisquer espécies, é própria e intransferível para outras populações da mesma espécie ou de espécies similares, mesmo que estas sejam botanicamente relacionadas e pertençam ao mesmo bioma ou mesma formação vegetal (Maia et al., 2018; 2019; 2020; Pinheiro et al., 2019).

Isso significa que, mesmo tratando-se da mesma espécie e abordagem matemática, os resultados de estudos de natureza genética são específicos para as populações e ambientes avaliados. Isso ocorre porque eles refletem a manifestação de genes particulares e sua interação com as variáveis edafoclimáticas do ambiente no qual encontram-se inseridas, as quais influenciam no grau de herdabilidade de suas variáveis (Maia et al., 2018; 2019; 2020; Pinheiro et al., 2019).

No entanto, comparações genéticas podem ser justificadas quando as análises comparativas recaem sobre variáveis monogênicas ou controladas por poucos genes (oligogênicas) com um gene maior, que sofrem pequena influência do ambiente externo.

Contudo, feitas restrições e guardadas as devidas ressalvas, comparações podem ser feitas se as avaliações forem realizadas considerando-se tratamentos comuns. Assim, este trabalho não se reportou comparativamente aos resultados obtidos a partir de populações diversas, cultivadas em outros ambientes, mas apenas à população avaliada no experimento.

Utilizando-se o método de ligação média entre grupos (UPGMA) com distância euclidiana média, ao nível de famílias de genitores, foi possível

identificar o ponto de corte (pelo método de Mojema) no dendrograma (Figura 1) e dividir as progênies em cinco grupos.

As cultivares reunidas em grupos mais distantes podem ser consideradas como promissoras em novas hibridações para a formação de novas populações descendentes. Contudo, é necessário que os genitores associem média elevada de produtividade e variabilidade para os caracteres que desejam ser melhorados (Benin et al., 2002).

Na Figura 1, observa-se a composição de cada *cluster*, sendo que o grupo I é formado por quatro progênies, o grupo II por 25 progênies, o grupo III por três progênies, o grupo IV por sete progênies e o grupo V foi constituído por 10 progênies. As progênies que fazem parte do mesmo grupo heterótico apresentam similaridade genética entre si.

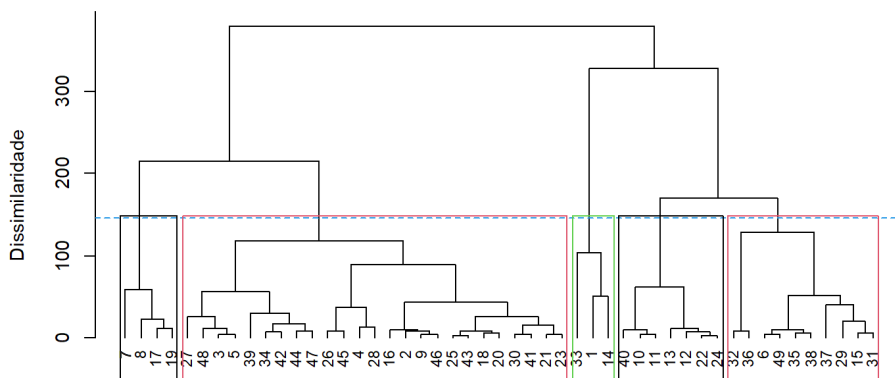


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 49 progênies de meios-irmãos de cajueiro-comum, obtido pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana.

Elevada segregação genética é buscada nos sucessivos ciclos de seleção recorrente no programa de melhoramento genético do cajueiro-comum, de forma a se ampliar a variabilidade para se proceder à seleção. Contudo, a maioria das progênies encontrou-se alocada dentro do grupo II, o que denota uma base genética relativamente restrita (51%), a despeito da população apresentar ampla divergência genética quando da sua alocação em cinco grupos geneticamente distintos.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0,7228, indicando bom agrupamento dos conjuntos de dados, o que indica que podem ser interpretados com confiabilidade e que existe probabilidade de se discriminar e selecionar, com grande efeito, parentais significativamente superiores para os caracteres avaliados. O teste de Mantel apresentou p valor de 0,0010, ou seja, o CCC foi significativo.

Nota-se que essa correlação equivale à correlação de Pearson entre a matriz de similaridade original e aquela obtida após a construção do dendrograma. Assim, quanto mais próxima de 1, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos com o método UPGMA (Meyer, 2002).

Dentre os cinco grupos de dissimilaridade genética encontrados, destacaram-se, com maior potencial genético para os principais atributos considerados na pesquisa, os grupos III e V, mostrando a relativa facilidade em associá-los em descendentes heteróticos. O primeiro expressa média alta para PROD, intermediária para MMC, baixa para incidência de castanha furada (PCF) e intermediária para o ataque de oídio (Soídio). Já o grupo V mostra valores intermediários para PROD, intermediário para MMC, baixo para incidência de castanha furada e intermediário para a severidade de oídio (Soídio) (Tabela 1).

Tabela 1. Média para as variáveis agrônômicas (produtividade – PROD; massa média da castanha – MMC; porcentagem de castanha furada – PCF; e severidade de oídio – Soídio) de 49 progênies de meios-irmãos de cajueiro-comum classificadas em cinco grupos de acordo com a dissimilaridade genética.

Grupo	Variáveis			
	PROD	MMC	PCF	Soídio
1	58,18	11,35	7,02	1,82
2	273,49	9,25	4,29	2,04
3	901,96	10,82	2,82	2,26
4	474,48	9,65	6,00	2,18
5	644,05	10,22	3,79	2,24

Sabendo-se que os grupos III e V, que se mostraram superiores e ao mesmo tempo mais dissimilares para as quatro variáveis agrônômicas, são formados por três e 10 progênies, respectivamente, tem-se que a seleção de apenas dois indivíduos, em cada família, possibilitará a obtenção de sessenta blocos de cruzamentos em todas as combinações possíveis. A obtenção de 20 progênies, a partir de cada cruzamento, resultará em uma população segregante de 1.200 indivíduos a serem avaliados em experimentos com repetições.

Na estratégia para a concepção das hibridações de interesse, em que se busca maximizar o vigor de híbrido, deve-se considerar o potencial individual dos genótipos empregados como genitores e as boas amplitudes de distanciamento entre as famílias.

Por essa razão, os elementos selecionados entre e dentro dos grupos III e V representam uma excelente escolha como genitores em cruzamentos artificialmente induzidos para recombinação planejada do segundo ciclo de seleção recorrente, contribuindo para aumentar a intensidade da variabilidade genética do programa melhoramento do cajueiro-comum e reduzir os riscos de uma base genética estreita. Desse modo, as novas combinações híbridas obtidas entre esses indivíduos que contribuem com uma maior concentração de alelos favoráveis podem liberar maior amplitude de variabilidade genética e explorar a heterose, possibilitando ainda o surgimento de segregantes transgressivos desejáveis nas progênies descendentes.

O conhecimento de diferenças em constituições genéticas, dentro de grupos ou entre grupos de genótipos, tem sido de grande importância para qualquer programa de melhoramento (Cruz; Regazzi, 1997).

Dentro da população das progênies avaliadas, há heterogeneidade e divergência genética suficientes para a obtenção de uma nova geração segregante, contendo híbridos heteróticos e/ou heterobeltióticos, oriundos do intercruzamento de genótipos dissimilares.

Em programas de melhoramento avançados, como o do cajueiro-comum, a minimização de esforços dedicados à obtenção das gerações segregantes, potencialmente capazes de fornecer híbridos superiores, assume posição de destaque. Dada a importância que a quantificação da dissimilaridade genética possui no direcionamento da seleção dos cruzamentos induzidos

com genótipos superiores e distantes geneticamente, esse estudo é capaz de promover contribuições efetivas na economia de recursos.

Logicamente, considerando-se a perspectiva de um processo seletivo em longo prazo, cruzamentos entre genitores promissores intragrupo, isto é, dentro dos grupos III e V, podem resultar também na amplificação da variabilidade restrita estabelecida nos híbridos. Também são importantes os diferentes grupos formados entre os indivíduos destaques para as quatro características consideradas neste estudo.

O desempenho agrônômico e a variabilidade genética inferiores, dentro dos indivíduos representados no grupo II, tornam significativamente limitada a probabilidade de obtenção de combinações genéticas que redundem em heterose e heterobeltiose, por não se esperar estimável grau de complementação nos locos com alguma dominância (Vencovsky, 1992), considerando-se os quatro caracteres de importância econômica.

Assim, a técnica preditiva de agrupamento hierárquico de ligação média não ponderada (UPGMA) permitiu a separação das progênies em cinco grupos geneticamente díspares, podendo ser utilizada como estratégia para selecionar parentais dissimilares a serem utilizados em intercruzamentos controlados, de modo a possibilitar a recuperação de recombinantes superiores para os atributos desejados.

Conclusões

Há divergência genética favorável à seleção em relação aos caracteres agrônômicos avaliados.

Os grupos III e V são os mais divergentes e apresentaram, no cômputo geral, as melhores médias para os caracteres estudados, possuindo maior potencial genético para a realização de novos cruzamentos.

O grupo II, que abrange 51% das famílias, não apresenta potencial para seleção de genitores por denotar uma base genética relativamente restrita e baixo potencial agrônômico para PROD.

Agradecimentos

Ao professor Antônio Augusto Franco Garcia, da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), por sua contribuição na construção da informação que traz a permissividade seletiva para comparação dos resultados entre estudos genéticos no item resultados e discussão deste trabalho.

Referências

- BENIN, G.; CARVALHO, F.; ASSMANN, I.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P.; MACHIORO, V.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 8, n. 3, p. 179-184, 2002.
- BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. **Utilização de marcadores moleculares em programas de ampliação da base genética de espécies cultivadas**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2003. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 155). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/212599/1/doc155.pdf>. Acesso em: 25 abr. 2020.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2006. 406 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. de S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora Viçosa, 2004. v. 3. 480 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2001. 390 p.
- IBGE. Sistema IBGE de Recuperação Automática – **SIDRA**: Produção agrícola municipal. Brasília: DF. 2002. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>. Acesso em: 25 jan. 2022.
- JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. Madison: Prentice Hall International, 1998. 816 p.

MAIA, M. C. C.; ALMEIDA, A. da S.; ARAÚJO, L. B. de; DIAS, C. T. dos S.; OLIVEIRA L. C. de; YOKOMIZO, G. K. I.; ROSADO, R. D. S.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA, P. S. da C.; MACEDO, L. M. Principal Component and Biplot Analysis in the Agro-industrial Characteristics of *Anacardium* spp. **European Scientific Journal**, Macedônia, v. 15, n. 30, p. 21-31, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.19044/esj.2019.v15n30p21>. Acesso em: 24 set. 2020.

MAIA, M. C. C.; ARAÚJO, M. F. C.; ARAÚJO, L. B. de; DIAS, C. T. dos S.; OLIVEIRA, L. C. de; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, L. F. L.; MACEDO, L. M.; YOKOMIZO, G. K. I.; LIMA, P. S. da C. Genetic Divergence Among a Breeding Population of *Hancornia Speciosa* Gomes (Mangabeira) as Determined by Multivariate Statistical Methods. **European Scientific Journal**, Macedônia, v. 14, n. 15, p. 421-433, 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.19044/esj.2018.v14n15p421>. Acesso em: 24 set. 2020. doi: 10.19044/esj.2018.v14n15p421.

MAIA, M. C. C.; ARAÚJO, L. B. de; DIAS, C. T. dos S.; OLIVEIRA L. C. de; VASCONCELOS, L. F. L.; LIMA, P. S. da C. Early selection in a population of the mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). **Agro@ambiente on-line**, Rondônia, v. 14, p. 1-13, 2020. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v14i0.6022>. Acesso em: 24 set. 2020. doi: <http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v14i0.6022>.

MELO, D. S.; VIDAL NETO, F. C.; BARROS, L. de M.; SERRANO, L. A. L.; TEIXEIRA, A. S. **Protocolo para avaliações de plantas e de castanhas do Programa de Melhoramento Genético do Cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2018. (Embrapa Agroindústria Tropical. Comunicado Técnico, 245). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/189011/1/COT18012.pdf>. Acesso em: 24 out. 2020.

MEYER, A. S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. 106 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ/USP, Piracicaba.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 50, n. 2, p. 159-179, 1985. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF02294245>. Acesso em: 03 Oct. 2020. doi: <https://doi.org/10.1007/BF02294245>.

MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977. Disponível em: 10.1093/comjnl/20.4.359. Acesso em: 03 out. 2020. doi: <http://dx.doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>.

PAIVA, J. R.; BARROS, L. de M.; CAVALCANTI, J. J. V. Cashew (*Anacardium occidentale* L.) Breeding: a global perspective. In: JAIN, S. M.; PRYADARSHAN, P. M. (Org.). **Breeding**

plantation tree crops: tropical species. New York: Springer, 2009. p. 287-322. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-0-387-71201-7_9. Acesso em: 22 out. 2011.

PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. de M.; CRISÓSTOMO, J. R.; LIMA, A. C.; CARDOSO, J. E.; MESQUITA, A. L. M.; MOSCA, J. L. BRS 274 (BRS Jacaju): common or giant cashew clone. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 236-238, 2008.

PINHEIRO, D. S.; MAIA, M. C. C.; MOUSINHO, F. E. P.; OLIVEIRA, L. C. de; ROSADO, R. D. S.; YOKOMIZO, G. K. I. Repeatability estimation for mangaba selection using mixed models. **Agro@ambiente On-line**, Rodônia, v. 13, p. 243-255, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v13i0.5758>. Acesso em: 11 ago. 2020. doi: <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v13i0.5758>.

R Development Core Team (2021). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.



Agroindústria Tropical

CGPE 017498



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO

