



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

**PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MATRIZES E
PROGÊNIES DE MEIO IRMÃOS DE *Caryocar brasiliense* (PEQUIZEIROS)
PRODUTORES DE FRUTOS SEM E COM ESPINHOS NO ENDOCARPO POR
MARCADORES FENOTÍPICOS E MOLECULARES**

Aluno: Bruno Henrique Gomes

Orientadora: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Coorientadora: Dra. Polianna Alves Silva Dias

UBERLÂNDIA - MG

2024



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

**PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MATRIZES E
PROGÊNIES DE MEIO IRMÃOS DE *Caryocar brasiliense* (PEQUIZEIROS)
PRODUTORES DE FRUTOS SEM E COM ESPINHOS NO ENDOCARPO POR
MARCADORES FENOTÍPICOS E MOLECULARES**

Aluno: Bruno Henrique Gomes

Orientadora: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Coorientadora: Dra. Polianna Alves Silva Dias

**Tese apresentada à Universidade Federal
de Uberlândia como parte dos requisitos
para obtenção do Título de Doutor em
Genética e Bioquímica (Área Genética)**

UBERLÂNDIA - MG

2024



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

G633p
2024

Gomes, Bruno Henrique, 1991-

Parâmetros genéticos e diversidade genética em matrizes e progênes de meio irmãos de Caryocar brasiliense (pequizeiros) produtores de frutos sem e com espinhos no endocarpo por marcadores fenotípicos e moleculares [recurso eletrônico] / Bruno Henrique Gomes. - 2024.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.

Coorientadora: Polianna Alves Silva Dias.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2024.5505>

Inclui bibliografia.

Inclui ilustrações.

1. Bioquímica. 2. Genética. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Orient.). II. Dias, Polianna Alves Silva, 1988-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica. IV. Título.

CDU: 575

Rejane Maria da Silva
Bibliotecária Documentalista – CRB6/1925



SERVIÇO PÚBLICO FEDERAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

**PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MATRIZES E
PROGÊNIES DE MEIO IRMÃOS DE *Caryocar brasiliense* (PEQUIZEIROS)
PRODUTORES DE FRUTOS SEM E COM ESPINHOS NO ENDOCARPO POR
MARCADORES FENOTÍPICOS E MOLECULARES**

ALUNO: Bruno Henrique Gomes

COMISSÃO EXAMINADORA

Presidente: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientadora)

Examinadores: Dra. Terezinha Aparecida Teixeira

Dra. Alcione da Silva Arruda

Dra. Luciana Nogueira Cardoso Londe

Dra. Ana Maria Bonetti

Data da Defesa: 30 de janeiro de 2024

As sugestões da Comissão Examinadora e as Normas do PGGB para o formato da Dissertação/Tese foram contempladas

(Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira)

Epígrafe

“Há uma grandeza nesta visão da vida, com os seus vários poderes originalmente soprados em algumas formas, ou em apenas uma; e enquanto este planeta foi girando na sua órbita, obedecendo à lei fixa da gravidade, intermináveis formas, belas e admiráveis, a partir de um começo tão simples, evoluíram e continuam a evoluir.”

(Darwin, 1859, p. 490, tradução nossa)

Dedicatória

À minha mãe, Júlia (In memoriam), ao meu Pai, José, que sob muito sol, fizeram-me chegar até aqui, na sombra.

Aos meus irmãos, Igor e Isabella

À minha avó, Aparecida Maria

À minha avó, Sebastiana

Dedico!

Oferecimento



Hoje eu pensei em você com saudades e, meu coração se encheu de tristeza e fez as lágrimas transbordarem pelos meus olhos. Mas não há nenhuma novidade nisso, porque eu pensei em você ontem e anteontem e pensarei em todos os dias que virão. Sua falta aperta tanto o coração que a saudade escorre pelos olhos. Penso em você em silêncio e às vezes chego a chamar seu nome. Sua lembrança continuará viva dentro de mim, eternizada em meu coração.

Agradecimentos

O caminho trilhado na pós-graduação, em muitas situações, é uma trajetória árdua. Entretanto, nos deparamos com pessoas incríveis que nos ouvem, auxiliam ou de alguma forma fazem o nosso dia feliz. Não teria chegado até aqui sem que nenhum de vocês cruzassem o meu caminho.

Gostaria de agradecer, inicialmente, aos meus professores que tive na educação básica. Aos ensinamentos que tive durante os anos de estudos na Escola Estadual João Barbosa Porto.

Estendo, também, estes agradecimentos aos professores e técnicos do curso de bacharelado em Biotecnologia da UFU *campus* Patos de Minas. Vocês foram os grandes responsáveis pela escolha de seguir meus estudos. Foram e são exemplos de profissionais. Em especial, preciso agradecer à minha primeira *mãe científica*, com quem percorri meus primeiros passos na área de estatística: Professora Dra. Fabrícia, o meu mais sincero obrigado e gratidão pelos ensinamentos. E ao Prof. Dr. Robson que me acolheu no trabalho de conclusão de curso, no meu estágio profissionalizante e até hoje mantemos parceria na pesquisa. Muito obrigado por acreditarem e confiarem em mim.

Agradeço, também, à minha orientadora da pós-graduação, a qual tenho a satisfação de acompanhar desde o mestrado: Professora Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, obrigado pelos ensinamentos, pela confiança e pela disponibilidade de orientação.

Agradeço à Professora Dra. Polianna Dias pela coorientação, pelos ensinamentos transmitidos e pela convivência.

Agradeço, em especial, à Professora Dra. Ana Maria Bonetti, a qual tenho uma grande admiração. Abriu-me as portas do Laboratório de Genética, confiou e acreditou em mim.

Agradeço à Professora Dra. Terezinha Aparecida Teixeira pela disponibilidade e troca de conhecimentos durante a etapa de qualificação de doutorado, juntamente com a Dra. Bonetti e a Dra. Polianna.

Agradeço, ao professor Dr. Robson, pelo convite em participar de um grande projeto de pesquisa em parceria com empresa. No qual pude conhecer e aprimorar meus conhecimentos com citometria de fluxo e citogenética aplicada.

Agradeço ao Dr. Marcos Vieira de Faria pela parceria e visitas à Fazenda Água Limpa, pela companhia nos trabalhos árduos de campo, pela dedicação em realizar o trabalho e sempre disposto a ajudar.

Agradeço aos membros do Laboratório de Genética, em especial a Dra. Tamiris e a Dra. Ana Carolina pelas conversas, contribuições e ensinamentos de vivência prática na pesquisa.

Agradeço ao Sr. Célio, gerente administrativo da Fazenda Água Limpa, ao qual estendo os meus agradecimentos a todos os demais funcionários pelo apoio na manutenção da área experimental.

Agradeço aos membros do Laboratório de Citogenética, em especial a Ms. Clara e a Ms. Mariana. Sempre dispostas a ajudar, principalmente na colaboração no projeto de Citometria e citogenética.

Agradeço a Dra. Mariana Mendes, parceira de pesquisa que também gerou grandes contribuições em suas pesquisas com o pequizeiro.

Agradeço a Dra. Rafaela Marinho pelos ensinamentos em citogenética e em análises por citometria de fluxo, e pela parceria nas pesquisas desenvolvidas.

Ao Professor Dr. José Magno, pela parceria no Laboratório de Biotecnologia (Cultura de Tecidos Vegetais), no qual foi possível desenvolver pesquisas que não estão no escopo desta tese, mas que foram importantes para minha formação, principalmente pela possibilidade de orientação de alunos de iniciação científica (PIBIC-JÚNIOR). Aproveitando, agradeço a estes alunos pela paciência em aprender comigo um pouco das técnicas de biologia molecular e cultivo *in vitro* de plantas, e de como é produzido ciência nas universidades públicas.

Agradeço a banca examinadora desta tese: Dra. Terezinha Aparecida Teixeira, Dra. Alcione da Silva Arruda, Dra. Luciana Nogueira Cardoso Londe e Dra. Ana Maria Bonetti, as quais fizeram grandes contribuições para o enriquecimento do texto.

Agradeço aos colegas do HC-UFU, os quais tenho grande admiração. Em especial a minha querida Rejane, Camila, Sheila, Erica, Poliana, Eucilene e Keila.

Um agradecimento mais que especial ao Rafael Alves, que deixou de ser um colega de trabalho e se tornou um grande irmão, por quem eu tenho um imenso carinho e respeito. Agradeço aos amigos e Biotecnologistas Sarah Braga, Ana Carla Martins, Rafaella Alves, Flávio Vieira e Carolina Misawa. Nos encontramos no curso de Biotecnologia,

percorremos o longo caminho da graduação juntos, e hoje mesmo que longe, cada um trilhou (e brilhou) seu próprio caminho. Amizade é mais do que estar perto.

Agradeço aos orientadores do programa de pós-graduação em Genética e Bioquímica pelos ensinamentos transmitidos e relevantes contribuições para o desenvolvimento científico e tecnológico do Brasil.

Agradeço a Janaína, secretária do programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, pelo excelente trabalho desenvolvido e pela paciência em ajudar nas mais diversas dúvidas enfrentadas pelos alunos. Você é um exemplo de profissional. Obrigado por tudo.

Agradeço ao Sr. Paulo e a Tianinha pelas conversas e conselhos.

Agradeço a Alexandra Elbakyan, heroína dos direitos de acesso à informação científica. A ciência deve ser acessível a todos.

Agradeço a estas instituições sem as quais este título não seria possível: à Universidade Federal de Uberlândia, ao Instituto de Biotecnologia, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

Por fim, e não menos importante, agradeço ao professor e pesquisador Dr. Warwick Estevam Kerr (*In memoriam*) pela dedicação à pesquisa, em especial aos estudos iniciais com o pequi e implementação da primeira coleção de pequizeiros na UFU com a qual tive a oportunidade de pesquisar durante o mestrado e doutorado.

A construção do conhecimento científico não se faz sozinho e nem sempre de forma presencial, desta forma gostaria de agradecer os seguintes professores que com suas aulas disponibilizadas em plataformas digitais, de forma gratuita, permitiram uma melhor compreensão das análises de dados:

Prof. Alcinei Azevedo - Canal Alcinei Azevedo: Dicas e Aulas

(<https://www.youtube.com/@alcineiazevedo-dicaseaulas9398>)

Natácia E. de Lima - Entenda Genética (<https://www.youtube.com/@entendagenetica>)

Prof. Ben Dêivide - (<https://www.youtube.com/@bendeivide>)

Prof. Cosme Damião - Canal Genes News - Genética e Processamento de Dados

(<https://www.youtube.com/@GenesNews>)

Profa. Fernanda Peres - (<https://www.youtube.com/@FernandaPeres>)

Prof. Samuel Campos - (<https://www.youtube.com/@SamuelCampos009>)

Prof. Marcel Santos - (<https://www.youtube.com/@MercelSantos>)

Apoio financeiro

Este trabalho foi realizado no Laboratório de Genética, Laboratório de Citogenética, Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal e no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, do Instituto de Biotecnologia da Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Umuarama, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

Com apoio financeiro das seguintes Agências de Fomento e Instituições:

- Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)
- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)
- Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG)
- Fundação de Apoio Universitário (FAU)
- Universidade Federal de Uberlândia (UFU)

Sumário

Lista de figuras	xvi
Lista de tabelas	xix

Apresentação	24
--------------------	----

Capítulo I

O progresso científico no estudo de <i>Caryocar brasiliense</i> (Caryocaraceae: Malpighiales): uma análise cienciométrica	30
Introdução	31
Material e métodos	32
Resultados e discussão	35
Análise das publicações	35
Agrupamentos e estrutura conceitual	39
Conclusão	49
Referências	50

Capítulo II

Variabilidade genética entre matrizes de pequizeiros (<i>Caryocar brasiliense</i> Camb.) a partir de dados fenotípicos de frutos e pirênios com e sem espinhos no endocarpo	59
Introdução	60
Material e métodos	62
Área de estudo, material botânico e descritores morfológicos	62
Análise estatística	62
Resultados e discussão	63
Análise de variância e médias	63
Agrupamento e contribuição genética	68
Correlações genéticas, fenotípicas e herdabilidades	76
Conclusão	80
Referências	81

Capítulo III

Estimativas de parâmetros genéticos em progênies de meio irmãos de <i>Caryocar brasiliense</i> (Camb.) oriundas de matrizes que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo.....	88
Introdução.....	89
Material e métodos.....	90

Análise dos dados	91
Resultados	92
Discussão	101
Conclusão	104
Referências	105

Capítulo IV

Variabilidade fenotípica e divergência genética em famílias de meio irmãos de pequizeiros (<i>Caryocar brasiliense</i>) oriundos de matrizes produtoras de frutos com e sem espinhos	112
Introdução	113
Material e Métodos	115
Análises genético-estatísticas	116
Resultados	117
Discussão	128
Conclusão	131
Referências	133

Capítulo V

Dissimilaridade genética e estrutura populacional em famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> por marcadores microsatélites SSR e ISSR	134
Introdução	139
Material e métodos	141
Análise de dados	143
Coeficientes de similaridade e diversidade genética por marcadores ISSR	143
Diversidade genética por marcadores SSR	145
Estrutura populacional	146
Resultados	147
Coeficientes de similaridade e diversidade genética por marcadores ISSR	147
Diversidade genética por marcadores SSR	151
Estrutura populacional	155
Discussão	157
Conclusão	159
Referências	161
Considerações finais	169

Lista de figuras

Capítulo I

Figura 1 - Passos metodológicos utilizados para a análise bibliométrica de <i>Caryocar brasiliense</i>	33
Figura 2 - Produção científica anual sobre o tema <i>Caryocar brasiliense</i> , oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	35
Figura 3 - Produção científica dos autores mais relevantes por ano, referente ao tema <i>Caryocar brasiliense</i> , oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	37
Figura 4 - Países onde estão localizadas as instituições dos artigos publicados sobre o tema <i>Caryocar brasiliense</i> (A) e rede de colaboração entre países (B), oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	39
Figura 5. Nuvem de palavras-chave dos autores referentes ao tema <i>Caryocar brasiliense</i> , oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	40
Figura 6 - Mapeamento das palavras-chave referente às pesquisas com <i>Caryocar brasiliense</i> , oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	41
Figura 7 - Análise fatorial utilizando o método de Análise de Correspondência Múltipla, referente às pesquisas com <i>Caryocar brasiliense</i> , oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	43
Figura 8 - Evolução conceitual referente às pesquisas com <i>Caryocar brasiliense</i> , oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022, seccionados em quatro períodos.....	44
Figura 9 - Mapa temática do grau de relevância das palavras chave referente às pesquisas com <i>Caryocar brasiliense</i> , oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022, seccionados em quatro períodos.....	46

Capítulo II

Figura 1 - Dendrograma representando a dissimilaridade genética entre 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*, obtidos por diferentes métodos de agrupamento, utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada como medida de dissimilaridade.....71

Figura 2 - A: Dispersão gráfica em plano 2D de 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*.
B: Dispersão gráfica dos onze caracteres medidos em frutos de 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*.....73

Capítulo III

Figura 1 - Famílias de *Caryocar brasiliense* ranqueadas utilizando a Melhor predição linear não viesada (BLUP) 97

Capítulo IV

Figura 1 - Porcentagem de pares de genótipos em relação a classe de valores das distâncias euclidiana das 19 famílias de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo, a partir de caracteres mesurados em progênies de meio irmãos.....121

Figura 2 - Dendrograma das 19 famílias de meio irmãos maternos pequizeiro pelo método de ligação média entre grupo obtido a partir da distância euclidiana média padronizada.....124

Figura 3 - Dispersão gráfica das famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo.....126

Figura 4 - Contribuição relativa dos caracteres de crescimento para divergência genética de acordo com o critério de Singh (1981), mensurados aos 6 meses (A) e aos 18 e 24 meses (B).....127

Capítulo V

Figura 1 - Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*), construídos a partir das matrizes de distâncias genéticas obtidas pelo complemento do coeficiente de similaridade de Jaccard.....149

Figura 2 - Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre famílias de meio irmãos maternos de pequiizeiros a partir de 10 loci SSR.....	153
Figura 3 - Perfil de amplificação de marcadores SSR_cb20 (A) e ISSR_17 (B) em 20 progênies de <i>Caryocar brasiliense</i> . Eletroforese em gel de agarose 1,5%, 100 volts por 2:00 horas.....	155
Figura 4 - Distribuição de delta K (ΔK) para diferentes números de subpopulações para determinar o verdadeiro número de subpopulações (K). O pico acentuado de ΔK em K = 3 sugere três subpopulações para marcadores SSR (A) e ISSR (B)	156
Figura 5 - Estimativas da estrutura populacional para as famílias de meio irmãos maternos de pequiizeiros (<i>Caryocar brasiliense</i>) usando marcadores SSR (A) e marcadores ISSR (B). As cores azul, vermelho e verde representam grupos genéticos designados pelo Structure Harvester	156

Lista de tabelas

Capítulo I

Tabela 1 - Periódicos de maior relevância com base no número de artigos publicados referentes ao tema <i>Caryocar brasiliense</i> , oriundos de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	36
Tabela 2 - Autores de maior impacto com base no número de artigos citados sobre o tema <i>Caryocar brasiliense</i> , oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	38
Tabela 3 - Principais palavras-chave dos autores e Keywords-Plus oriundas de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.....	39

Capítulo II

Tabela 1 - Resumo da análise de variância para caracteres de frutos de <i>Caryocar brasiliense</i> com e sem espinhos no endocarpo.....	64
Tabela 2 - Médias de 20 genótipos de <i>Caryocar brasiliense</i> para caracteres fenotípicos de frutos.....	66
Tabela 3 - Medidas de dissimilaridade entre 20 genótipos de <i>Caryocar brasiliense</i> com base na distância euclidiana média padronizada.....	69
Tabela 4 - Representação dos agrupamentos pelo método de otimização de Tocher com base na distância euclidiana média padronizada, estimada a partir de onze caracteres fenotípicos de frutos dos 20 genótipos de <i>Caryocar brasiliense</i>	70
Tabela 5 - Estimativa dos autovalores associados aos componentes principais, importância relativa (%) e acumulada para os onze caracteres fenotípicos em 20 acessos de <i>Caryocar brasiliense</i>	72
Tabela 6 - Contribuição relativa dos caracteres para a divergência (Sj) entre 20 genótipos de <i>Caryocar brasiliense</i> , segundo critério de Singh (1981)	74
Tabela 7 - Estimativas dos coeficientes de correlação genético (abaixo da diagonal) e fenotípico (acima da diagonal) entre os caracteres de frutos com e sem espinhos no endocarpo.....	77

Tabela 8 - Estimativas dos valores de coeficiente de determinação genotípico para os caracteres fenotípicos de frutos com e sem espinhos no endocarpo.....	78
--	----

Capítulo III

Tabela 1 - Efeitos aleatórios e fixos do modelo misto ajustado, a partir dos caracteres avaliados, em teste de progênie de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> aos 6, 12 e 24 meses após a semeadura.....	93
Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres juvenis em progênies de <i>Caryocar brasiliense</i> avaliadas aos seis, 18 e 24 meses após a semeadura em casa de vegetação	95
Tabela 3 - Ordenação dos valores preditos via REML/BLUP avaliados em 19 famílias de meio irmãos (FMI) de <i>Caryocar brasiliense</i> , após três épocas de avaliação em casa de vegetação.....	99
Tabela 4 - Seleção das 30 melhores plantas de <i>Caryocar brasiliense</i> com base nos valores preditos para caracteres de crescimento, aos 24 meses	100

Capítulo IV

Tabela 1 - Porcentagem de germinação e sobrevivências de progênies de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> (pequizeiro) produtores de frutos sem e com espinhos no endocarpo.....	118
Tabela 2 - Resumo da análise de variância com classificação hierárquica para dados fenotípicos juvenis mensurados em progênies de <i>Caryocar brasiliense</i> (pequizeiro) aos 6, 18 e 24 meses.....	119
Tabela 3 - Valores médios dos caracteres de crescimento de plantas de <i>Caryocar brasiliense</i> (pequizeiro) em famílias de meio irmãos maternos aos 6, 18 e 24 meses.....	120
Tabela 4 - Menores e maiores distâncias euclidiana das 19 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo....	122
Tabela 5 - Agrupamento de Tocher obtido a partir da distância euclidiana em 19 famílias de <i>Caryocar brasiliense</i> (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo, a partir de caracteres mesurados em progênies de meio irmãos.....	125

Tabela 6 - Correlações genotípicas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre caracteres de fase vegetativa de progênies de pequizeiros com e sem espinhos no endocarpo, mensurados aos 6, 18 e 24 meses.....	127
---	-----

Capítulo V

Tabela 1- Sequência do iniciador Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) e temperatura de anelamento (Tm).....	141
Tabela 2 - Sequência dos iniciadores, motivos de repetição e temperatura de anelamento (Ta) para os 10 loci SSR desenvolvidos para <i>Caryocar brasiliense</i>	142
Tabela 3 - Coeficientes de similaridade utilizados para obtenção da matriz de dissimilaridade (1-s) genética entre 10 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> a partir de informações de marcadores moleculares ISSR.....	142
Tabela 4 - Correlações entre matrizes de dissimilaridade obtidas a partir da utilização dos onze coeficientes de similaridade avaliados.....	147
Tabela 5 - Coeficiente de correlação cofenético (CCC), estresse e distorção entre a matriz original de distâncias e a matriz resultante do processo de agrupamento.....	148
Tabela 6 - Matriz de dissimilaridade genética entre as 10 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> calculada com base no complemento do coeficiente de Jaccard, utilizando 83 fragmentos ISSR.....	148
Tabela 7 - Agrupamento das 10 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> pelo método de otimização de Tocher, a partir de informações moleculares ISSR.....	149
Tabela 8 - Análise de variância molecular (AMOVA) para 10 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i>	150
Tabela 9 - Frequência dos alelos, Heterozigosidade esperada e conteúdo de informação de polimorfismo em 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (<i>Caryocar brasiliense</i>)	151
Tabela 8 - Distâncias genéticas entre os pares de genótipos estimadas utilizando o complemento (1-s) do índice ponderado.....	152
Tabela 11 - Agrupamento das 18 famílias de meio irmãos maternos de <i>Caryocar brasiliense</i> pelo método de otimização de Tocher, a partir de informações moleculares SSR.....	153

Tabela 12 - Análise de variância molecular (AMOVA) das famílias de meio irmãos de <i>Caryocar brasiliense</i> , estudadas a partir de 10 marcadores de SSR.....	154
Tabela 13 - Nível de polimorfismo das 18 famílias de meio irmãos de <i>Caryocar brasiliense</i> com base nos dez loci microssatélites.....	155

Apresentação

A conservação dos recursos genéticos de espécies vegetais é de grande importância, visto que as plantas desempenham papel fundamental na produção de alimentos, medicamentos, matérias-primas, manutenção dos ecossistemas, e diversos outros serviços ecossistêmicos. Muitas espécies vegetais estão ameaçadas de extinção em razão das mudanças climáticas, degradação do habitat e exploração excessiva.

A diversidade genética é uma medida da variação genética presente em uma determinada população ou espécie. É importante quantificar, entender a natureza e a distribuição dessa diversidade, pois permite identificar indivíduos que possuem características únicas e valiosas para a conservação e melhoramento, como, por exemplo, a resistência a doenças e adaptação às condições climáticas adversas. Essas informações permitem desenvolver estratégias de conservação de germoplasma e melhoramento genético, bem como orientar o uso sustentável dos recursos naturais. Populações com baixa diversidade genética tendem a terem menores capacidades de adaptação a mudanças ambientais, levando à diminuição populacional e, a longo prazo, à extinção.

A caracterização da diversidade genética envolve a coleta de dados como os provenientes das análises por marcadores moleculares que acessam informações da sequência de DNA, e a avaliação de caracteres fenotípicos, como a altura da planta e características relacionadas aos frutos e sementes. A compreensão da diversidade genética, também, permite orientar a conservação *ex situ* (fora do ambiente natural), como a criação de bancos de germoplasmas, de sementes e jardins botânicos, além da conservação *in situ* (no ambiente natural), como a proteção de habitats e a restauração de ecossistemas degradados.

Os caracteres moleculares incluem informações sobre a sequência de DNA ou RNA da planta, como os marcadores moleculares, sequências de genes específicos ou perfis de expressão gênica. Essas informações podem ser obtidas por meio de técnicas como sequenciamento, PCR (*Polymerase Chain Reaction*) e eletroforese. Independentemente do tipo do caráter utilizado, as informações obtidas a partir das avaliações são expressas em medidas de dissimilaridade que, refletem a divergência genética no conjunto de acessos estudados. Essas avaliações podem ser estimadas por meio de diferentes métodos estatísticos, como a análise de componentes principais, de agrupamento e variância molecular.

Estudos morfológicos de frutos, sementes e outras partes da planta são comuns em programas de pré-melhoramento, bem como na caracterização da variabilidade genética entre indivíduos em uma população. A análise morfológica pode fornecer informações importantes sobre a variabilidade genética, incluindo variações na forma, tamanho e cor dos frutos e sementes, por exemplo. Além disso, é um instrumento importante para detectar a variabilidade populacional e suas relações com os fatores ambientais.

As análises multivariadas são técnicas estatísticas que, simultaneamente, analisam múltiplas medidas sobre indivíduos e são frequentemente utilizadas como ferramentas para auxiliar na estimação da diversidade genética. Permite analisar todos os descritores de um conjunto de dados de forma sinérgica considerando a relação entre eles. São úteis para agrupar genótipos similares, com o propósito de manter as maiores diferenças entre os grupos, de forma a estabelecer um coeficiente de distância genética. A escolha de uma técnica específica depende dos objetivos do estudo e das informações disponíveis. Desta forma, permite que a seleção dos descritores seja mais adequada e relevantes para estimar a dissimilaridade entre indivíduos.

Muitas espécies nativas possuem potencial econômico a ser explorado. Dentre elas tem-se o pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb. subsp. *brasiliense*), pertencente à família Caryocaraceae. É uma espécie vegetal frutífera e oleaginosa, presente no cerrado brasileiro, ocorrendo em vários estados. Pequi ou pequizeiro também é o nome comum para outras espécies do gênero: *C. coriaceum* Wittm., *C. glabrum* (Aubl.) Pers. e *C. villosum* (Aubl.) Pers.

Há alguns anos, o pesquisador Dr. Warwick Estevam Kerr (*In memoriam*), agrônomo e geneticista, pesquisador na Universidade Federal de Uberlândia (UFU), juntamente com seus colaboradores encontraram em Mato Grosso, na região de São José do Xingu, uma planta de pequizeiro um tanto quanto exótica: plantas que produziam frutos sem espinhos no endocarpo, característica desconhecida pela ciência até aquela época. Fascinado pela descoberta e pela característica inusitada, o Dr. Kerr levou para a UFU alguns exemplares de frutos e galhos, com os quais, posteriormente foram conduzidas pesquisas para produção de mudas por semente e enxertia e, análises genéticas. A partir daquele momento o professor Kerr juntamente com a professora Dra. Ana Maria Bonetti e a estudante de doutorado Luciana Londe, também do Instituto de

Genética e Bioquímica (Atual Instituto de Biotecnologia - UFU) conduziram pesquisas com análises genéticas, sendo utilizados marcadores moleculares RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) a fim de detectar as diferenças moleculares e inferir a diversidade genética entre as duas variedades, além de estudos citogenéticos.

Atualmente são cultivados no banco de germoplasma *in vivo* de pequiheiro da UFU 110 árvores adultas, que serviram de objeto de estudo para a tese da Dra. Mariana Gonçalves Mendes, a qual desenvolveu estudos de caracterização morfológica de frutos e potencial terapêutico de extratos sobre modelo biológico *Drosophila melanogaster*. Além dessas, outras 10 plantas jovens de pequiheiros mantidas desde 2017, e 100 progênes de meio irmãos maternos oriundas de 19 famílias em 2023. Estas últimas fazem parte do teste de progênes apresentados nesta tese.

Devido às diferenças morfológicas acentuadas entre os frutos das duas variedades (com e sem espinhos), acredita-se que há variabilidade genética entre os dois grupos de acessos. Diante disso objetivou-se, no presente trabalho estimar a variabilidade fenotípica e genotípica em acessos de *Caryocar brasiliense* mantidos no Banco de Germoplasma de Pequizeiros da Universidade Federal de Uberlândia e desenvolver um teste de progênes para estudos de melhoramento genético da espécie.

Os objetivos específicos da pesquisa foram:

1. Estimar a variabilidade fenotípica entre matrizes adultas produtoras de frutos com e sem espinhos no endocarpo, cultivadas no Banco de Germoplasma de Pequizeiros da Universidade Federal de Uberlândia, a partir de caracteres de frutos e pirênios;
2. Desenvolver um teste de progênes e analisar a variabilidade genética entre as famílias de meio irmãos;
3. Estimar parâmetros genéticos como suporte para melhor planejamento e condução do programa de melhoramento para a região, visando à transformação do teste de progênes em um futuro pomar de sementes por mudas;
4. Detectar a diversidade genética e estrutura populacional utilizando marcadores genéticos moleculares microssatélites SSR e ISSR nas famílias de meio irmãos maternos de pequiheiros.

Partindo da hipótese e dos objetivos a serem alcançados foram desenvolvidos estudos com o intuito de comprovar a variabilidade fenotípica e molecular entre os indivíduos, sendo distribuídas nos capítulos a seguir:

Capítulo 1: O progresso científico no estudo de *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae: Malpighiales): uma análise cienciométrica. Apresenta uma revisão do estado da arte das pesquisas como pequizeiro, bem como o resumo histórico de publicações e autorias no seu aspecto cienciométrico a fim de identificar lacunas no conhecimento onde pesquisas futuras podem ser inseridas.

Capítulo 2: Variabilidade genética entre matrizes de pequizeiros (*Caryocar brasiliense* Camb.) a partir de dados fenotípicos de frutos e pirênios com e sem espinhos no endocarpo. Dadas as diferenças físicas nos atributos mensuráveis dos frutos, aplicou-se técnicas de análises multivariadas aos dados para estimar a variabilidade genética entre plantas que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo.

Capítulo 3: Estimativas de parâmetros genéticos em progênies de meio irmãos de *Caryocar brasiliense* (Camb.) oriundas de matrizes que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo. Um teste de progênie de meio irmãos pode ser uma ferramenta valiosa para avaliar a qualidade genética de uma população e identificar os melhores indivíduos para reprodução. Neste capítulo foi avaliado os parâmetros genéticos em progênies de pequizeiros aos 6 meses, 18 meses e 24 meses de idade por meio de modelos mistos.

Capítulo 4: Variabilidade fenotípica e divergência genética em famílias de meio irmãos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*) oriundos de matrizes produtoras de frutos com e sem espinhos. A variabilidade genética pode ser estimada a partir de caracteres quantitativos quanto moleculares. Do ponto de vista quantitativo, os caracteres de crescimento são importantes para a avaliação precoce de plantas, reduzindo o tempo de seleção de indivíduos promissores, principalmente em relação ao melhoramento de plantas perenes. Neste capítulo foi avaliado a variabilidade genética

entre e dentro de famílias de meio irmãos de *C. brasiliense* a partir de caracteres mensurados no estágio juvenil, cultivadas em casa de vegetação.

Capítulo 5: **Dissimilaridade genética e estrutura populacional em famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* por marcadores microssatélites SSR e ISSR.** A informação genética de qualquer indivíduo pode ser acessada ao nível do DNA. Avaliou-se a diversidade genética em famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros com e sem espinhos utilizando marcadores moleculares microssatélites.

Capítulo I

O progresso científico no estudo de *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae: Malpighiales): uma análise cienciométrica

Bruno Henrique Gomes*¹, Marcos Vieira de Faria¹, Polianna Alves Silva Dias², Ana Paula Oliveira Nogueira¹

* Autor correspondente: b.hgomes@hotmail.com

¹Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Instituto de Biotecnologia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, Campus Umuarama – Bloco 2E – Sala 244, Avenida Amazonas esquina com a Rua Acre, S/N, Bairro Umuarama, CEP: 38405-320, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Urutaí, Rod. Geraldo Silva Nascimento, Km-2,5 - Zona Rural, CEP: 75790-000, Urutaí, Goiás, Brasil

Resumo

Pequizeiro (*Caryocar brasiliense*) é uma planta perene, nativa e amplamente distribuída pelo Cerrado brasileiro. Possui importância econômica devido à comercialização dos frutos e produtos derivados. Embora não exista uma análise bibliométrica sobre o pequizeiro, há diversos estudos abordando diferentes aspectos da espécie, mas ainda há lacunas de conhecimento a serem exploradas. Assim, este estudo teve como objetivo realizar uma análise bibliométrica para avaliar a produção científica sobre *C. brasiliense* e identificar lacunas de conhecimento para orientar pesquisas futuras. O número de estudos sobre essa espécie aumentou ao longo do tempo, refletindo o crescente interesse devido à sua importância para a conservação do Cerrado. Foram identificados 341 periódicos e 816 documentos nas bases de dados analisadas, com uma taxa de crescimento anual de 12,72%. Os termos “*Caryocar*”, “*Caryocar brasiliense*”, “Pequi” ou “Pequizeiro” apareceram pela primeira vez em publicações em 1938. Desde então, houve um aumento significativo de publicações, com pico em 2020 e 2022. As palavras-chave mais frequentes nos artigos foram analisadas em grupos temáticos. Esses grupos abordaram tópicos como diversidade genética, conservação da espécie, compostos bioativos, qualidade e armazenamento. A análise fatorial mostrou a relevância desses grupos, com destaque para os relacionados à diversidade genética e uso do pequi na produção de biodiesel, o que representa um potencial nicho de pesquisa. Constatou-se aumento no interesse e na produção científica relacionada à espécie *C. brasiliense* ao longo do tempo. Foram identificados pesquisadores, instituições e temas de destaque, fornecendo percepções importantes para a compreensão e desenvolvimento de estudos sobre essa espécie.

Palavras-chave: Pequizeiros, Pequi, Bibliometria, Cerrado, Conhecimento, Base de dados.

Introdução

A espécie *Caryocar brasiliense* conhecida popularmente como pequi, é um membro da família Caryocaraceae, nativa do Cerrado brasileiro. O pequi é uma planta perene com florescimento ocorrendo durante os meses de agosto a novembro e, maturação dos frutos no início de novembro, sendo encontrados até fevereiro (Almeida, 1998). O pequi, fruto do pequi, é oleaginoso, de tamanho heterogêneo, sendo constituído pelo pericarpo (casca externa, verde-acinzentada ou marrom-esverdeada); pelo mesocarpo externo (polpa branca) e, pelo mesocarpo interno que é oleoso e de coloração variando do amarelo claro ao alaranjado. Sob o mesocarpo interno localiza-se o endocarpo que é duro e lenhoso, dentro do qual se aloja a amêndoa branca, oleaginosa e comestível. Os espinhos podem estar presentes no endocarpo ou ausentes (Kerr, 2007; Kerr et al., 2007).

A espécie é amplamente distribuída pelo Cerrado (Collevatti et al., 2001) com ocorrência nos estados de Goiás, Distrito Federal, Tocantins, São Paulo, Pará, Mato Grosso, Minas Gerais e Paraná, e além de alguns estados do Nordeste como Piauí, Ceará e Maranhão (Lima et al., 2007). Tem considerável importância econômica devido à comercialização dos frutos e produtos derivados. Além de fonte de renda, o pequi desempenha importante papel nutricional para populações rurais nas regiões onde são produzidos (Cardoso et al., 2013; Gomes et al., 2019).

Dentre os principais compostos bioativos pode-se encontrar moléculas com propriedades antioxidantes (Machado et al., 2013; Traesel et al., 2017), como fitosteróis e tocoferóis presentes no óleo da amêndoa (Torres et al., 2016a; Torres et al., 2016b) e vários outros constituintes químicos (Aquino et al., 2009; Vila-Boas et al., 2013; Faria-Machado et al., 2015; Maia et al., 2008; Miranda-Vilela et al., 2009).

O fruto é importante fonte alimentar dentre os diversos frutos nativos do cerrado, e apresenta variabilidade do perfil químico entre as espécies de pequis e entre populações distintas (Nascimento-Silva e Naves, 2019). Diversas pesquisas demonstram atividades biológicas importantes de compostos químicos presentes em diferentes partes da planta, podendo ter grande utilidade na indústria farmacêutica, alimentícia e cosmética. Foram evidenciados efeitos anti-inflamatórios, cardioprotetores e antitumores entre outras propriedades biológicas (Brito et al., 2022; Junior et al.,

2020; Miguel et al., 2023; Moura et al., 2013; Ombredane et al., 2020; Roesler et al., 2008; Silva et al., 2020; Vale et al., 2018).

Uma forma de quantificar as informações disponíveis na literatura científica é por meio de revisões cienciométricas, cuja análise possibilita mapear temas específicos para avaliar tópicos academicamente detalhados nas bases de dados. Permite avaliar tendências de pesquisas e reunir publicações do tema em questão. A análise cienciométrica é uma importante ferramenta para compreender o desenvolvimento e as tendências de uma determinada área de pesquisa, viabilizando que pesquisadores identifiquem áreas emergentes para estudos e potenciais colaboradores para futuras pesquisas (Oliveira et al., 2019).

Embora não haja informações de análise cienciométrica sobre o pequi, é possível encontrar diversos estudos experimentais que abordam a composição química e nutricional do fruto, sua importância econômica, aspectos agrônômicos, propriedades medicinais, entre outros. No entanto existem lacunas de conhecimento sobre a espécie que precisam ser exploradas. Desta forma o objetivo do estudo foi realizar uma análise cienciométrica para descrever o estado da arte sobre *C. brasiliense* e identificar possíveis lacunas de conhecimento para orientar pesquisas futuras.

Material e métodos

O estudo cienciométrico seguiu seis etapas: (I) definição do tema para descrever o estado da arte de *C. brasiliense*; (II) seleção das bases de dados e plataformas privilegiando aquelas que oferecem as ferramentas analíticas necessárias para cálculos cienciométricos; (III) seleção de palavras-chave para preparar a coleta de dados da literatura; (IV) pesquisa bibliográfica; (V) exportação de dados; e (VI) análise de dados (Figura 1).

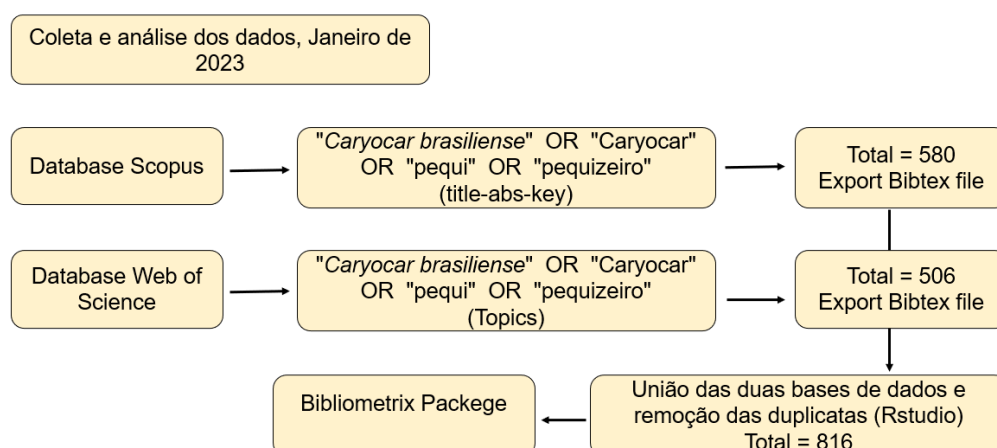


Figura 1. Passos metodológicos utilizados para a análise bibliométrica de *Caryocar brasiliense*

Os dados da produção científica foram obtidos a partir da coleção central da Scopus (<https://www.scopus.com/>) e da Web of Science (<https://webofknowledge.com/>). Os termos de busca foram “*Caryocar brasiliense*” ou “pequizeiro” ou “pequi” ou “Caryocar”. Para extrair os dados da Web of Science a busca seguiu os seguintes parâmetros: “Tópico” (título, resumo, palavras-chave dos autores e palavras-chave Plus) em 27 de julho de 2023. O tipo de pesquisa aplicada foi “busca básica” e os tipos de documentos foram filtrados para “artigo” e “revisão” para obter detalhes confiáveis e precisos sobre o tema, e exclusão de artigos publicados em 2023. Para extrair os dados na base Scopus foi: *Title-Abs-Key ("Caryocar brasiliense" Or "Caryocar" Or "pequi" Or "pequizeiro") And (Exclude (Pubyear, 2024) Or Exclude (Pubyear, 2023)) And (Limit-To (Doctype, "ar") Or LiMit-To (Doctype, "re"))*.

Foram reunidas 506 publicações na Web of Science, e 580 na Scopus, utilizando como consulta de pesquisa “*Caryocar brasiliense*” ou “pequizeiro” ou “pequi” ou “Caryocar”, abrangendo o período de 1938 a 2022. Os dados foram compilados em um único arquivo, e publicações duplicadas foram excluídas (270 publicações), sendo analisadas 816 publicações (Figura 1). Foi realizada a análise das publicações, extraindo informações do número de artigos publicados, artigos mais relevantes, autores e redes de colaboração.

Posteriormente foi realizada a análise de agrupamentos e estrutura conceitual dos dados. Para iniciar uma análise da estrutura conceitual dos documentos elencados neste

trabalho, optou-se por estudar as ocorrências das principais palavras-chaves dos autores na busca que apareceram pelo menos cinco vezes para os 816 documentos. A partir desta lista foi utilizada a técnica de visualização de dados em nuvem de palavras, que possibilita, de maneira rápida, comparar a frequência de uma palavra em relação as demais. Como resultado da nuvem de palavras, é gerada uma figura composta pelo conjunto de palavras com diferentes tamanhos de fonte, os quais são proporcionais à quantidade de vezes que a palavra aparece no texto (Dunaiski et al., 2017; Khasseh et al., 2017).

Foi realizada a análise de agrupamento hierárquico, cujo resultado foi demonstrado por meio de um dendrograma. No dendrograma, foi possível verificar o número e a formação de grupos de palavras chaves em diferentes níveis. A análise de agrupamento permitiu identificar a existência de uma estrutura nos dados das observações baseado no perfil multivariado (Hair et al., 2006).

A Análise de Correspondência Múltipla (MCA) foi utilizada para desenhar uma estrutura conceitual e identificar grupos de palavras que expressaram conceitos comuns (Aria e Cuccurullo, 2017). Foi realizada a evolução temática que auxilia na interpretação da estrutura conceitual, frequentemente usada para compreender a evolução conceitual utilizando as palavras-chave, o que permitiu dividir o tempo em diferentes períodos e comparar as estruturas conceituais sendo útil para analisar a evolução dos tópicos ao longo do tempo.

No mapa conceitual o quadrante superior direito indica tópicos bem desenvolvidos e importantes para o campo de pesquisa (temas motores). O quadrante superior esquerdo indica temas bem desenvolvidos, mas sem muitos laços externos, muito especializados, sendo considerados de importância marginal (temas nichos). Temas no quadrante inferior esquerdo são pouco desenvolvidos e marginais, indicando a possibilidade de serem temas emergentes ou em declínio. Por fim, o quadrante inferior direito engloba temas importantes, mas pouco desenvolvidos (temas básicos e gerais) (Cobo et al., 2011; Urbizagástegui-Alvarado, 2022). As análises de dados foram realizadas utilizando o software R versão 4.1.3 a interface RStudio versão 4.0.2 utilizando o pacote Bibliometrix (Aria e Cuccurullo, 2017) e a interface do Biblioshiny.

Resultados e discussão

Análise das publicações

A análise bibliométrica foi utilizada para avaliar as tendências de publicações e produção científica em estudos com a espécie *C. brasiliense*. O número de estudos durante o período de 1938 a 2022 teve um aumento exponencial a partir de 2002 (Figura 2). Este crescente interesse está diretamente relacionado com a importância da espécie para a conservação do Cerrado, bem como fonte de renda e alimentação para diversas comunidades que vivem da exploração comercial dos seus frutos.

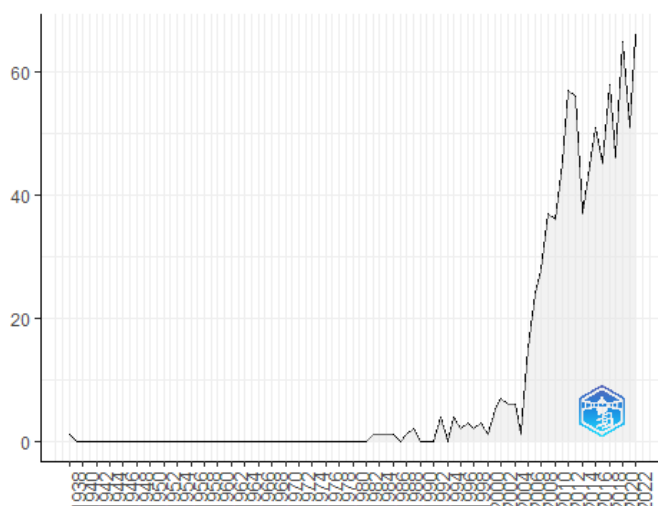


Figura 2. Produção científica anual sobre o tema *Caryocar brasiliense*, oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.

Ao analisar as bases de dados foram encontrados 341 periódicos e 816 documentos, 2096 palavras chaves de autores, 4213 Keywords-Plus, 2454 autores e coautores, e taxa de crescimento anual de 12,72%. As publicações que retornaram um dos termos de buscas previamente definidos (*Caryocar*) começaram em 1938 com o artigo *Über knieförmige Oxalatkristalle von Caryocar nuciferum L* (Frey-Wyssling e Blank, 1938). O primeiro trabalho publicado sobre *C. brasiliense* ocorreu em 1984 intitulado “*The neotropical angiosperm families Brunelliaceae and Caryocaraceae: First karyosystematical data and affinities*” (Ehrendorfer et al., 1984) no qual os autores estudaram o número cromossômico desta e de outras espécies. Em 1989 foi publicado o

primeiro trabalho sobre a composição química de uma espécie do mesmo gênero “*Composition of Lipids of Piqui (Caryocar coriaceum Wittm.) Seed and Pulp Oil*” (Dresen et al., 1989). Entre 2006 e 2022 houve ascensão mais evidente, culminando em um número máximo de publicações em 2020 (65 publicações) e 2022 (66 publicações) (Figura 2), tendo uma taxa de crescimento anual de 5,11% neste período.

O total de artigos encontrados está distribuído em 341 revistas científicas. No entanto, 10 revistas apresentaram número superior ou igual a 10 publicações, totalizando 178 artigos, o que corresponde a 21,81% (Tabela 1).

Tabela 1. Periódicos de maior relevância com base no número de artigos publicados referentes ao tema *Caryocar brasiliense*, oriundos de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022

Periódicos	Fator de Impacto (2021)	Número de publicações
Revista Brasileira de Fruticultura	1,132	45
Ciência Rural	0,901	23
Ciência e Tecnologia de Alimentos	2,602	20
Ciência e Agrotecnologia	1,390	16
Revista Árvore	----	16
Food Science and Technology	----	14
Journal of Ethnopharmacology	5,195	12
Journal of The Brazilian Chemical Society	----	11
Revista Caatinga	0,888	11
Brazilian Journal of Biology	1,651	10

Entre as revistas a que teve mais publicações foi a Revista Brasileira de Fruticultura (<https://www.scielo.br/j/rbf/>) com 45 publicações, seguida da Ciência Rural (<https://www.scielo.br/j/cr/>) com 25, e Ciência e Tecnologia de Alimentos (<https://www.scielo.br/j/cta/>) com 20 artigos. Dentre as revistas avaliadas a que apresentou o maior fator de impacto foi a Journal of Ethnopharmacology (5,195) (<https://ethnopharmacology.org/journal/>), seguida pela Ciência e Tecnologia de Alimentos (2,602) e Brazilian Journal of Biology (1,651) (<https://www.scielo.br/j/bjb/>).

Por meio da análise dos autores que publicaram sobre o tema, foram identificados os pesquisadores que se dedicaram à pesquisa com *C. brasiliense* e fizeram

contribuições importantes (Figura 3). Foram identificadas 15 publicações com única autoria, taxa de 0,33 documentos por autor, média de 5,27 coautores por documento, e média de coautorias internacionais de 6,25. Dentre os 2454 autores, a pesquisadora Collevatti R (Rosane Garcia Collevatti – UFG) se destaca como a mais relevante na presente pesquisa, com 23 artigos publicados, seguido de De-Barros (Eduardo Valério Vilas Boas de Barros - UFLA) e Fernandes G (Geraldo Wilson Fernandes – UFMG) com 18 artigos, de acordo com o recorte temporal e termos de buscas.

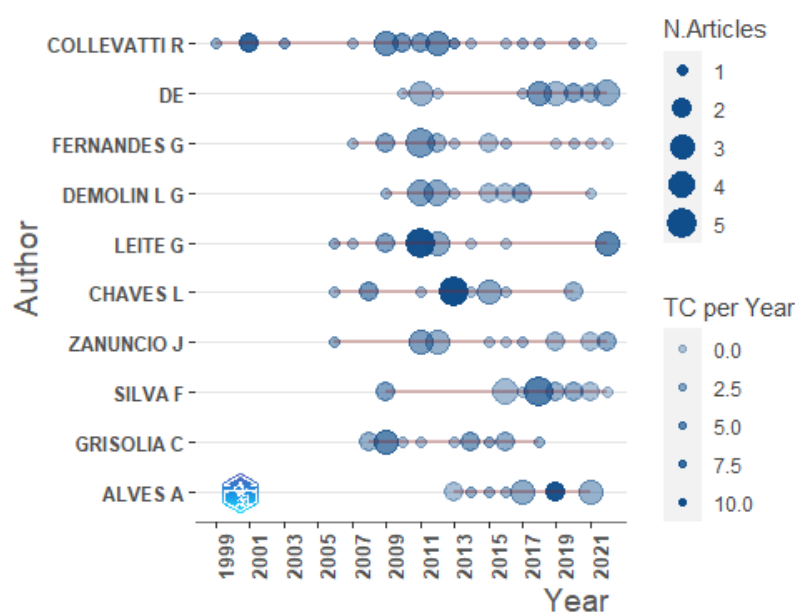


Figura 3. Produção científica dos autores mais relevantes por ano, referente ao tema *Caryocar brasiliense*, oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022. O tamanho do círculo indica o número de publicações do autor e a intensidade de cor a taxa de citação por ano.

Além dos autores que mais publicaram, podem-se obter informações das publicações que apresentaram maior número de citações (Tabela 2). Os artigos mais citados foram Cuevas E. (283 citações), Bucci SJ. (236) e Oliveira EJ. (228).

Tabela 2. Autores de maior impacto com base no número de artigos citados sobre o tema *Caryocar brasiliense*, oriundo de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022.

Autor	Instituição	DOI	TC
Cuevas E, 1988	IVIC	10.1007/BF00379956	283
Bucci SJ, 2003	University of Miami	10.1046/j.0140-7791.2003.01082.x	236
Oliveira EJ, 2006	ESALQ	10.1590/S1415-47572006000200018	228
Roesler R, 2007	UNICAMP	10.1590/S0101-20612007000100010	193
Alencar JW, 1983	UFC	10.1021/jf00120a031	162
Costa GC, 2010	UFRN	10.1007/s10531-009-9746-8	156
Abreu FR, 2004	UnB	10.1016/j.molcata.2003.08.003	141
Azevedo-Meleiro CH, 2004	UNICAMP	10.1016/j.jfca.2004.02.004	139
Oliveira PS, 1997	UNICAMP	10.1046/j.1365-2435.1997.00087.x	134
Gosling WD, 2009	IBEDA	10.1016/j.revpalbo.2008.06.007	128

DOI: Digital Object Identifier TC: Total de citações. IVIC: Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas. ESALQ: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. UNICAMP: Universidade Estadual de Campinas. UFC: Universidade Federal do Ceará. UFRN: Universidade Federal do Rio Grande do Norte. UnB: Universidade de Brasília. IBEDA: Institute for Biodiversity and Ecosystem Dynamics – Amsterdam

Em relação a rede de colaboração nos 816 documentos, o Brasil apresentou maior número de publicações (693), sendo que 31 deles foram publicações múltiplas (MCP), ou seja, em parcerias com instituições de outros países. Em seguida os Estados Unidos com 17 documentos (Figura 4a). A Figura 4b representa a rede de colaboração que, quanto maior a quantidade de colaboração entre dois determinados países maior a espessura da linha que os conecta.

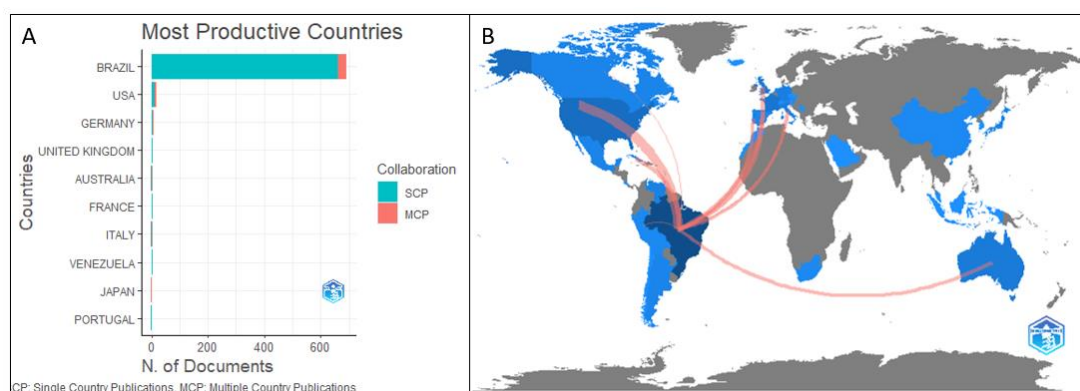


Figura 4. Países onde estão localizadas as instituições dos artigos publicados sobre o tema *Caryocar brasiliense* (A) e rede de colaboração entres países (B), oriundo de dados compilados da plataforma *Web of Science e Scopus* de 1938 a 2022. MCP: Publicação de Múltiplos Países. SCP: Único País em Publicação

Agrupamentos e estrutura conceitual

O foco central na busca de um artigo científico é destacado por meio de palavras-chave que, são essenciais e facilitam o mapeamento para os leitores. As palavras-chave são definidas pelos autores de acordo com seus critérios, ou por meio de algoritmos, sendo denominadas como *Keywords-plus*, gerados automaticamente a partir dos títulos de artigos citados (Khasseh et al., 2017). A tabela abaixo mostra as 10 principais palavras-chave encontradas nos artigos publicados.

Tabela 3. Principais palavras-chave dos autores e *Keywords-Plus* oriundas de dados compilados da plataforma *Web of Science e Scopus* de 1938 a 2022.

Author Keyword	Articles	Keywords-Plus	Articles
Pequi	128	<i>Caryocar brasiliense</i>	95
<i>Caryocar brasiliense</i>	97	Brazil	78
Cerrado	86	Article	66
<i>Caryocar brasiliense</i> camb	34	Nonhuman	52
Caryocaraceae	33	Caryocar	50
Pequi oil	27	Plant extract	48
Carotenoids	24	<i>Caryocar-brasiliense</i>	47
Brazil	20	Fruit	47
<i>Caryocar coriaceum</i>	20	Antioxidant	42
Savanna	20	Unclassified Drug	41

Um dos métodos de visualização de palavras-chave é pela nuvem de palavras. Este método fornece uma boa visualização do conjunto de dados, permite explorar e analisar visualmente, dimensionar e criar uma classificação para os dados. Dentre as 2096 palavras-chave foram selecionadas para criação da nuvem de palavras as 50 mais relevantes (Figura 5). A partir do tamanho das palavras é possível dizer que elas são mais frequentes nos artigos (Dunaiski et al., 2017). Logo o tamanho das palavras “pequi” (128 vezes) “*caryocar brasiliense*” (97 vezes) e “cerrado” (86 vezes), indicam que na maioria dos artigos essas palavras têm sido utilizadas em maior frequência.

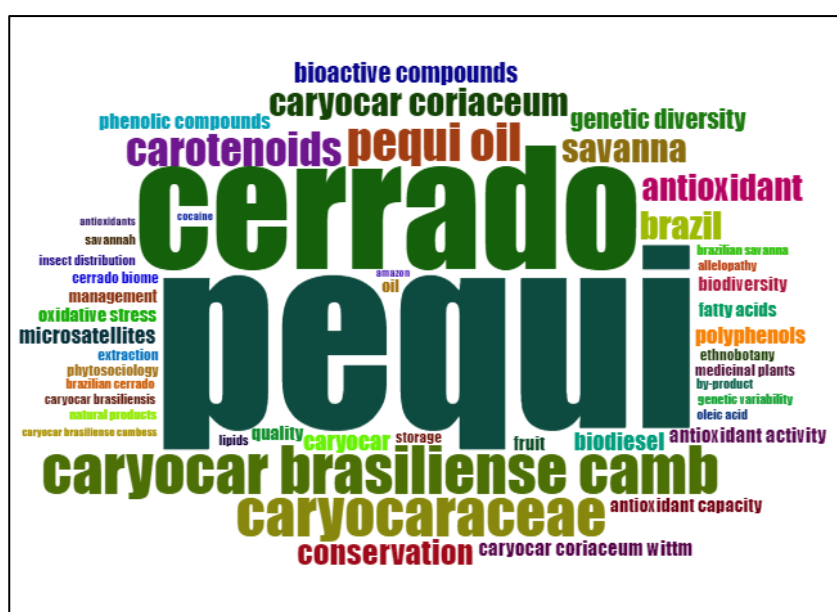


Figura 5. Nuvem de palavras-chave dos autores referentes ao tema *Caryocar brasiliense*, oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022

As palavras "carotenoides", "óleo de pequi" e "antioxidantes" também aparecem em tamanho significativo, indicando que a pesquisa sobre os benefícios nutricionais e medicinais do pequi é uma área de interesse para os pesquisadores (Traesel et al., 2017; Torres et al., 2016; Faria-Machado et al., 2015; Miguel et al., 2023; Ombredane et al., 2020).

As palavras-chave foram relacionadas às subáreas de estudo e tiveram correlações específicas, sendo divididas em cinco grupos, para melhor estudar os principais temas e suas correlações (Figura 6).



Figura 6. Mapeamento das palavras-chave referente às pesquisas com *Caryocar brasiliense*, oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022

O grupo 1 está relacionado ao estudo dos compostos bioativos presentes na espécie. Esses compostos possuem propriedades benéficas para a saúde humana, o que pode explicar o interesse dos autores em estudá-los. A presença de palavras-chave como "carotenoids", "bioactive compounds", "polyphenols", "phenolic compounds" e "antioxidant capacity" sugere que os autores estão interessados em entender a composição química da espécie e como ela pode ser utilizada para produzir compostos

bioativos com atividade antioxidante (Pinheiro et al., 2022; Pinto et al., 2022). A atividade antioxidante desses compostos pode ser relevante para a indústria de alimentos e de cosméticos, por exemplo, como agentes naturais para proteger os produtos contra o envelhecimento ou a oxidação (Hoang et al., 2021; Pohl e Lin, 2018).

No Grupo 2 (42 itens) estão incluídas as palavras “*cerrado*”, “*pequi*”, “*genetic diversity*”, “*microsatellites*”, “*biodiversity*”, “*Caryocar brasiliense* camb” e “*genetic variability*” (Figura 6). Essas palavras sugerem que os autores estão interessados em entender a diversidade genética da espécie e como ela é influenciada pelo bioma Cerrado (Amaral et al., 2021; Collevatti et al., 2011; Hernández et al., 2020). A presença de “*óleo*” e “*lipídeos*” no mesmo grupo indica que os autores também estão investigando o potencial uso do óleo de pequi como propriedades terapêuticas e cosméticas (Figura 6), como nos trabalhos de Faria et al. (2014), Miranda-Vilela et al. (2009) Ombredane et al. (2020b); Palmeira et al. (2016).

O grupo 3 está relacionado ao estudo da alelopatia da espécie *Caryocar brasiliense* em relação à espécie *Melinis minutiflora* (capim gordura). A alelopatia é a interação química entre plantas, em que uma espécie libera substâncias químicas que afetam o crescimento e o desenvolvimento de outra espécie (Inderjit e Callaway, 2003). A palavra-chave “*allelopathy*” sugere que os autores estão interessados em entender como os compostos liberados pela espécie *C. brasiliense* podem afetar outras, como a *M. minutiflora*, por meio de interações químicas. *M. minutiflora* é uma planta invasora que pode causar prejuízos em áreas naturais e agrícolas (Rossi et al., 2014). Assim, entender as interações entre essas espécies e outras plantas pode ser importante para o controle de sua propagação e para a conservação da biodiversidade em áreas afetadas por sua presença.

No grupo 4, as palavras “*Caryocar brasiliense* camb” e “*conservation*”, sendo relacionadas à conservação e preservação da espécie, com ênfase na proteção de seu ambiente natural e como se correlaciona com a conservação do cerrado (Santos et al., 2018). O grupo 5 está relacionado à qualidade e armazenamento da espécie. As palavras-chave “*quality*” e “*storage*” sugerem que os autores estão interessados em entender como a qualidade dos frutos pode ser mantida durante o armazenamento, o que pode ser relevante para a indústria de alimentos e de cosméticos (Vilas-Boas et al., 2012; Pinto et al., 2022).

A análise fatorial foi utilizada para reduzir a dimensionalidade dos dados e representá-los em um espaço de baixa dimensionalidade. Desta forma foi possível identificar os agrupamentos de palavras-chave que expressam conceitos comuns em um mapa bidimensional (Figura 7).

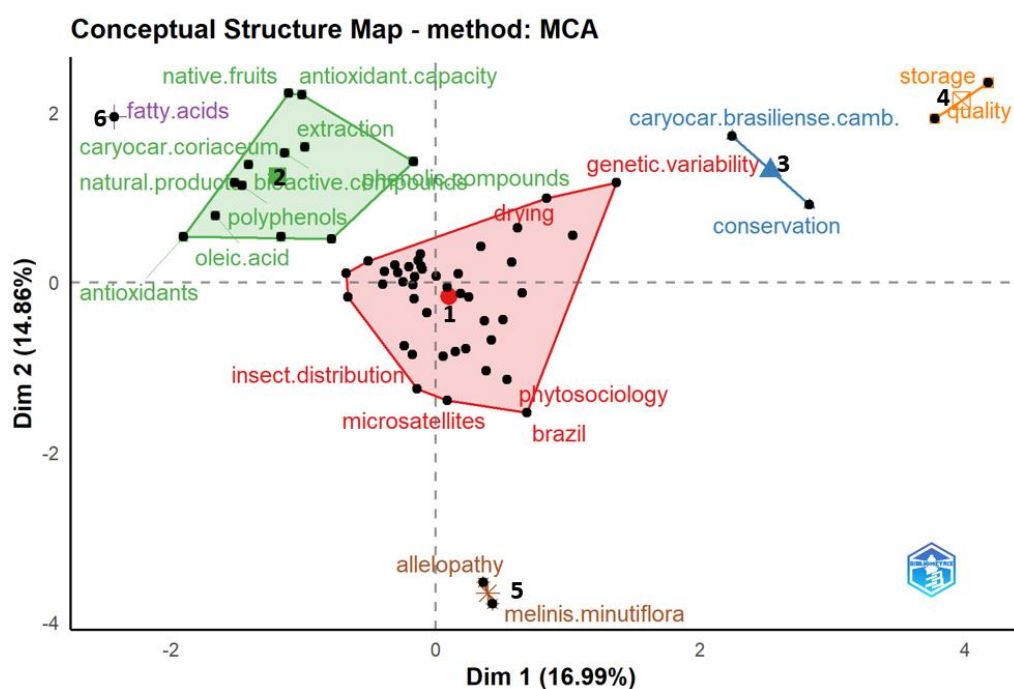


Figura 7. Análise fatorial utilizando o método de Análise de Correspondência Múltipla, referente às pesquisas com *Caryocar brasiliense*, oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022

Com base nos dados analisados pode-se inferir algumas observações. Primeiramente, a posição dos agrupamentos 3, 4, 5 e 6 indica que as palavras-chave incluídas nesses agrupamentos têm poucas relações com outras no conjunto de dados. Sugerindo que esses agrupamentos podem ser menos relevantes para a compreensão geral do conjunto de dados. O grupo 2 (verde), apesar de ser maior, parece estar menos relacionado ao centro do eixo das palavras-chave (Dimensão 2), indicando que esse agrupamento inclui palavras-chave que não estão tão fortemente associadas entre si. Por outro lado, o grupo 1 (vermelho), o mais central e relevante, no qual as palavras-chave incluídas neste agrupamento têm fortes relações entre si e com outras palavras-chave no conjunto de dados. A análise do mapa de agrupamentos de palavras-chave é uma forma

de identificar as relações entre diferentes palavras-chave em um conjunto de dados (Urbizagástegui-Alvarado, 2022).

O passo seguinte foi criar um mapa da evolução conceitual (Figura 8), no qual foi possível entender a evolução dos temas das pesquisas ao longo dos anos, permitindo resumir de forma sistematizada a evolução científica dos estudos sobre o tema ao longo dos anos.

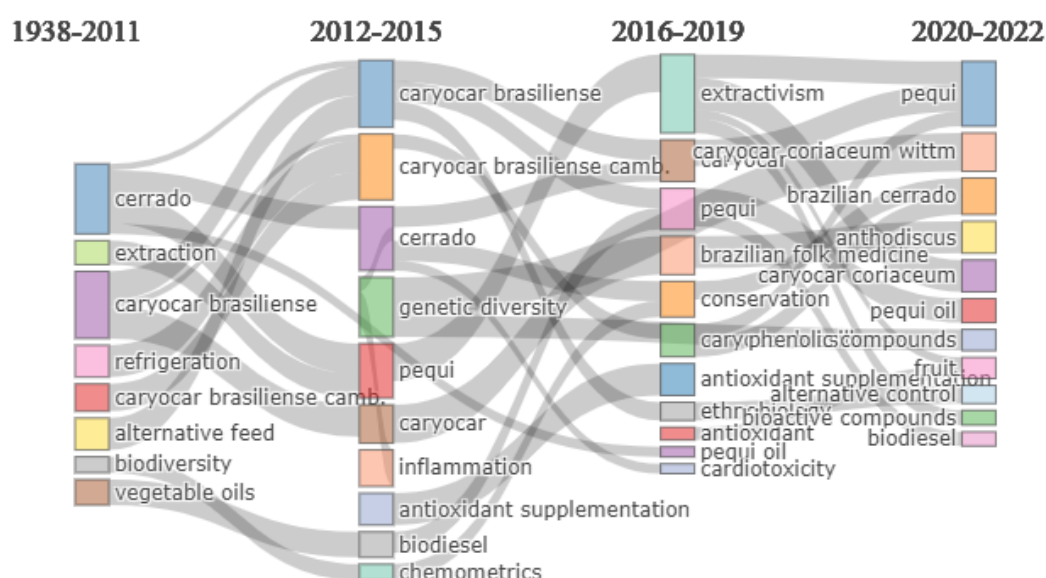


Figura 8. Evolução conceitual referente às pesquisas com *Caryocar brasiliense*, oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022, seccionados em quatro períodos

A análise da evolução conceitual das publicações ao longo do tempo é uma ferramenta importante para entender como o interesse dos pesquisadores pela espécie mudou ao longo do tempo e, como a pesquisa pode ser direcionada para preencher lacunas no conhecimento (Urbizagástegui-Alvarado, 2022). No primeiro período (1938-2011), as palavras-chave mais frequentes foram “cerrado” e “*Caryocar brasiliense*”, o que sugere um interesse inicial em explorar a distribuição geográfica e as características gerais da planta (Figura 8). No segundo período (2012-2015), a pesquisa se expandiu para incluir a diversidade genética da espécie, além de suas características gerais e uso. As palavras-chave mais frequentes foram "*Caryocar brasiliense*", "cerrado", "diversidade genética" e "pequi".

A partir de 2016 a 2022, houve um aumento na pesquisa sobre a ecologia e usos da espécie, com palavras-chave como "extrativismo", "conservação", "compostos fenólicos", "antioxidante" e "biodiesel" (Figura 8). Isso indica um interesse crescente em entender a ecologia da espécie, suas propriedades medicinais e potencial para uso em biocombustíveis.

A análise da evolução conceitual das publicações sobre o *C. brasiliense* ao longo do tempo pode ajudar a identificar as mudanças nos interesses e prioridades dos pesquisadores, bem como as lacunas de conhecimento que ainda precisam ser preenchidas. Dessa forma pode ser útil para orientar o planejamento de pesquisas e para fornecer informações valiosas para a tomada de decisões relacionadas à conservação e uso sustentável da espécie.

O próximo passo foi criar o mapa temático, aplicando um algoritmo de agrupamento na rede de palavras-chave, para destacar os diferentes temas no campo estudado. Os tópicos mais frequentes foram representados no mapa temático de acordo com um ranking de centralidade (grau de relevância) e pela densidade (grau de desenvolvimento) (Figura 9), onde a centralidade é a importância do tema em todo o campo de pesquisa e a densidade é uma medida do desenvolvimento do tema (Urbizagástegui-Alvarado, 2022).

Foram retratados quatro mapas sobre a evolução dos temas abrangendo todo o período de publicações. Nos mapas, cada bolha representa um grupo e o nome na bolha é a palavra-chave do autor com maior ocorrência no grupo e o tamanho na bolha é proporcional às ocorrências de palavra do grupo (Figura 9).

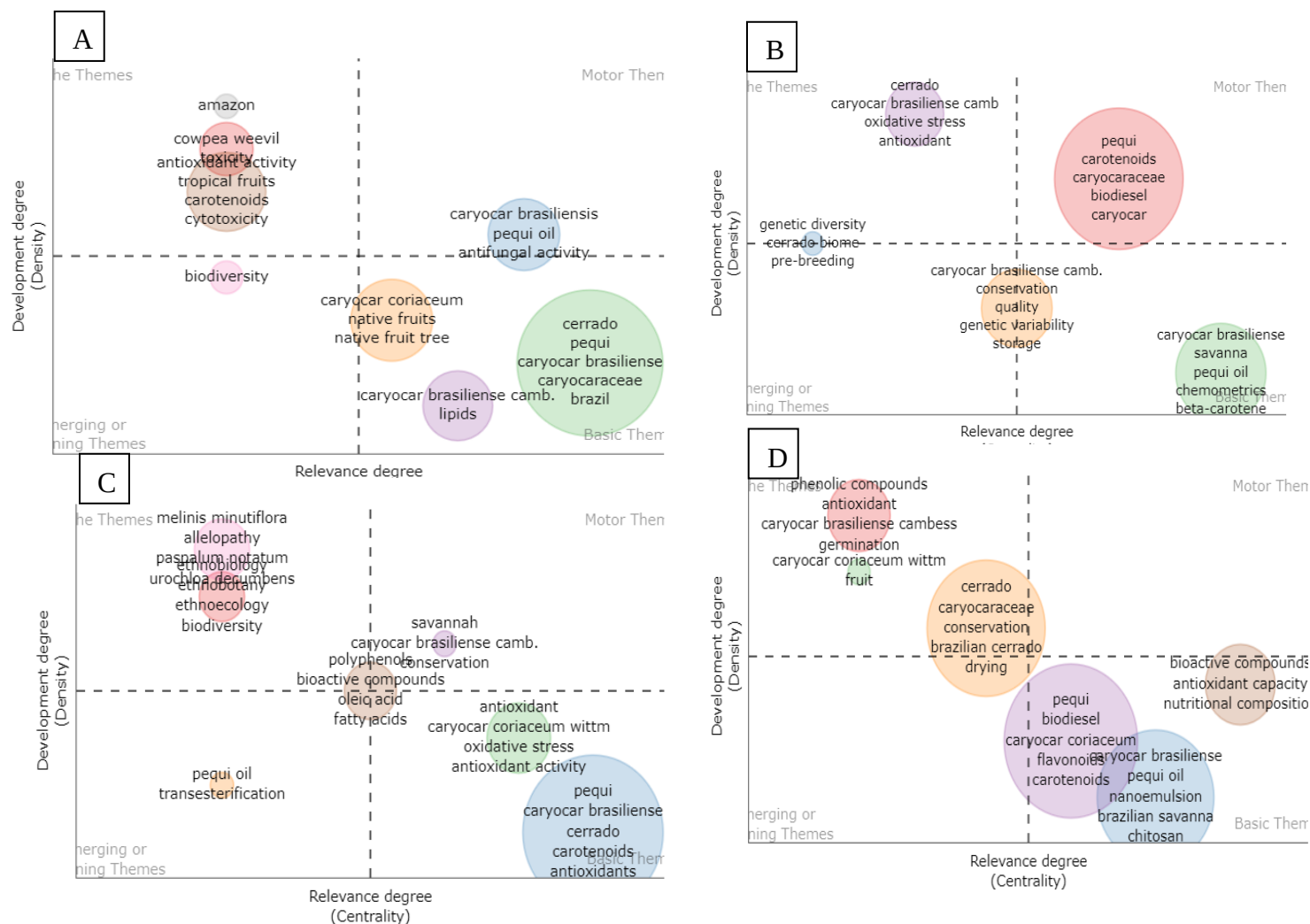


Figura 9. Mapa temático do grau de relevância das palavras chave referente às pesquisas com *Caryocar brasiliense*, oriunda de dados compilados da plataforma Web of Science e Scopus de 1938 a 2022, seccionados em quatro períodos. A: 1938-2011; B: 2012-2015; C: 2016-2019; D: 2020-2022

Na figura 9A está representado o primeiro mapa e descreve a posição dos tópicos no período de 1938 a 2011. Os termos "óleo de pequi" e "atividade antifúngica" possuem alta centralidade e média densidade, estando localizados no quadrante dos temas motores. Esses tópicos são altamente relevantes e influentes na pesquisa sobre a espécie, neste período, e que teve um papel importante no desenvolvimento da área. Os termos "atividade antioxidante", "carotenóides" e "citotoxicidade" aparecem no primeiro quadrante, que representa temas nicho, com média centralidade e alta densidade. Esses tópicos foram relevantes e frequentemente abordados na pesquisa sobre a espécie

naquele período, mas não foram tão influentes quanto os temas do quadrante dos temas motores. O termo "biodiversidade" apresenta média centralidade e média densidade, estando localizado no quadrante dos temas emergentes, sugerindo que o tópico da biodiversidade ganhou importância na pesquisa sobre a espécie, mas não foi tão influente quanto os temas do quadrante dos temas motores. Por fim, no quarto quadrante do mapa, pode-se observar os termos relacionados à espécie como "*Caryocar brasiliense*", "Caryocaraceae" e "frutos nativos", que representam temas básicos das pesquisas sobre a espécie neste recorte temporal. Esses temas têm baixa densidade e centralidade, o que sugere que não se tornaram tão influentes quanto os temas dos quadrantes dos temas motores e nicho.

Pela figura 9B observou-se o recorte temporal de 2011 a 2015. Nela pode-se observar as palavras “variabilidade genética” e “pré-melhoramento” formando uma interseção entre os temas nicho e temas emergentes, apresentando baixa centralidade e média densidade. Os tópicos poderiam emergir como áreas de pesquisa, mas ainda não são centrais em relação a outras palavras-chave no mapa. No segundo quadrante pode-se observar as palavras “carotenóides” e “biodiesel” com alta centralidade e média densidade. Já no quarto quadrante as palavras “óleo de pequi” e “beta caroteno” como alta centralidade e baixa densidade. Esses tópicos foram importantes e estão relacionados a outras palavras-chave no mapa, mas não são tão densamente interconectados quanto as palavras-chave no segundo quadrante.

Pela Figura 9C observou-se o terceiro mapa que descreve a posição dos tópicos no período de 2016 a 2019. Nela pode-se observar a inserção de novas palavras tais como “biodiversidade”, “etnobotânica” e “etnoecologia” como temas nichos, apresentando baixa centralidade e alta densidade, sugerindo que elas foram importantes e interessantes para um subconjunto específico de pesquisadores ou profissionais, mas não foram amplamente difundidas na área de estudo neste período. Nos temas emergentes ou em declínio as palavras “óleo de pequi” e “transesterificação” são identificadas como menos importantes, com baixa centralidade e baixa densidade. Esses conceitos poderiam estar perdendo relevância ou ter sido superados por outros conceitos mais recentes.

Ainda pela figura 9C observou-se as palavras “carotenóides” e “antioxidantes” relacionadas com temas básicos com média-alta centralidade e média-alta densidade, o

que indica que foram conceitos fundamentais e bem estabelecidos dentro do campo de estudo. Observou-se também uma intersecção entre os quatro quadrantes formado pelas palavras “compostos bioativos”, “polifenóis”, “ácidos graxos” e “ácido oleico”. A intersecção entre os quatro quadrantes pode indicar um conjunto de temas que são importantes e fundamentais, mas que também podem ser explorados de maneiras novas e emergentes. Podendo fornecer percepções valiosas aos pesquisadores que desejam desenvolver novas linhas de pesquisa ou explorar novas áreas de estudo.

As informações contidas na figura 9D descreve a posição dos tópicos no período de 2020 a 2022. Nela pode-se observar nos temas nicho as palavras “compostos fenólicos” e “antioxidantes” têm baixa centralidade e alta densidade, o que sugere que essas palavras-chave podem estar mais relacionadas entre si do que com outras palavras-chave no tema. Nos temas básicos observa-se as palavras “compostos bioativos” e “capacidade antioxidante” como alta centralidade e alta densidade. As palavras “flavonoides”, “carotenoides”, “biodiesel” com baixa centralidade e média densidade, o que sugere que essas palavras-chave podem estar menos relacionadas entre si do que outras palavras-chave no tema.

A análise cienciométrica é uma ferramenta importante para avaliar a evolução das pesquisas em uma determinada área e identificar lacunas de conhecimento que precisam ser preenchidas. Na pesquisa cienciométrica com *C. brasiliense* a análise foi útil para mostrar como os estudos científicos sobre a espécie têm se desenvolvido ao longo do tempo, quais são os principais temas e, as perspectivas e desafios no campo de estudo. Com base nas informações obtidas, foi possível identificar lacunas de conhecimento nos estudos com a espécie, o que pode orientar o desenvolvimento de novas pesquisas.

A análise cienciométrica permitiu o mapeamento das informações do conhecimento científico produzido e a sintetização dos resultados existentes. Logo, possibilitou uma visão ampla da produção acadêmica através dos resultados encontrados. Observou-se que os estudos com a espécie são restritos há a poucas temáticas e que pesquisas com o melhoramento genético e a propagação vegetativa, visando a obtenção de plantas de qualidade superior, bem como o uso de marcadores moleculares para caracterização da diversidade genética da espécie são escassos.

Conclusão

A análise bibliométrica permitiu identificar temas de pesquisas com *Caryocar brasiliense* desde a ecologia da espécie até uso dos frutos e efeitos medicinais. As revistas de maior destaque foram Revista Brasileira de Fruticultura, Ciência Rural e Ciência e Tecnologia de Alimentos de acordo com o número de publicações. Os termos de indexação mais utilizados são “Pequi”, “*Caryocar brasiliense*” e “Cerrado”. As lacunas que merecem destaque e consequentemente incentivo para novas pesquisas são o melhoramento genético da espécie e o uso de marcadores moleculares para caracterização da diversidade genética disponível como forma a auxiliar em programas de melhoramento e conservação.

Financiamento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) (APQ-01932-17).

Disponibilidade dos dados: Todos os dados e Script do Programa R poderão ser solicitados ao autor correspondente

Conflitos de interesses

Os autores declaram não ter interesses financeiros concorrentes ou relações pessoais conhecidas que possam ter influenciado o trabalho relatado neste artigo

Referências

- Almeida, S. P. de. (1998). Frutas nativas do cerrado: caracterização físico-química e fonte potencial de nutrientes. In S. P. de Sano, S. M.; Almeida (Ed.), Cerrado: ambiente e flora. (p. 247–285). Embrapa Cerrados.
- Amaral, T. S. do, Santos, J. S. dos, Rosa, F. F., Pessoa, M. B., Chaves, L. J., Ribeiro, M. C., & Collevatti, R. G. (2021). Agricultural landscape heterogeneity matter: responses of neutral genetic diversity and adaptive traits in a neotropical savanna tree. *Frontiers in Genetics*, 11, 606222. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2020.606222/BIBTEX>
- Aquino, L. P., Ferroa, F. Q., Borges, S. V., Antoniassi, R., Correa, J. L. G., & Cirillo, M. A. (2009). Influência da secagem do pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) na qualidade do óleo extraído. *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 29(2), 354–357. <https://doi.org/10.1590/S0101-20612009000200018>
- Araújo F de (1995) A review of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae): an economically valuable species of the central Brazilian cerrados. *Economic Botany* 49(1): 40–48. <https://doi.org/10.1007/BF02862276>
- Aria, M., & Cuccurullo, C. (2017). bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. *Journal of Informetrics*, 11(4), 959–975. <https://doi.org/10.1016/J.JOI.2017.08.007>
- Brito, R. M., Barcia, M. T., Farias, C. A. A., Zambiasi, R. C., de Marchi, P. G. F., Fujimori, M., Honório-França, A. C., França, E. L., & Pertuzatti, P. B. (2022). Bioactive compounds of pequi pulp and oil extracts modulate antioxidant activity and antiproliferative activity in cocultured blood mononuclear cells and breast cancer cells. *Food e Nutrition Research*, 66. <https://doi.org/10.29219/FNR.V66.8282>
- Cardoso, L. D. M., De Lazzari Reis, B., Hamacek, F. R., & Sant’Ana, H. M. P. (2013). Chemical characteristics and bioactive compounds of cooked pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) from the Brazilian Savannah. *Fruits*, 68(1), 3–14. <https://doi.org/10.1051/FRUITS/2012047>
- Cobo, M. J., López-Herrera, A. G., Herrera-Viedma, E., & Herrera, F. (2011). An approach for detecting, quantifying, and visualizing the evolution of a research

- field: A practical application to the Fuzzy Sets Theory field. *Journal of Informetrics*, 5(1), 146–166. <https://doi.org/10.1016/J.JOI.2010.10.002>
- Collevatti, R. G., Grattapaglia, D., & Hay, J. D. (2001). Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 10(2), 349–356. <https://doi.org/10.1046/J.1365-294X.2001.01226.X>
- Collevatti, R. G., Nabout, J. C., & Diniz-Filho, J. A. F. (2011). Range shift and loss of genetic diversity under climate change in *Caryocar brasiliense*, a Neotropical tree species. *Tree Genetics and Genomes*, 7(6), 1237–1247. <https://doi.org/10.1007/S11295-011-0409-Z/FIGURES/3>
- Dresen, H., Prasad, R. B. N., e Gülz, P. G. (1989). Composition of lipids of piqui (*caryocar coriaceum* wittm.) seed and pulp oil. *Zeitschrift fur naturforschung - Section C Journal of Biosciences*, 44(9–10), 739–742.
- Dunaiski, M., Greene, G. J., & Fischer, B. (2017). Exploratory search of academic publication and citation data using interactive tag cloud visualizations. *Scientometrics*, 110(3), 1539–1571. <https://doi.org/10.1007/S11192-016-2236-3/TABLES/4>
- Ehrendorfer, F., Morawetz, W., & Dawe, J. (1984). The Neotropical angiosperm families Brunelliaceae and Caryocaraceae: First karyosystematical data and affinities. *Plant Systematics and Evolution*, 145(3–4), 183–191. <https://doi.org/10.1007/BF00983947/METRICS>
- Faria, W. C. S., Damasceno, G. A. de B., & Ferrari, M. (2014). Moisturizing effect of a cosmetic formulation containing pequi oil (*Caryocar brasiliense*) from the Brazilian cerrado biome. *Brazilian Journal of Pharmaceutical Sciences*, 50(1), 131–136. <https://doi.org/10.1590/S1984-82502011000100013>
- Faria-Machado, A. F., Tres, A., van Ruth, S. M., Antoniassi, R., Junqueira, N. T. V., Lopes, P. S. N., & Bizzo, H. R. (2015). Discrimination of Pulp Oil and Kernel Oil from Pequi (*Caryocar brasiliense*) by Fatty Acid Methyl Esters Fingerprinting, Using GC-FID and Multivariate Analysis. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 63(45), 10064–10069. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b03699>

- Frey-Wyssling, A., & Blank, F. (1938). Über knieförmige Oxalatkristalle von *Caryocar nuciferum* L. *Protoplasma* 1938 31:1, 31(1), 194–198.
<https://doi.org/10.1007/BF01633267>
- Gomes, B. H., Lima, C. F. de, Mendes, M. G., Bonetti, A. M., Fürstenau, C. R., Faria, M. V. de, Oliveira-Júnior, R. J., & Nogueira, A. P. O. (2019). Chemical composition and nutritional of pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) with and without thorns at the endocarp. *International Journal of Food Science and Nutrition*, 4(4), 48–55.
- Hair JF, Black WC, Babin BJ, Anderson RE, & Tatham R (2006). *Multivariate data analysis*. Upper Saddle River, NJ: Pearson Prentice Hall, v. 6.
- Hernández, L. H., dos Santos, F. A., Palomino, E. C., Tambarussi, E. V., & Moraes, C. B. (2020). Genetic Variation of Trees of *Caryocar brasiliense* for Fruit Morphometric Traits. *Floresta e Ambiente*, 28(2), 1–3.
<https://doi.org/10.1590/2179-8087-FLORAM-2018-0097>
- Hoang, H. T., Moon, J. Y., & Lee, Y. C. (2021). Natural antioxidants from plant extracts in skincare cosmetics: recent applications, challenges, and perspectives. *Cosmetics* 2021, Vol. 8, Page 106, 8(4), 106.
<https://doi.org/10.3390/COSMETICS8040106>
- Inderjit, & Callaway, R. M. (2003). Experimental designs for the study of allelopathy. *Plant and Soil*, 256(1), 1–11.
<https://doi.org/10.1023/A:1026242418333/METRICS>
- Junior, A. J., Leitão, M. M., Bernal, L. P. T., dos Santos, E., Kuraoka-Oliveira, Â. M., Justi, P., Argandoña, E. J. S., & Kassuya, C. A. L. (2020). Analgesic and Anti-inflammatory Effects of *Caryocar brasiliense*. *Anti-Inflammatory e Anti-Allergy Agents in Medicinal Chemistry*, 19(3), 313–322.
<https://doi.org/10.2174/1871523018666190408144320>
- Kerr, W. E. (2007). Descoberta para a ciência do pequi sem espinhos no caroço. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29(1), 0–0. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100001>
- Kerr, W. E., Silva, F. R. da, & Tchucarramae, B. (2007). Pequi (*Caryocar Brasiliense* Camb.): informações preliminares sobre um pequi sem espinhos no caroço.

- Revista Brasileira de Fruticultura, 29(1), 169–171.
<https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100035>
- Khasseh, A. A., Soheili, F., Moghaddam, H. S., & Chelak, A. M. (2017). Intellectual structure of knowledge in iMetrics: A co-word analysis. *Information Processing e Management*, 53(3), 705–720. <https://doi.org/10.1016/J.IPM.2017.02.001>
- Lima, A. de, Silva, A. M. de O. e, Trindade, R. A., Torres, R. P., & Mancini-Filho, J. (2007). Composição química e compostos bioativos presentes na polpa e na amêndoa do pequi (*Caryocar brasiliense*, Camb.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29(3), 695–698. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000300052>
- Machado, M. T. C., Mello, B. C. B. S., & Hubinger, M. D. (2013). Study of alcoholic and aqueous extraction of pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) natural antioxidants and extracts concentration by nanofiltration. *Journal of Food Engineering*, 117(4), 450–457. <https://doi.org/10.1016/J.JFOODENG.2012.12.007>
- Maia, J. G. S., Andrade, E. H. A., & da Silva, M. H. L. (2008). Aroma volatiles of pequi fruit (*Caryocar brasiliense* Camb.). *Journal of Food Composition and Analysis*, 21(7), 574–576. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2008.05.006>
- Miguel, M. P., de Menezes, L. B., Franco, L. G., Andrascko, M. M., Parize, A. C. B., de Almeida Borges, J. C., Guimarães, L. L. B., Rezende e Silva, D., Santos, S. da C., & de Araújo, E. G. (2023). *Caryocar brasiliense* peel ethanolic extract has neuroprotective potential and reduces the activation of ERK1/2 in the ischemia and reperfusion brain acute phase in the rat. *Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases*, 32(3), 106945. <https://doi.org/10.1016/J.JSTROKECEREBROVASDIS.2022.106945>
- Miranda-Vilela, A. L., Grisolia, C. K., Resck, I. S., & Mendonça, M. A. (2009). Characterization of the major nutritional components of *Caryocar brasiliense* fruit pulp by NMR spectroscopy. *Química Nova*, 32(9), 2310–2313. <https://doi.org/10.1590/S0100-40422009000900013>
- Miranda-Vilela, A. L., Pereira, L. C. S., Gonçalves, C. A., & Grisolia, C. K. (2009). Pequi fruit (*Caryocar brasiliense* Camb.) pulp oil reduces exercise-induced inflammatory markers and blood pressure of male and female runners. *Nutrition*

- Research (New York, N.Y.), 29(12), 850–858.
<https://doi.org/10.1016/J.NUTRES.2009.10.022>
- Moura, N. F., Chaves, L. J., & Naves, R. V. (2013). Caracterização física de frutos de pequi (Caryocar brasiliense Camb) do cerrado. *Revista Árvore*, 37(5), 905–912. <https://doi.org/10.1590/S0100-67622013000500013>
- Nascimento-Silva, N. R. R. Do, & Naves, M. M. V. (2019). Potential of whole pequi (caryocar spp.) fruit-pulp, almond, oil, and shell-as a medicinal food. *Journal of Medicinal Food*, 22(9), 952–962. <https://doi.org/10.1089/JMF.2018.0149>
- Oliveira, O. J. de, Silva, F. F. da, Juliani, F., Barbosa, L. C. F. M., Nunhes, T. V., Oliveira, O. J. de, Silva, F. F. da, Juliani, F., Barbosa, L. C. F. M., & Nunhes, T. V. (2019). Bibliometric method for mapping the state-of-the-art and identifying research gaps and trends in literature: an essential instrument to support the development of scientific projects. *Scientometrics Recent Advances*. <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.85856>
- Ombredane, A. S., Araujo, V. H. S., Borges, C. O., Costa, P. L., Landim, M. G., Pinheiro, A. C., Szlachetka, Í. O., Benedito, L. E. C., Espindola, L. S., Dias, D. J. S., Oliveira, D. M., Chaker, J. A., da Silva, S. W., de Azevedo, R. B., & Joanitti, G. A. (2020a). Nanoemulsion-based systems as a promising approach for enhancing the antitumoral activity of pequi oil (*Caryocar brasiliense* Cambess.) in breast cancer cells. *Journal of Drug Delivery Science and Technology*, 58, 101819. <https://doi.org/10.1016/J.JDDST.2020.101819>
- Palmeira, S. M., Silva, P. R. P., Ferrão, J. S. P., Ladd, A. A. B. L., Dagli, M. L. Z., Grisolia, C. K., & Hernandez-Blazquez, F. J. (2016). Chemopreventive effects of pequi oil (*Caryocar brasiliense* Camb.) on preneoplastic lesions in a mouse model of hepatocarcinogenesis. *European Journal of Cancer Prevention: The Official Journal of the European Cancer Prevention Organisation*, 25(4), 299–305. <https://doi.org/10.1097/CEJ.0000000000000187>
- Pinheiro, A. C., Ombredane, A. S., Pinheiro, W. O., Andrade, L. R., Silva, V. R. P., Felice, G. J., Alves, D. S., Albernaz, A. F., Silveira, A. P., Lima, M. C. F., Veiga-Junior, V. F., Gomes, T. F. S., Damasceno, E. A. M., Veiga-Souza, F. H., Souza, P. E. N., Bão, S. N., Duarte, E. C. B., Carneiro, M. L. B., Azevedo, R. B., & Joanitti, G. A. (2022). Evaluation of Biocompatibility, Anti-Inflammatory, and

- Antinociceptive Activities of Pequi Oil-Based Nanoemulsions in *In Vitro* and In Vivo Models. *Nanomaterials*, 12(23), 4260. <https://doi.org/10.3390/NANO12234260/S1>
- Pinto, D. D. de J., Vila-Verde, G. M., & Veloso Naves, M. M. (2022). Assessment of physicochemical properties, bioactive compounds, and antioxidant capacity during the canning and storage processes of pequi pulp, a typical food used in traditional Brazilian cuisine. *Journal of Culinary Science e Technology*. <https://doi.org/10.1080/15428052.2022.2131670>
- Pohl, F., & Lin, P. K. T. (2018). The potential use of plant natural products and plant extracts with antioxidant properties for the prevention/treatment of neurodegenerative diseases: *in vitro*, *in vivo* and clinical trials. *Molecules* 2018, Vol. 23, Page 3283, 23(12), 3283. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES23123283>
- Roesler, R., Catharino, R. R., Malta, L. G., Eberlin, M. N., & Pastore, G. (2008). Antioxidant activity of *Caryocar brasiliense* (pequi) and characterization of components by electrospray ionization mass spectrometry. *Food Chemistry*, 110(3), 711–717. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2008.02.048>
- Rossi, R. D., Martins, C. R., Viana, P. L., Rodrigues, E. L., & Figueira, J. E. C. (2014). Impact of invasion by molasses grass (*Melinis minutiflora* P. Beauv.) on native species and on fires in areas of campo-cerrado in Brazil. *Acta Botanica Brasilica*, 28(4), 631–637. <https://doi.org/10.1590/0102-33062014ABB3390>
- Santos, P. H. R. dos, Giordani, S. C. O., Soares, B. C., Silva, F. H. L., Esteves, E. A., & Fernandes, J. S. C. (2018). Genetic divergence in populations of *Caryocar brasiliense* Camb. from the physical characteristics of the fruits. *Revista Árvore*, 42(1). <https://doi.org/10.1590/1806-90882018000100016>
- Silva, G. T., Di Pietro Fernandes, C., Hiane, P. A., De Cássia Freitas, K., Figueiredo, P. S., Inada, A. C., Filiú, W. F., Maldonade, I. R., Nunes, Â. A., De Oliveira, L. C. S., Caires, A. R. L., Michels, F., Candido, C. J., Cavalheiro, L. F., Asato, M. A., Donadon, J. R., De Faria, B. B., Tatara, M. B., & Croda, J. H. R. (2020). *Caryocar brasiliense* Cambess. Pulp oil supplementation reduces total cholesterol, ldl-c, and non-HDL-c in animals. *Molecules* 2020, Vol. 25, 25(19), 4530. <https://doi.org/10.3390/MOLECULES25194530>

- Torres, L. R. de O., Santana, F. C. de, Torres-Leal, F. L., Melo, I. L. P. de Yoshime, L. T., Matos-Neto, E. M., Seelaender, M. C. L., Araújo, C. M. M., Cogliati, B., & Mancini-Filho, J. (2016). Pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) almond oil attenuates carbon tetrachloride-induced acute hepatic injury in rats: Antioxidant and anti-inflammatory effects. *Food and Chemical Toxicology*, 97, 205–216. <https://doi.org/10.1016/J.FCT.2016.09.009>
- Torres, L. R. O., Shinagawa, F. B., Araújo, E. S., Oropeza, M. V. C., Macedo, L. F. L., Almeida-Muradian, L. B., Lima, H. C. de, e Mancini-Filho, J. (2016). Physicochemical and antioxidant properties of the pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) almond oil obtained by handmade and cold-pressed processes. *International Food Research Journal*, 23(4), 1541–1551. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1049137>
- Traesel, G. K., De Araújo, F. H. S., Castro, L. H. A., De Lima, F. F., Menegati, S. E. L. T., Justi, P. N., Kassuya, C. A. L., Cardoso, C. A. L., Argandoña, E. J. S., & Oesterreich, S. A. (2017). Safety assessment of oil from pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.): evaluation of the potential genotoxic and clastogenic effects. *Journal of Medicinal Food*, 20(8), 804–811. <https://doi.org/10.1089/JMF.2017.0021>
- Urbizagástegui-Alvarado, R. (2022). Bibliometria brasileira: análise de copalavras. *Transinformação*, 34, e220004. <https://doi.org/10.1590/2318-0889202234E220004>
- Vale, A. F., Ferreira, H. H., Benetti, E. J., Rebelo, A. C. S., Figueiredo, A. C. R., Barbosa, E. C., & Simões, K. (2018). Antioxidant effect of the pequi oil (*Caryocar brasiliense*) on the hepatic tissue of rats trained by exhaustive swimming exercises. *Brazilian Journal of Biology*, 79(2), 257–262. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.180015>
- Vilas-Boas, B. M. V., Alves, A. de P., Alves, J. A., Rodrigues, L. J., Alves, T. C., & Boas, E. V. de B. V. (2013). Caracterização física, química e bioquímica do mesocarpo interno de frutos do pequizeiro colhidos em diferentes estádios de desenvolvimento. *Ciência Rural*, 43(12), 2285–2290. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782013001200027>

Vilas-Boas, B. M. V., Gonçalves, G. A. S., Alves, J. A., Valério, J. M., Alves, T. C., Rodrigues, L. J., Piccoli, R. H., & Vilas-Boas, E. V. d. (2012). Quality of whole and sliced pequi submitted to freezing. *Ciência Rural*, 42(5), 904–910.
<https://doi.org/10.1590/S0103-84782012005000016>

Capítulo II

Variabilidade genética entre matrizes de pequizeiros (*Caryocar brasiliense* Camb.) a partir de dados fenotípicos de frutos e pirênios com e sem espinhos no endocarpo

Bruno Henrique Gomes^{1*} · Marcos Vieira de Faria¹ · Ana Maria Bonetti¹ · Polianna Alves Silva Dias² · Ana Paula Oliveira Nogueira¹

* Autor correspondente: b.hgomes@hotmail.com

¹Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Instituto de Biotecnologia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, Campus Umuarama – Bloco 2E – Sala 244, Avenida Amazonas esquina com a Rua Acre, S/N, Bairro Umuarama, CEP: 38405-320, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Urutaí, Rod. Geraldo Silva Nascimento, Km-2,5 - Zona Rural, CEP: 75790-000, Urutaí, Goiás, Brasil

Resumo

Estudos biométricos de frutos de espécies nativas do Cerrado brasileiro podem indicar existência de variabilidade entre indivíduos da mesma espécie. Uma das espécies que têm se destacado é a *Caryocar brasiliense* Cambes (pequizeiro). A espécie é uma frutífera de grande importância, principalmente para o extrativismo, visto que seus frutos são destinados à alimentação, além de contribuir como importante fonte de renda para as populações carentes. O objetivo deste estudo foi investigar a existência de variabilidade genética entre genótipos de *C. brasiliense* a partir da avaliação biométrica de frutos de plantas mantidas no banco de germoplasma da Universidade Federal de Uberlândia, MG, Brasil. Onze caracteres de frutos e pirênios com e sem espinhos no endocarpo foram avaliados. Foi realizada a análise de variância dos dados, seguida do teste comparativo de médias de Scott-Knott. A dissimilaridade genética foi avaliada usando o método *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages* (UPGMA), Ward, ligação completa e ligação simples, seguido pelo agrupamento de Tocher e análise de componentes principais (PCA). Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os pares de caracteres e a herdabilidade para cada caráter. Os resultados indicaram alta variabilidade fenotípica entre os frutos de *C. brasiliense* e o agrupamento dos grupos pode estar relacionado com a presença e ausência de espinhos no endocarpo. As árvores de *C. brasiliense* apresentam alto potencial genético para programas de melhoramento e conservação de germoplasma.

Palavras-chave: Cerrado · Caryocaraceae · Conservação · Reprodução · Diversidade genética

Introdução

O pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) é uma frutífera nativa do Cerrado pertencente à família Caryocaraceae e ordem Malpighiales (Araújo 1995; Prance 2022). Seu fruto (pequi) possui características organolépticas marcantes como sabor e odor, além da presença de espinhos [aculeus (plural: aculei)] localizados no endocarpo, saindo em direção à polpa. No entanto, foram relatados genótipos que produzem frutos sem espinhos (Kerr 2007), e alguns exemplares são mantidos no banco de germoplasma de pequi da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

A espécie é de grande interesse econômico, principalmente pelo uso culinário dos frutos (Correa et al. 2008; Moura et al. 2014). Outros estudos sobre *C. brasiliense* indicaram a presença de moléculas que possuem efeitos farmacológicos como anticancerígenos (Ombredane et al. 2022), antioxidante (Braga et al. 2022; Brito et al. 2022), redutores do colesterol total (Torres-Silva et al. 2020) e muitas outras propriedades nutricionais (Gomes et al. 2019). Portanto, a preservação da variabilidade genética é fundamental quando se pensa em formas de uso dos recursos florestais, uma vez que a espécie é explorada de forma extrativista (Hernández et al. 2020), e até o momento sem a substituição de novas plantas para a manutenção e sobrevivência da espécie em seu habitat.

A caracterização fenotípica é um passo importante na identificação e classificação do germoplasma. Informações sobre a extensão da diversidade genética podem ser usadas para identificar uma nova fonte de alelos a ser explorada, para melhorar as variedades por meio da seleção direta em vários aspectos do desenvolvimento da planta (Kalisz e Kramer 2007). Estimativas de herdabilidade, componentes de variância e outros parâmetros genéticos ajudam a esclarecer a resposta à seleção, a magnitude da variação entre os genótipos nativos, sendo importantes para o melhoramento (Tiwari et al. 2019). Além disso, o conhecimento da correlação entre caracteres importantes é útil no processo de seleção (Kumar et al. 2015; Sesay et al. 2017).

Estudos sobre a variabilidade genética de espécies florestais são importantes para entender a diversidade dentro de uma população, sendo necessários para a identificação de novas fontes de genes e, principalmente, para a caracterização e utilização de bancos de germoplasma (Falconer e Mackay 1996). Além disso, a diversidade presente entre

indivíduos de uma mesma espécie é fundamental para a sustentabilidade e estabilidade dos ecossistemas (Rajora e Pluhar 2003). Estudos sobre a morfometria de frutos e sementes de espécies arbóreas foram realizados para diferentes espécies e populações como *Eugenia dysenterica* (Novaes et al. 2018) *Swietenia macrophyll* (Leão et al. 2018), *Hancornia speciosa* (Almeida et al. 2019; Nunes et al. 2021), *Annona crassiflora* (Palermo e Souza, 2019), *Caryocar brasiliense* (Hernández et al. 2021), a fim de detectar variabilidade genética com potencial uso para manutenção de germoplasma e programas de melhoramento genético.

Para a espécie *C. brasiliense* poucos estudos foram realizados em plantas que produzem frutos sem espinhos no endocarpo. Além disso, a fragmentação de áreas do Cerrado traz riscos à sobrevivência da espécie, sendo necessário o estudo de variabilidade genética presente em diversas populações para selecionar indivíduos para compor bancos de germoplasma. A manutenção de plantas em bancos de germoplasma é útil para a sobrevivência da espécie e para estudos de melhoramento genético. Por ser uma espécie explorada de forma extrativista, o desenvolvimento de genótipos produtivos e resistentes ao ataque de patógenos é fundamental para estimular o plantio comercial.

O banco de germoplasma de pequiheiro da UFU possui plantas oriundas de sementes e plantas clonais a partir de enxertia. Atualmente, existem 110 plantas que produzem frutos tanto com espinhos, quanto sem espinhos. No entanto a produção dos frutos não é regular, apenas uma pequena porcentagem das plantas produz frutos anualmente, e a mesma planta pode ou não produzir frutos no ano seguinte. Com isso, a caracterização do banco de germoplasma se torna um desafio devido ao número de plantas em produção anual.

Considerando a importância da espécie no repovoamento de áreas degradadas, no uso de frutos para alimentação e como fonte de renda para comunidades carentes, este trabalho teve como objetivo investigar a variabilidade genética em *Caryocar brasiliense* produtoras de frutos com e sem espinhos a partir de variáveis biométricas de frutos e pirênios, do banco de germoplasma de pequiheiros da Universidade Federal de Uberlândia.

Material e métodos

Área de estudo, material botânico e descritores morfológicos

O estudo foi desenvolvido com *C. brasiliense* cultivada no Banco de Germoplasma (19°05'59.6"S 48°21'19.1"W, 780 m) da Universidade Federal de Uberlândia, localizado na Estação Experimental Água Limpa. Frutos de 20 plantas de *C. brasiliense* foram analisados, sendo 10 plantas produzindo frutos com espinhos (grupo 1) e 10 plantas produzindo frutos sem espinhos (grupo 2) no endocarpo, coletados na safra 2020/2021. Em cada planta foram amostrados 30 frutos ao acaso no estágio de plena maturidade, sendo: 10 frutos com um pirênio, 10 frutos com dois pirênios e 10 frutos com três pirênios. As plantas foram amostradas com base na disponibilidade de frutos, totalizando 600 frutos.

Para os frutos foram avaliados os seguintes descritores morfológicos: massa (g), altura (cm), comprimento (cm), largura (cm); para o pirênio: altura (cm), comprimento (cm), largura (cm), massa (g); para a casca: massa (g) e espessura (cm); e Rendimento de polpa (%). O rendimento da polpa foi obtido pela razão entre a massa da polpa e a massa do pirênio.

A massa do fruto foi mensurada em balança digital, a altura, o comprimento e a largura do fruto foram mensuradas com uma régua milimetrada. Após estas medidas, o fruto foi aberto para remoção dos pirênios. Os pirênios tiveram a massa aferida em balança digital, e a altura, a largura e o comprimento aferidos por régua milimetrada. Após a obtenção da massa dos pirênios, a polpa foi removida do endocarpo, que foi aferida em balança digital, sendo anotada a massa da polpa, para o cálculo do rendimento de polpa. O rendimento foi calculado em porcentagem por meio da seguinte equação:

$$\frac{\text{Massa do pirenio}}{\text{Massa da polpa}} * 100$$
. A espessura da casca foi dada pela média das mensurações em quatro quadrantes, devido ao formato irregular da casca.

Análise estatística

Os dados coletados quanto aos caracteres de frutos e pirênios foram analisados por estatísticas univariada e multivariada. Inicialmente realizou-se uma análise de variância em esquema hierárquico dada por: $Y_{ijk} = \mu + A_i + G/A_{ij} + E_{ijk}$. Em que, Y_{ijk} : efeito do i-ésimo genótipo no j-ésimo grupo e na k-ésima repetição, μ : média geral, A_i :

efeito fixo do j-ésimo grupo, G/A_{ij} : efeito da interação da i-ésimo genótipo com j-ésimo grupo, E_{ijk} : efeito do erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

Em seguida as matrizes foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. A partir das médias foram realizadas as análises de dissimilaridade genética entre os genótipos, obtendo-se a matriz de dissimilaridade pela distância euclidiana média padronizada. A divergência genética foi representada por dendrogramas obtidos por quatro métodos de agrupamento: *Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Means* (UPGMA), método de Ward, ligação completa e ligação simples. O método de Tocher foi aplicado para determinar o número ideal de grupos formados na última fase do procedimento de agrupamento.

A validação do agrupamento foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC), para o qual valores acima de 0,70 indicam uma boa representação dos agrupamentos (Cruz e Carneiro 2003). A contribuição relativa dos caracteres quantitativos foi calculada de acordo com os critérios de Singh (Singh, 1981). A Análise de Componentes Principais (PCA) foi utilizada para eliminar variáveis morfológicas redundantes. Por fim, estimou-se os coeficientes de correlação fenotípico e genotípico entre pares de caracteres além do coeficiente de determinação genotípico. As análises estatísticas foram processadas usando o software GENES (Cruz 2016) e software R versão 4.1.3.

Resultados e discussão

Análise de variância e médias

Houve variação fenotípica significativa (teste F, $p \leq 0,01$) para quase todas os caracteres avaliados nos grupos com e sem espinhos. Os caracteres comprimento do pirênio e massa do pirênio para a fonte de variação "Grupos" não apresentaram diferença significativa (Tabela 1). Além disso, o coeficiente de variação (cv) variou de 9,70% a 33,08%, respectivamente, para altura do fruto e massa do pirênio no grupo 1 (com espinhos); e de 9,23% a 28,05%, respectivamente, para rendimento de polpa e massa do pirênio no grupo 2 (sem espinhos).

Tabela 1. Resumo da análise de variância para caracteres de frutos de *Caryocar brasiliense* com e sem espinhos no endocarpo

Fonte de variação	GL	Quadrado médio										
		MF	AF	CF	LF	AP	CP	LP	MP	MC	EC	RP
Genótipos	19	336102,5 **	22,37 **	18,23 **	27,55 **	7,45 **	4,09 **	2,49 **	5361,08 **	256622,2 **	5,85 **	7257,08 **
Grupos	1	427866,4 **	18,55 **	16,22 **	27,55 **	33,61 **	0,10 ns	9,64 **	1,04 ns	452431 **	29,62 **	132032,7 **
Genótipo/Grupo	18	331004,6 **	22,58 **	18,34 **	27,55 **	5,99 **	4,31 **	2,09 **	5658,86 **	245744 **	4,53 **	325,10 **
Genótipo/Grupo 1	9	283393,2 **	8,04 **	16,41 **	16,37 **	6,36 **	5,30 **	2,65 **	7895,05 **	173141 **	1,83 **	473,17 **
Genótipo/Grupo 2	9	378615,9 **	37,12 **	20,27 **	13,10 **	5,63 **	3,31 **	1,53 **	3422,68 **	318346,9 **	7,23 **	177,03 **
Resíduo	580	18282,19	0,59	2,07	1,33	0,46	0,27	0,21	332,14	10242,28	0,08	55,63
CV (%) Grupo 1		31,06	9,70	14,26	11,49	11,69	11,36	11,25	26,41	33,08	19,36	14,60
CV (%) Grupo 2		27,66	9,29	13,81	13,22	10,82	11,29	11,99	26,44	28,05	14,81	9,23

MF: Massa do fruto (g); AF: Altura do fruto (cm); CF: Comprimento do fruto (cm); LF: Largura do fruto (cm); AP: Altura do pirênio (cm); CP: Comprimento do pirênio (cm); LP: Largura do pirênio (cm); MP: Massa de pirênio (g), MC: Massa de casca (g); EC: Espessura da casca (cm); RP: Rendimento de polpa (%). CV: Coeficiente de variação; Grupo 1: com espinhos; Grupo 2: sem espinhos. GL: Graus de Liberdade

Considerando a distribuição média das variáveis biométricas dos frutos de *C. brasiliense* analisados foi possível identificar frutos com massa variando de 321,43 g (UFU_B6) a 629,55 g (UFU_E9) no grupo com espinhos, e 301,746 g (UFU_B26) a 689,52 g (UFU_A9) para o grupo sem espinhos. O genótipo UFU_A9 apresentou altas estimativas para os caracteres Altura, Comprimento e Largura do fruto. No entanto, para o caráter Comprimento do fruto, o genótipo UFU_A9 não apresentou diferença significativa (teste de Scott-Knott, 5%) em relação aos genótipos UFU_E8, UFU_A17 e UFU_D8 (Tabela 2).

Em relação ao grupo com espinhos, os genótipos UFU_E9 e UFU_C2 apresentaram as maiores estimativas para altura, comprimento e largura do fruto. Porém, para esses dois últimos caracteres não houve diferença significativa em relação à maioria dos demais genótipos com espinhos no endocarpo (Tabela 2). O genótipo UFU_E9 apresentou a maior média para o caráter Massa do fruto (629,55 g) em relação aos demais genótipos. Na avaliação dos caracteres relacionados ao pirênio, os valores da variável massa do pirênio variaram de 40,21g (UFU_A8) a 103,67 g (UFU_A9) para o grupo com espinhos e, de 42,02 g (UFU_B26) a 78,55 g (UFU_E8) para o grupo sem espinhos, sendo este último estatisticamente igual aos genótipos UFU_E10, UFU_B1 e UFU_A17. Para o grupo com espinhos, o genótipo 3 (UFU_E9) apresentou os maiores valores para o caráter massa do pirênio (103,67 g), diferindo significativamente (teste de Scott-Knott a 5%) de todos os outros genótipos do grupo com espinhos (Tabela 2).

Em relação à Altura (6,55 cm), Comprimento (5,23 cm) e Largura do pirênio (4,66 cm) o genótipo UFU_E9 (com espinhos) apresentou os maiores valores (Tabela 2). Quanto aos genótipos pertencentes ao grupo sem espinhos, o genótipo 6 (UFU_E8) apresentou altas estimativas para os caracteres estudados, porém, apenas para o caráter Largura do pirênio a estimativa difere dos demais genótipos. Nos frutos com espinhos no endocarpo, a massa da casca variou de 207,97 g (UFU_B6) a 444,50 g (UFU_E9). Para frutos sem espinhos no endocarpo a massa da casca variou de 221,19 g (UFU_B26) a 559,88 g (UFU_A9). Para o caráter Espessura da casca houve variação de 1,13 cm (UFU_B6) a 1,86 cm (UFU_E9) no grupo com espinhos, e de 1,51 cm (UFU_B26) a 2,82 cm (UFU_D8) no grupo sem espinhos (Tabela 2).

Tabela 2. Médias de 20 genótipos de *Caryocar brasiliense* para caracteres fenotípicos de frutos

Genótipo	Fruto							
	Massa (g)		Altura (cm)		Comprimento (cm)		Largura (cm)	
	SE	CE	SE	CE	SE	CE	SE	CE
1	689,52a	358,50d	11,23a	7,90b	11h45	10,67a	9,84a	10,63a
2	416,83d	321,43d	7,70d	7,55c	10,12b	8,94 b	8,45c	8,91c
3	389,68e	629,55a	7,44d	8,79a	8,90c	10,54a	7,83d	10,51a
4	440,20d	370,36d	7,94c	7,73c	10,30b	8,95 b	8,54c	8,92c
5	301,74f	382,38d	7,07e	7,44c	9,23c	11,06a	7,67d	11,03a
6	501,09c	441,88c	8,06c	7,92b	10h90	10,27a	8,70b	10,24b
7	477,32c	415,36c	8,26c	7,76c	10,69b	10,06a	9,00b	10,03b
8	542,52b	554,30b	8,44b	8,94a	10,91a	10,72a	9,21b	10,69a
9	507,93c	498,02b	8,14c	8,21b	10,46b	10,20a	8,87b	10,14a
10	620,73a	381,72d	8,69b	7,52c	11,23a	9,48b	9,29b	9,44c
Média	488,76A	435,35B	8,33A	7,98B	10,42A	10,09A	8,74B	10,05A

Genótipo	Pirênio							
	Altura (cm)		Comprimento (cm)		Largura (cm)		Massa (g)	
	SE	CE	SE	CE	SE	CE	SE	CE
1	6,75a	6,11b	4,37b	4,63c	3,92b	4,23b	67,53b	65,47c
2	5,75d	5,54c	4,53b	4,36c	3,90b	3,88c	63,67b	60,30c
3	6,29b	6,55a	4,70a	5,23a	3,81b	4,66a	77,22a	103,67a
4	6,22b	4,89d	4,80a	3,64d	3,88b	3,57d	67,73b	40,21d
5	5,37d	5,73c	3,82c	4,41c	3,38d	4,15b	42,02c	66,87c
6	6,63a	5,63c	4,67a	4,57c	4,25a	4,08c	78,55a	63,71c
7	6,54a	5,71c	4,96a	4,86b	3,97b	3,92c	70,00a	65,17c
8	6,65a	6,21b	4,89a	4,65c	4,00b	4,26b	77,35a	77,62b
9	6,46b	6,17b	8,81a	4,91b	3,79b	4,37b	69,71b	80,12b
10	6,35b	5,74c	4,45b	4,72b	3,70c	4,00c	70,39b	66,88c
Média	6,30A	5,83B	4,60A	4,57A	3,86B	4,11A	68,91A	69,00A

Genótipo	Massa da casca (g)		Espessura da casca (cm)		Rendimento de polpa (%)	
	SE	CE	SE	CE	SE	CE
	SE	CE	SE	CE	SE	CE
1	559,88a	231,38d	2,80a	1,25c	81,37a	59,57a
2	299,01e	207,97d	1,69c	1,13c	80,19a	50,82b
3	264,64f	444,50a	1,64c	1,86a	74,29b	46,29c
4	308,21e	292,66c	1,68c	1,55b	80,34a	51,57b
5	221,19f	255,93d	1,51c	1,27c	81,17a	47,04c
6	342,80d	318,86c	1,62c	1,48b	81,06a	52,32b
7	336,99d	290,33c	1,67c	1,38b	81,60a	47,79c
8	407,56c	402,86a	1,84b	1,85a	82,39a	53,07b
9	375,18c	357,53b	1,63c	1,41b	81,32a	48,54c
10	492,20b	256,48d	2,82a	1,27c	82,84a	53,82b
Média	360,77A	305,85B	1,89A	1,44B	80,75A	51,75B

Genótipos sem espinhos - 1: UFU_A9; 2: UFU_E16; 3: UFU_E10; 4: UFU_B3; 5: UFU_B26; 6: UFU_E8; 7: UFU_B1; 8: UFU_A17; 9: UFU_C6; 10: UFU_D8. Genótipos com espinhos - 1: UFU_A2; 2: UFU_B6; 3: UFU_E9; 4: UFU_A8; 5: UFU_B16; 6: UFU_B25; 7: UFU_C16; 8: UFU_C2; 9: UFU_E18; 10: UFU_D14. As médias seguidas por letras minúsculas distintas na coluna diferem significativamente, a 5% de probabilidade, pelo teste de Scott-Knott.

Outro caráter avaliado foi o rendimento de polpa, ou seja, a quantidade percentual da massa total de pirênios que se destina ao consumo, sendo este um caráter interessante do ponto de vista comercial. O rendimento de polpa é considerado o mais importante por ser o que apresenta valor de mercado e consumo. O rendimento de polpa variou de 46,29% (UFU_E9) a 59,57% (UFU_A2) nos frutos com espinhos e, de 81,06% (UFU_E8) a 82,84% (UFU_D8) para o grupo sem espinhos (Tabela 2).

A comparação entre as médias dos dois grupos foi estatisticamente significativa (5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott) para a maioria dos caracteres, exceto para Comprimento do fruto e, Comprimento e massa do pirênio. Ao comparar os valores médios dos caracteres avaliados entre os grupos de *C. brasiliense* foi possível verificar que o grupo pertencente aos frutos sem espinhos possui os maiores valores, exceto para Largura do fruto (Tabela 2).

A variabilidade genética entre acessos de *C. brasiliense* com e sem espinhos no endocarpo pode ser confirmada pela diferença significativa observada para a maioria dos caracteres avaliados. Assim, a variabilidade genética nesta população é importante para futuros programas de melhoramento, conservação e manutenção da espécie, pois selecionar genitores divergentes geneticamente é mais eficaz para produzir progênie com maior efeito heterótico, além de permitir maior variabilidade nas gerações segregantes (Bahia et al. 2008).

Do ponto de vista do melhoramento genético, a variabilidade genética que realmente importa é referente aos caracteres fenotípicos, principalmente aqueles de importância econômica (Santos et al. 2018). Neste trabalho, os caracteres de importância econômica são aqueles relacionados aos pirênios. Pirênios com maiores estimativas de massa têm, consequentemente, maiores estimativas de comprimento, largura e altura. Em relação à massa do pirênio, pesquisas anteriores mostraram uma variação de 18,29 a 54,37 g (Santos et al. 2018) e entre 32,49 e 138,37 g (Correa et al. 2008), o que pode indicar o efeito da população sobre a variável (Vera et al. 2007).

Outros estudos com *C. brasiliense* que produzem frutos com espinhos no endocarpo apresentaram valores de massa do fruto inferiores aos encontrados nesta pesquisa, variando de 83,05 a 259,98 g (Silva et al. 2012) e de 46,93 a 165,16 g (Correa et al. 2008). Para uma espécie próxima, *Caryocar coriaceum*, foi relatada variação entre as matrizes, com médias de frutos de 46,26 a 140,23 g (Oliveira et al. 2009). No presente estudo as estimativas para frutos sem espinhos no endocarpo também são maiores em relação aos frutos com espinhos.

Para massa de casca, estudos anteriores mostraram que as médias entre as matrizes variaram de 61,57 a 220,00 g (Silva et al. 2012); e variação de 59,32 a 303,80 g para a população Mambai (GO) e 34,54 a 174,32 g para Araguapaz (GO) (Vera et al. 2007). Na presente pesquisa, verificou-se que a massa da casca representa a maior parte da massa total do fruto, corroborando com pesquisas anteriores que indicavam que a massa da casca representava 76,72% da massa total do fruto (Vera et al. 2005). Apesar da casca ser considerada um subproduto, existem estudos sobre a viabilidade de sua utilização na alimentação animal (Silva et al. 2016).

É importante considerar que a espécie, por ser uma planta nativa não cultivada, apresenta extensa variabilidade para os caracteres avaliados (Moura et al. 2013). Além disso, condições ambientais nas regiões produtoras de frutos, como regime de chuvas, qualidade do solo e patógenos, podem afetar a produtividade e influenciar a variação fenotípica observada (Alves et al. 2014; Ganga et al. 2010). Essa variabilidade é fundamental em programas de melhoramento para identificar plantas com características desejáveis (Neto et al. 2010).

Os valores dos coeficientes de variação (cv) encontrados para os caracteres, embora médios (variando de 9,23% a 33,08%), são considerados satisfatórios. Entretanto, a classificação dos coeficientes de variação deve considerar a espécie, o caráter avaliado, o número de repetições, o delineamento experimental, entre outros aspectos importantes (Silva et al. 2011).

Agrupamento e contribuição genética

A variação dos valores de dissimilaridade com base na distância euclidiana média padronizada foi de 2,52 a 0,26 indicando a presença de variabilidade genética entre esses acessos (Tabela 3). A combinação entre os acessos UFU_E9 e UFU_B26 ($d_{ii}' = 2,52$, com e sem espinhos, respectivamente) foi a mais divergente, seguida das combinações entre UFU_B6 e UFU_A9 ($d_{ii}' = 2,41$, com e sem espinhos, respectivamente), pois esses pares de acessos apresentaram as estimativas mais altas. Por outro lado, as menores divergências foram observadas entre os pares UFU_B1 e UFU_C6 ($d_{ii}' = 0,26$, ambos produtores de frutos sem espinhos no endocarpo), e entre UFU_C16 e UFU_B25 ($d_{ii}' = 0,31$, ambos sem espinhos).

Tabela 3. Medidas de dissimilaridade entre 20 genótipos de *Caryocar brasiliense* com base na distância euclidiana média padronizada

	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	18	20
1	1,00	1,36	1,44	0,49	0,54	0,61	0,87	0,71	0,68	1,95	1,01	1,25	0,99	1,59	1,04	1,00	1,17	1,10	1,65
2		1,85	0,79	1,10	0,85	0,75	1,43	1,14	0,40	2,41	1,07	0,97	1,21	1,12	1,51	1,45	1,66	1,42	2,04
3			2,21	1,39	1,23	1,28	0,73	0,76	1,49	1,68	1,71	1,76	1,57	2,52⁺	1,35	1,39	1,30	1,48	1,62
4				1,40	1,12	1,16	1,66	1,56	0,94	2,38	1,26	1,37	1,49	1,00	1,82	1,77	1,91	1,66	2,00
5					0,52	0,62	0,89	0,79	0,81	2,09	1,29	1,56	1,32	1,78	1,36	1,35	1,46	1,41	1,79
6						0,31	0,68	0,55	0,50	1,83	0,96	1,20	1,00	1,51	1,13	1,08	1,19	1,09	1,51
7							0,84	0,58	0,45	2,01	1,04	1,16	1,05	1,54	1,25	1,15	1,30	1,16	1,67
8								0,51	1,06	1,37	1,25	1,46	1,16	1,99	1,05	1,04	0,99	1,09	1,23
9									0,78	1,79	1,19	1,27	1,12	1,89	1,07	1,07	1,12	1,13	1,57
10										2,11	0,87	0,89	0,96	1,23	1,20	1,15	1,34	1,14	1,74
11											1,71	2,00	1,58	2,38	1,41	1,40	1,15	1,36	0,75
12												0,67	0,33	0,93	0,73	0,65	0,85	0,59	1,22
13													0,66	1,06	1,00	0,91	1,13	0,86	1,56
14														1,18	0,51	0,35	0,60	0,33	1,11
15															1,58	1,51	1,71	1,39	1,89
16																0,33	0,39	0,45	1,05
17																	0,32	0,26⁺⁺	1,01
18																		0,37	0,79
19																			0,94

Genótipos sem espinhos: UFU_A9; UFU_E16; UFU_E10; UFU_B3; UFU_B26; UFU_E8; UFU_B1; UFU_A17; UFU_C6; UFU_D8. Genótipos com espinhos: UFU_A2; UFU_B6; UFU_E9; UFU_A8; UFU_B16; UFU_B25; UFU_C16; UFU_C2; UFU_E18; UFU_D14. ⁺ Maior Distância, ⁺⁺ Menor distância

A partir da matriz de dissimilaridade foi realizado o método de otimização de Tocher. A análise do agrupamento dos 20 acessos por este método proporcionou a formação de seis grupos distintos (Tabela 4). Os grupos I e II foram os que apresentaram maior número de representantes, sendo agrupados exclusivamente genótipos que produzem frutos sem espinhos (grupo I) e genótipos que produzem frutos com espinhos (grupo II), pois juntos totalizam 70% dos 20 acessos estudados. Os grupos III (exclusivamente genótipos sem espinhos) e IV (exclusivamente genótipos com espinhos) agregaram 10% dos acessos avaliados, enquanto os grupos V (genótipo que produz frutos sem espinhos) e VI (genótipo que produz frutos com espinhos) foram constituídos por um acesso cada, indicando que os possíveis cruzamentos desses genótipos entre si (dentro de um mesmo grupo) diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos com maior variabilidade.

Tabela 4. Representação dos agrupamentos pelo método de otimização de Tocher com base na distância euclidiana média padronizada, estimada a partir de onze caracteres fenotípicos de frutos dos 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*.

Grupos	Genótipos
I	UFU_B1 UFU_C6 UFU_B3 UFU_A17 UFU_E8 UFU_E16 UFU_E10
II	UFU_B25 UFU_C16 UFU_D14 UFU_A2 UFU_B16 UFU_E18 UFU_C2
III	UFU_A9 UFU_D8
IV	UFU_B6 UFU_A8
V	UFU_B26
VI	UFU_E9

Para analisar o padrão de agrupamento das matrizes de *C. brasiliense*, adotou-se os métodos UPGMA, Ward, Ligação completa e Ligação simples. A correlação cofenética foi de 0,77 (UPGMA), 0,65 (Ward), 0,66 (ligação completa) e 0,71 (ligação simples), significativa pelo teste t ($p \leq 0,01$). Os valores obtidos pelos métodos UPGMA e ligação simples indicaram representação gráfica adequada das distâncias, pois foram superiores a 0,7 (Cruz et al. 2011) (Figura 1). Para identificar o padrão de agrupamento a partir de um dendrograma pode-se estabelecer um ponto de corte que deve ser realizado em locais onde haja alteração de alto nível (método subjetivo). Assim, adotou-se o corte em 60% das distâncias genéticas, e os

dendrogramas mostraram as matrizes distribuídas em seis (UPGMA) e oito grupos (Ligação simples) (Figura 1).

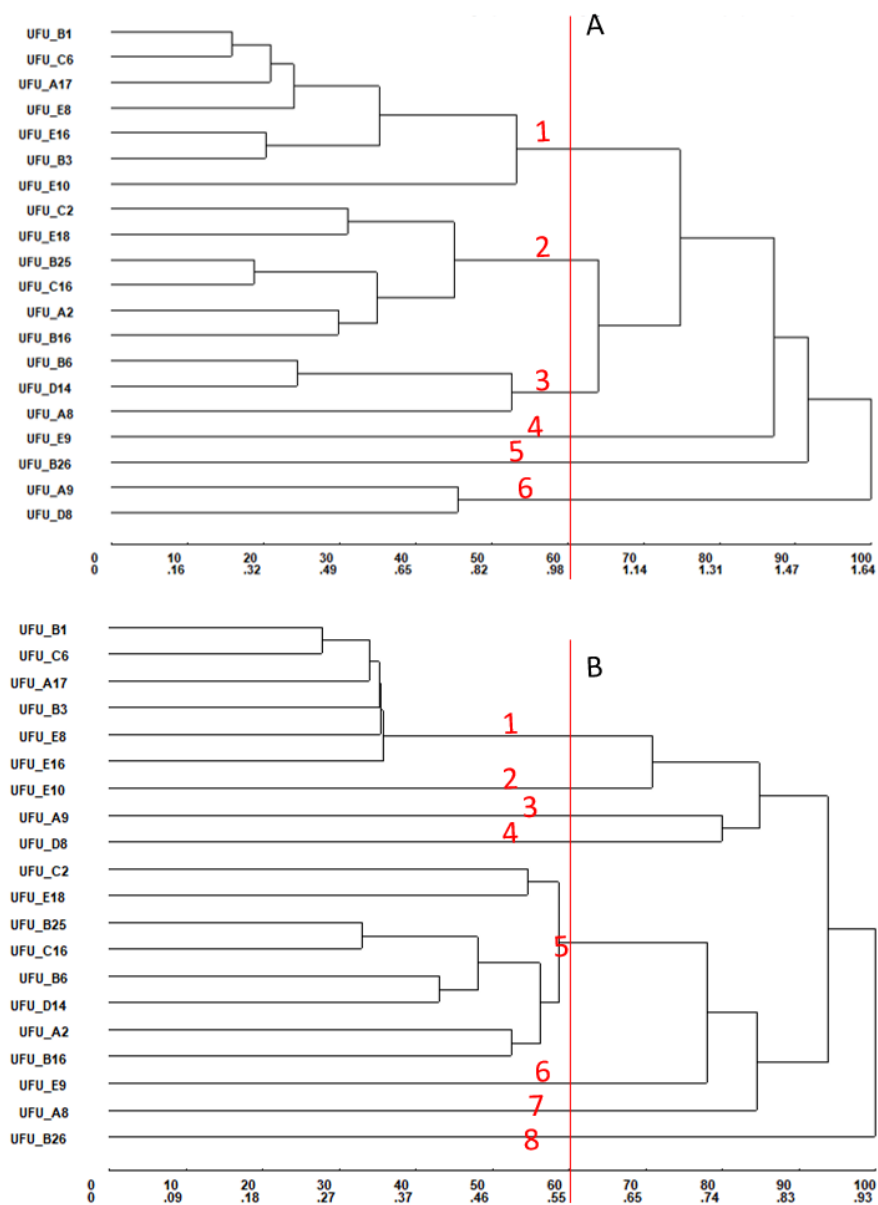


Figura 1. Dendrograma representando a dissimilaridade genética entre 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*, obtidos por diferentes métodos de agrupamento, utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada como medida de dissimilaridade. A: UPGMA; B: Ligação simples

O ponto de corte no dendrograma gerado pelo método UPGMA (Figura 1A) com base nos descritores quantitativos permitiu a formação de seis grupos. O grupo I apresentou sete acessos produtores de frutos sem espinhos. O Grupo II reuniu seis acessos que produzem frutos com espinhos. O grupo III com três genótipos que produzem frutos com espinhos. Os grupos IV (UFU_E9) e V (UFU_B26) possuem genótipos com e sem espinhos, respectivamente. O último grupo formado por este método reuniu os genótipos UFU_A9 e UFU_B8, ambos produtores de frutos sem espinhos. O agrupamento pelo método ligação simples permitiu maior poder de inclusão dos indivíduos, reunindo os genótipos em oito grupos (Figura 1B). O Grupo I representa seis acessos, todos produtores de frutos sem espinhos, semelhantes aos genótipos agrupados no Grupo I dos métodos descritos acima. O Grupo V reuniu oito acessos, produtores de frutos com espinhos. Os grupos II, III, IV possuem um genótipo cada, todos produtores de frutos sem espinhos, e os grupos VI, VII e VIII também possuem um genótipo cada, porém produzem frutos com espinhos no endocarpo.

Para discriminar o padrão de agrupamento empregou-se a análise de componentes principais (PCA). Os resultados mostraram que os dois primeiros componentes explicaram 77,85% da variação total, sendo PC1 responsável por 52,70% e PC2 por 25,14% (Tabela 5), cabendo neste caso uma representação gráfica bidimensional (Figura 2A).

Tabela 5. Estimativa dos autovalores associados aos componentes principais, importância relativa (%) e acumulada para os onze caracteres fenotípicos em 20 acessos de *Caryocar brasiliense*.

Componente	Variância	Variação (%)	Variância Acumulada (%)
PC1	5,7978	52,7080	52,7080
PC2	2,7658	25,1444	77,8524
PC3	1,4019	12,7452	90,5976
PC4	0,5404	4,9132	95,5109
PC5	0,2069	1,8810	97,3919
PC6	0,1522	1,3839	98,7759
PC7	0,0724	0,6583	99,4343
PC8	0,0433	0,3942	99,8286
PC9	0,0113	0,1031	99,9316
PC10	0,0065	0,0598	99,9915
PC11	0,0009	0,0084	100

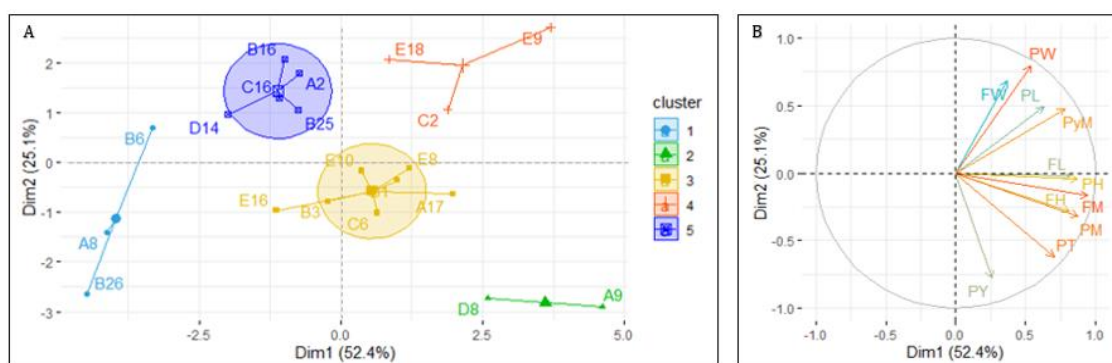


Figura 2. A: Dispersão gráfica em plano 2D de 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*. B: Dispersão gráfica dos onze caracteres medidos em frutos de 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*. FM: Massa do fruto (g); FH: Altura do fruto (cm); FL: Comprimento do fruto (cm); FW: Largura do fruto (cm); PH: Altura do Pireno (cm); PL: Comprimento do Pireno (cm); PW: Largura do Pireno (cm); PyM: Massa de pireno (g), PM: Massa de casca (g); PT: Espessura da casca (cm); PY: Rendimento de polpa (%)

Pela representação gráfica pode-se observar a formação de 5 grupos. O grupo 1 é o único com genótipos produtores de frutos sem espinhos (UFU_B26) e com espinhos (UFU_A8 e UFU_B6) no endocarpo. O grupo dois foi formado apenas por UFU_D8 e UFU_A9, ambos produtores de frutos sem espinhos. Grupo três pelos indivíduos UFU_E16, UFU_E10, UFU_E8, UFU_A17, UFU_C6, UFU_B1 e UFU_B3, todos produtores de frutos sem espinhos. Enquanto no grupo 4 estão os genótipos UFU_C2, UFU_E18 e UFU_E9 produtores de frutos com espinhos. O grupo 5 é representado pelos indivíduos UFU_B16, UFU_C16, UFU_D14, UFU_B25 e UFU_A2, todos genótipos produtores de frutos com espinhos no endocarpo.

O gráfico de dispersão das variáveis no primeiro e segundo componente principal revelou que todas os caracteres tiveram contribuições positivas para o primeiro componente. No segundo componente principal, o Rendimento de polpa, Espessura da casca, Massa da casca, Altura do fruto, Massa do fruto, Altura do pirênio e Comprimento do fruto apresentaram contribuições negativas, enquanto as contribuições de Largura do fruto, Massa do pirênio, Comprimento do pirênio e Massa da casca foram positivas (Figura 2B).

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética, segundo o método de Singh (1981), indicou que os caracteres Massa do fruto (55,5146), Massa da casca (42,3867) e Rendimento da polpa (1,1987) foram os que

mais contribuíram para a divergência entre os 20 acessos de *C. brasiliense* avaliados, totalizando 99,10% da contribuição total (Tabela 6).

Tabela 6. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência (Sj) entre 20 genótipos de *Caryocar brasiliense*, segundo critério de Singh (1981).

Variáveis	Sj	Valor %
Massa do fruto	4257299	55,5146
Altura do fruto	283,372	0,0037
Comprimento do fruto	230,9757	0,0030
Largura do fruto	348,9897	0,0046
Altura do pirênio	94,38768	0,0012
Comprimento do pirênio	51,76666	0,0007
Largura do pirênio	31,54855	0,0004
Massa do pirênio	67907,04	0,8855
Massa da casca	3250548	42,3867
Espessura da casca	74,15716	0,0010
Rendimento polpa	91923,02	1,1987
Total	7668792	7668792

A importância da variação genética dentro das populações em relação à variação entre elas é observada em várias espécies de plantas para diferentes caracteres fenotípicos (Silva et al. 2012; Costa et al. 2016; Soares et al. 2017). A análise gerada pelo método de Tocher separou os 20 genótipos de *C. brasiliense* em seis grupos. Resultado semelhante foi verificado no estudo de Mendes (Mendes 2019) e Gomes (Gomes 2022a e 2022b) em que a utilização do método de Tocher permitiu a separação em três grupos. Discriminar os indivíduos mais dissimilares é importante para futuros programas de melhoramento da espécie. A combinação entre indivíduos alocados em diferentes grupos pode fornecer genótipos com maior variabilidade (Bispo et al. 2014). A variação no tamanho de frutos e sementes dentro de uma mesma espécie representa uma resposta evolutiva ao estabelecimento da planta gerada pela heterogeneidade do habitat e pelos inimigos naturais (Real, 1980).

Neste estudo, aplicou-se os métodos UPGMA, Ward, Ligação completa e Ligação simples, com base na Distância Euclidiana Média padronizada como medida de dissimilaridade para a obtenção dos dendrogramas. Ao comparar esses resultados com o agrupamento pelo método de otimização de Tocher (Tabela 5) percebeu-se a formação de grupos com matrizes únicas para cada origem, e conforme observado nos dendrogramas, muitos desses grupos possuem genótipos coincidentes. Através da análise dos dendrogramas constatou-se que os genótipos foram agrupados com base na sua característica principal, ou

seja, se produzem frutos com ou sem espinhos no endocarpo, mostrando que a similaridade dos grupos em que os genótipos estão inseridos pode ter influenciado nos caracteres de frutos e pirênios.

O coeficiente de correlação cofenético (CCC) representa a confiabilidade entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma. O método UPGMA (CCC = 0,77) e Ligação simples (CCC = 0,71) foram os que expressaram CCC acima de 0,70 ($P \leq 0,01$), sendo satisfatórios para representar as distâncias genéticas entre acessos de *C. brasiliense* que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo (Figura 2). Com base nisso, poderão ser realizados cruzamentos entre indivíduos pertencentes aos agrupamentos geneticamente divergentes com o objetivo de obter progênies que expressem boas características produtivas e gerem genótipos com frutos de alta qualidade.

Em um contexto envolvendo vários caracteres, a contribuição de cada um deles dificilmente será a mesma para a divergência genética. Sendo assim o peso atribuído ao caráter para seleção não deve ser o mesmo em um programa de melhoramento (Singh, 1981). A situação ideal seria aquela em que o caráter mais importante fosse, também, o que mais contribui para a divergência. Dentre os caracteres avaliados a mais importante para o consumidor é o Rendimento de Polpa que, ao considerar as matrizes avaliadas, apresentou baixa contribuição (1,1987%) para a divergência genética (Tabela 6). No entanto, isso não significa que a variabilidade genética para esse caráter também seja baixa, pois, essa contribuição para a divergência é relativa aos demais caracteres.

Os componentes principais 1 e 2 explicaram, respectivamente, 52,71% e 25,14% da variabilidade encontrada na população estudada e, juntos, responderam por 77,85% da variância total. Assim, os dois primeiros componentes capturaram grande parte da estrutura dos dados e agruparam as variáveis que responderam pela maior parte da variação fenotípica na população de estudo. Houve concordância considerável entre os resultados da análise entre os métodos de agrupamento hierárquico e PCA. Embora essas ferramentas estatísticas sejam baseadas em princípios diferentes, elas foram muito eficientes em separar os genótipos em grupos geneticamente divergentes com base nos caracteres biométricos dos frutos.

Em estudos de caracterização morfológica de germoplasma são coletados dados de muitas variáveis, algumas das quais podem ser inadequadas para discriminar o germoplasma avaliado. Como tal, o PCA tem sido usado para revelar padrões e eliminar a redundância em conjuntos de dados (Das et al. 2017). Neste estudo, todos os caracteres contribuíram

significativamente para os dois primeiros PCs, que explicaram mais da metade da variância. Os caracteres associados aos primeiros PCs são mais úteis na diferenciação de germoplasmas. Portanto, esses caracteres devem ser considerados para a seleção. Os ângulos entre os vetores ilustram as estreitas relações entre os caracteres (Figura 2B). A distribuição dos acessos nos quatro quadrantes pelos onze caracteres sugere grande variabilidade (Figura 2A).

Correlações genéticas, fenotípicas e coeficiente de determinação genotípico

Para avaliar a existência de caracteres correlacionados foram estimados os coeficientes de correlação genética e fenotípica entre os caracteres em frutos de *C. brasiliense* com e sem espinhos no endocarpo (Tabela 7). Observou-se a ocorrência de 26 correlações significativas (1 e 5% de probabilidade pelo teste t) para caracteres de frutos de *C. brasiliense* com espinhos e 18 correlações significativas (1 e 5% de probabilidade pelo teste t) para caracteres de frutos de *C. brasiliense* sem endocarpo espinhoso.

Ao analisar as correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados em frutos com espinhos no endocarpo, o caráter massa do fruto apresentou correlação positiva e de alta magnitude com Altura do pirênio, Comprimento do pirênio, Largura do pirênio, Massa do pirênio, Massa da casca e Espessura da casca. Os resultados demonstraram que estes caracteres têm grande influência no caráter principal (massa do fruto). Conforme observado na Tabela 7, foram obtidas correlações fortes e positivas para a maioria dos pares, exceto para Comprimento do fruto que não se correlacionou com nenhum caráter, e rendimento de polpa cujos valores de correlação foram negativos de baixa magnitude, não correlacionado com nenhum outro caráter em estudo.

O caráter Largura do fruto correlacionou-se positivamente e com alta magnitude apenas com o caráter Comprimento do fruto, demonstrando que a largura do fruto está diretamente correlacionada com o comprimento do fruto.

Tabela 7. Estimativas dos coeficientes de correlação genético (abaixo da diagonal) e fenotípico (acima da diagonal) entre os caracteres de frutos com e sem espinhos no endocarpo.

Caracteres medidos em frutos com espinhos no endocarpo											
	MF	AF	CF	LF	AP	CP	LP	MP	MC	EC	RP
MF		0,91**	0,48	0,48	0,72*	0,67*	0,76**	0,83**	0,98**	0,88**	-0,39
AF	0,94 ⁺⁺		0,43	0,43	0,69*	0,54	0,67*	0,70*	0,90**	0,88**	-0,09
CF	0,47	0,44		0,99**	0,68*	0,58	0,71*	0,57	0,39	0,31	-0,07
LF	0,46	0,44	0,99 ⁺⁺		0,68*	0,57	0,71*	0,57	0,39	0,31	-0,07
AP	0,76 ⁺	0,71 ⁺	0,75 ⁺	0,75 ⁺		0,89**	0,96**	0,93**	0,58	0,40	-0,08
CP	0,69 ⁺	0,55	0,63 ⁺	0,63 ⁺	0,91 ⁺⁺		0,86**	0,89**	0,53	0,30	-0,29
LP	0,80 ⁺⁺	0,68	0,78 ⁺	0,78 ⁺	0,98 ⁺⁺	0,87 ⁺⁺		0,95**	0,64*	0,44	-0,19
MP	0,87 ⁺⁺	0,71 ⁺	0,62	0,62 ⁺	0,94 ⁺⁺	0,89 ⁺⁺	0,97 ⁺⁺		0,71*	0,5	-0,36
MC	0,98 ⁺⁺	0,92 ⁺⁺	0,38	0,37	0,61	0,55	0,66 ⁺	0,74 ⁺⁺		0,93**	-0,39
EC	0,91 ⁺⁺	0,91 ⁺⁺	0,33	0,33	0,39	0,29	0,44	0,52	0,96 ⁺⁺		-0,24
RP	-0,43	-0,09	-0,06	-0,59	-0,08	-0,31	-0,22	-0,39	-0,43	-0,27	
Caracteres medidos em frutos sem espinhos no endocarpo											
	MF	AF	CF	LF	AP	CP	LP	MP	MC	EC	RP
MF		0,86**	0,92**	0,94**	0,69*	0,21	0,33	0,46	0,98**	0,83**	0,36
AF	0,88 ⁺⁺		0,30	0,83**	0,61	0,08	0,28	0,29	0,87**	0,79	0,21
CF	0,96 ⁺⁺	-0,26		0,91**	0,62	0,23	0,40	0,46	0,89**	0,68*	0,30
LF	0,97 ⁺⁺	0,86 ⁺⁺	0,95 ⁺⁺		0,71*	0,34	0,40	0,52	0,95**	0,75*	0,38
AP	0,73 ⁺	0,63 ⁺	0,69 ⁺	0,76 ⁺⁺		0,74*	0,73*	0,89**	0,58	0,33	0,16
CP	0,23	0,07	0,28	0,36	0,77 ⁺		0,61	0,86**	0,02	-0,20	-0,15
LP	0,36	0,29	0,46	0,42	0,75 ⁺	0,63 ⁺		0,84**	0,15	-0,07	-0,11
MP	0,49	0,30	0,53	0,55	0,89 ⁺⁺	0,86 ⁺⁺	0,86 ⁺⁺		0,33	0,11	0,05
MC	0,98 ⁺⁺	0,88 ⁺⁺	0,92 ⁺⁺	0,96 ⁺⁺	0,59	0,02	0,15	0,34		0,89**	0,42
EC	0,86 ⁺⁺	0,79 ⁺⁺	0,73 ⁺	0,77 ⁺	0,34	-0,21	-0,08	0,11	0,91 ⁺⁺		-
											0,87**
RP	0,48	0,26	0,43	0,48	0,20	-0,21	-0,16	0,06	0,54	-0,090	

MF: Massa do fruto (g); AF: Altura do fruto (cm); CP: Comprimento do fruto (cm); LF: Largura do fruto (cm); AP: Altura do pirênio (cm); CP: Comprimento do pirênio (cm); LP: Largura do pirênio (cm); MP: Massa do pirênio (g); MC: Massa de casca (g); EC: Espessura da casca (cm); RP: Rendimento de polpa (%). ** e * Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t; ⁺⁺ e ⁺ Significativo a 1% e 5% pelo método Bootstrap com 5000 simulações

Em relação aos frutos sem espinhos no endocarpo, um padrão de correlação semelhante foi observado. O caráter Massa do fruto correlacionou-se positivamente e com alta magnitude com Comprimento do fruto, Largura do fruto, Altura do pirênio e Massa da casca. Neste grupo de frutos, o caráter Espessura da casca correlacionou-se positivamente e com alta magnitude

apenas com o caráter Massa da casca. Já o rendimento de polpa correlacionou-se negativamente, mas com alta magnitude apenas com a Espessura da casca.

Um parâmetro genético avaliado foi o coeficiente de determinação genotípico (H^2) que reflete a proporção da variância fenotípica que é atribuída a causas genéticas (Falconer e Mackay 1996) e expressa a confiabilidade do valor fenotípico influenciando a próxima geração. Neste estudo, a H^2 variou de 87,39% a 95,79% no grupo de frutos com espinhos e 68,57% a 98,91% no grupo de frutos sem espinhos (Tabela 8), sendo H^2 de alta magnitude quando as estimativas são iguais ou superior a 70% (Cruz e Carneiro 2003). Valores de H^2 acima de 70% sugerem que a seleção de indivíduos com base em seus caracteres pode ser uma estratégia eficaz para melhorá-los em gerações futuras.

Tabela 8. Estimativas dos valores de coeficiente de determinação genotípico para os caracteres fenotípicos de frutos com e sem espinhos no endocarpo.

Caracteres	H^2 (%) com espinhos	H^2 (%) sem espinhos	Caracteres	H^2 (%) com espinhos	H^2 (%) sem espinhos
MF	93,55	95,17	LP	91,92	86,02
AF	92,56	98,39	MP	95,79	90,29
CF	87,39	89,79	MC	94,08	96,78
LF	91,83	89,79	EC	95,71	98,91
AP	92,68	91,74	RP	88,24	68,57
CP	94,90	91,84			

MF: Massa do fruto (g); AF: Altura do fruto (cm); CP: Comprimento do fruto (cm); LF: Largura do fruto (cm); AP: Altura do pirênio (cm); CP: Comprimento do pirênio (cm); LP: Largura do pirênio (cm); MP: Massa do pirênio (g), MC: Massa de casca (g); EC: Espessura da casca (cm); RP: Rendimento de polpa (%).

O estudo das correlações entre os caracteres permite conhecer as mudanças que ocorrem em um caráter quando a seleção é feita em outro a ele correlacionado (Silva et al. 2012). Essas informações são úteis ao geneticista, principalmente quando a seleção de um caráter é dificultada por baixo H^2 ou dificuldade em sua mensuração e identificação (Cruz et al. 2012). A correlação fenotípica é estimada com base em dados avaliados diretamente e pode ser de causa genética ou ambiental. Correlações fenotípicas e genotípicas são úteis para definir estratégias de seleção, principalmente para aquelas com baixo H^2 .

Observou-se que o rendimento de polpa apresentou alto H^2 em ambos os grupos de pequizeiros (Tabela 9) e esse caráter correlacionou-se negativamente (significativo pelo teste t a 5%) com a Espessura da casca apenas para o grupo sem espinhos do endocarpo, para o

grupo com espinhos a correlação não foi significativa (Tabela 8). Assim, a alta correlação negativa entre esses dois caracteres indica que, para selecionar plantas com maiores estimativas de rendimento de polpa deve-se selecionar, indiretamente, aquelas com menores estimativas de espessura de casca. Trabalhos anteriores com frutos com espinhos mostraram forte correlação entre peso e largura do fruto; e foram encontradas correlações desfavoráveis significativas entre o peso e a espessura do fruto (Hernández et al. 2020). As associações positivas e significativas entre os caracteres relacionados à produtividade indicaram a possibilidade de seleção simultânea dos caracteres.

Alto H^2 expressa a correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos. Nesta pesquisa, todos os caracteres avaliados apresentaram altas estimativas de H^2 , demonstrando que as variações fenotípicas observadas na população de pequi em estudo são decorrentes de causas genéticas (Cruz et al. 2012). Embora não haja relatos de estimativas de H^2 para populações de pequi, principalmente com base na análise de seus frutos, em outras espécies tais estimativas são comuns (Jung et al. 2008; Giordani et al. 2012; Manfio et al. 2012; Júnior et al. 2014).

A utilidade de prever valores de coeficiente de determinação genotípico se justifica ao considerar, no processo de seleção, matrizes para as quais o fenótipo de interesse apresenta valores elevados (Real 1980). Assim, nos caracteres de pequi com e sem espinhos no endocarpo com alto H^2 descritos acima há uma resposta de seleção, indicando que as matrizes apresentam altos valores para um caráter, como, por exemplo, para Rendimento de Polpa, correspondente a 88,24 % para genótipos que produzem frutos sem espinhos e 68,57% para genótipos que produzem frutos com espinhos. Valores elevados de H^2 indicam alto controle genético e favorecem a seleção dos caracteres em estudo (Rosado et al. 2009). Os resultados apresentados para as estimativas de H^2 indicaram que a seleção pode ser focada nesses fenótipos, o que é favorável ao melhoramento genético.

É importante ressaltar que os valores de H^2 variam em relação aos caracteres e à população em estudo. Nesta pesquisa pode-se observar diferentes valores de H^2 para um mesmo caráter quando se compara os dois grupos de pequi. Uma vez que o H^2 quantifica a fração da variação fenotípica que é herdável e pode ser explorada na seleção (Rosado et al. 2009; Moraes et al. 2015), recomenda-se selecionar acessos que apresentem caracteres com altas estimativas de H^2 .

Conclusão

O estudo de variabilidade genética forneceu informações sobre a diversidade dos genótipos de *C. brasiliense* e como eles estão relacionados entre si. Os padrões de agrupamento indicaram que os indivíduos foram agrupados com base em sua similaridade genética. A existência de variabilidade genética mostrou que os genótipos têm diferenças genéticas distintas entre si, o que pode afetar suas características e adaptação ao ambiente. Os padrões de agrupamento podem ser utilizados para identificar grupos de indivíduos com características genéticas semelhantes, o que pode ser útil para a conservação da espécie e para a seleção de genótipos com características desejáveis em programas de melhoramento genético. Ao cruzar genótipos pertencentes a grupos altamente divergentes, é possível combinar características genéticas diferentes e, potencialmente, criar indivíduos com características desejáveis que não estavam presentes em nenhum dos genótipos parentais. Os resultados obtidos por diferentes métodos de análise como Tocher, UPGMA e componentes principais, foram semelhantes em relação à identificação da diversidade genética entre os genótipos. Ao agrupar plantas com base em sua variabilidade fenotípica foi possível selecionar genitores que apresentem características desejáveis para a produção e qualidade dos frutos. Além disso, a alta correlação entre alguns caracteres encontrada no estudo pode ser usada para reduzir o número de caracteres a serem estudados no germoplasma de *C. brasiliense* tornando a seleção mais eficiente.

Agradecimentos Os autores agradecem o financiamento da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico e à Fundação de Apoio Universitário.

Financiamento Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (APQ-01932-17)

Disponibilidade dos dados Os conjuntos de dados gerados e analisados durante o presente estudo estão disponíveis mediante solicitação ao autor correspondente

Referências

- Almeida GQD, Chaves LJ, Vieira MDC, Ganga RMD (2019) Agronomic evaluation of a *Hancornia speciosa* Gomes germplasm collection from the Brazilian Cerrado. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 19(1): 8–14. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019V19N1A02>
- Alves AM, Fernandes DC, Sousa AG de O, Naves RV, Naves MMV (2014) Physical and nutritional characteristics of pequi fruits from Tocantins, Goiás and Minas Gerais States. *Brazilian Journal of Food Technology* 17(3): 198–203. <https://doi.org/10.1590/1981-6723.6013>
- Araújo F de (1995) A review of *Caryocar brasiliense* (Caryocaraceae): an economically valuable species of the central Brazilian cerrados. *Economic Botany* 49(1): 40–48. <https://doi.org/10.1007/BF02862276>
- Bahia HF, Silva AS, Fernandez LG, Ledo CADS, Moreira R FC (2008) Genetic divergence in five castor bean cultivars. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 43(3):357–362. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000300010>
- Bispo RB, Rossi AAB, Bispo RB, Bispo RB, Dardengo JFE (2014) Análise da divergência genética de tamarindeiros cultivados em quintais no município de Alta floresta, MT por meio de diferentes métodos de agrupamento. *Enciclopédia Biosfera* 10(19): 1978–1987
- Braga KMS, Araujo EG, Sellke FW, Abid MR (2022) Pequi fruit extract increases antioxidant enzymes and reduces oxidants in human coronary artery endothelial cells. *Antioxidants (Basel)* 11(3):474. <https://doi.org/10.3390/antiox11030474>
- Brito, R. M., Barcia, M. T., Farias, C. A. A., Zambiasi, R. C., de Marchi, P. G. F., Fujimori, M., Honório-França, A. C., França, E. L., e Pertuzatti, P. B. (2022). Bioactive compounds of pequi pulp and oil extracts modulate antioxidant activity and antiproliferative activity in cocultured blood mononuclear cells and breast cancer cells. *Food e Nutrition Research*, 66. <https://doi.org/10.29219/FNR.V66.8282>
- Correa GC, Naves RV, Rocha MR, Chaves LJ, Borges JD (2008) Physical determinations in fruit and seeds of baru (*Dipteryx alata* Vog.), cajuzinho (*Anacardium othonianum* Rizz.) and pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) aiming genetic breeding. *Bioscience Journal* 24(4), 42–47

- Costa MF, Lopes AC de A, Gomes RLF, Araújo ASF, Zucchi, MI, Pinheiro JB, Valente SE dos S (2016) Characterization and genetic divergence of *Casearia grandiflora* populations in the Cerrado of Piauí state, Brazil. *Floresta e Ambiente* 23(3): 387–396. <https://doi.org/10.1590/2179-8087.007115>
- Cruz CD (2016) Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy* 38(4): 547–552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>
- Cruz CD, Carneiro PCS (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV, Ed.; 1st ed., Vol. 1.
- Cruz CD, Ferreira FM, Pessoa LA (2011) Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco: Suprema, 620p
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2012) Diversidade Genética. In Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. 4th ed., Vol. 1, pp. 392–429.
- Das S, Das SS, Chakraborty I, Roy N, Nath MK, Sarma D (2017) Principal component analysis in plant breeding. *Biomol. Rep*, 3, 1-3.
- Falconer DS, Mackay TFC (1996) Introduction to quantitative genetics. In Genetics. Vol. 167, Issue 4. Oxford Academic
- Ganga RMD, Ferreira AG, Lázaro JC, Ronaldo VN, Nascimento JL (2010) Characterization of fruits and trees from natural population of *Hancornia speciosa* Gomes of cerrado. *Revista Brasileira de Fruticultura* 32(1):101–113. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010005000019>
- Giordani SCO, Fernandes JSC, Tiron M, Santana RC (2012) Genetic parameters for growth traits in the early stages of the pequi tree. *Revista Ciencia Agronomica* 43(1):146–153. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100018>
- Gomes BH, Mendes MG, Faria MV, Bonetti AM, Nogueira APO (2022a). Genetic diversity of *Caryocar brasiliense* Cambess. (Caryocaraceae: Malpighiales) among genotypes producing fruits with and without thorns in the endocarp. *Scientia Forestalis*, 50:1-11. <https://doi.org/10.18671/scifor.v50.08>
- Gomes BH, Faria MV, Mendes MG, Bonetti AM, Oliveira-Júnior RJ, Nogueira APO (2022b). Genetic diversity and correlation between morphological traits of pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) with and without thorns at the endocarp. *An. Acad. Bras. Ciênc* .94:1-12. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202220210016>

- Gomes BH, Lima CF, Mendes MG, Bonetti AM, Fürstenau, Faria MV, Oliveira-Junior RJ, Nogueira APO (2019). Chemical composition and nutritional of pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) with and without thorns at the endocarp. *International Journal of Food Science and Nutrition* 4:48-55
- Hernández LH, Santos FA, Palomino EC, Tambarussi EV, Moraes CB (2020) Genetic variation of trees of *Caryocar brasiliense* for fruit morphometric traits. *Floresta e Ambiente* 28(2)1–3. <https://doi.org/10.1590/2179-8087-FLORAM-2018-0097>
- Jung MS, Vieira EA, Brancker A, Nodari RO (2008) Heritability and genetic gain in fruit of sweet passion fruit characters. *Revista Brasileira de Fruticultura* 30(1):209–214. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452008000100038>
- Júnior EB de A, Chaves LJ, Soares TN (2014) Genetic characterization of a germplasm collection of cagaiteira, A species native to the cerrado. *Bragantia* 73(3):246–252. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.0075>
- Kalisz S, Kramer EM (2007) Variation and constraint in plant evolution and development. *Heredity* 100(2):171–177. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800939>
- Kerr, W. E. (2007). Descoberta para a ciência do pequi sem espinhos no caroço. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29(1). <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100001>
- Kumar P, Sharma SD, Sharma NC, Devi M (2015) The path coefficient analysis of yield components for leaf nutrient concentrations in Mango (*Mangifera indica* L.) under rainfed agroclimatic conditions of north-west Himalaya. *Scientia Horticulturae* 190:31–35. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2015.02.042>
- Leão NVM, Felipe SHS, Emídio-Silva C, Moraes AC dos S, Shimizu ESC, Gallo R, Freitas ADD de Kato OR (2018) Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King.) from Parakanã Indigenous Land, Pará State, Brazil. *Australian Journal of Crop Science* 12(03): 435–443
- Manfio CE, Motoike SY, Resende MDV de, Santos CEM dos, Sato AY (2012) Avaliação de progênes de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Pesquisa Florestal Brasileira* 32(69):63. <https://doi.org/10.4336/2012.pfb.32.69.63>
- Mendes M (2019) Análise morfológica de pequi sem e com espinho (fruto de *Caryocar brasiliense*) e seus efeitos em *Drosophila melanogaster*. Dissertation, Federal University of Uberlandia. <https://doi.org/10.14393/UFU.TE.2019.2504>

- Moraes CB, Carvalho EV, Zimback L, Luz O dos S L, Pieroni GB, Mori ES, Leal TCA de B (2015) Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. *Revista Arvore* 39(6): 1047–1054. <https://doi.org/10.1590/0100-67622015000600007>
- Moura NF, Chaves LJ, Naves RV (2013) Caracterização física de frutos de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb) do cerrado. *Revista Árvore* 37(5):905–912. <https://doi.org/10.1590/S0100-67622013000500013>
- Moura NF, Chaves LJ, Naves RV, Aguiar AV de, Sobierajski, G da R (2014) Variabilidade entre procedências e progênies de Pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.). *Sci. For* 41(97):103-112
- Neto FVB, Leal NR, Gonçalves LSA, de Moraes Rêgo Filho, L, Amaral-Júnior AT (2010) Quantitative descriptors to estimate genetic divergence in castor bean genotypes based on multivariate analysis. *Revista Ciencia Agronomica* 41(2): 294–299. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902010000200018>
- Novaes CRDB, Mota EES, Novaes E, Telles, MPDC, Chaves, LJ (2018) Structure of the phenotypic variability of fruit and seed traits in natural populations of *Eugenia dysenterica* dc. (Myrtaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura* 40(3). <https://doi.org/10.1590/0100-29452018843>
- Nunes VV, Silva-Mann R, Souza JL, Calazans CC (2021) Geno-phenotypic diversity in a natural population of *Hancornia speciosa* Gomes: implications for conservation and improvement. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68(7):2869–2882. <https://doi.org/10.1007/S10722-021-01160-1/FIGURES/10>
- Oliveira MEB de, Guerra NB, Maia A de HN, Alves RE, Xavier D da S, Matos N M dos S (2009) Physical characteristics of pequi fruits from chapada do Araripe-CE. *Revista Brasileira de Fruticultura* 31(4): 1196–1201. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452009000400038>
- Ombredane AS, Silva LRA, Araujo VHS, Costa PL, Silva LC, Sampaio MC. et al. (2022) Pequi oil (*Caryocar brasiliense* Cambess.) nanoemulsion alters cell proliferation and damages key organelles in triple-negative breast cancer cells in vitro. *Biomed Pharmacother.* 9;153:113348. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2022.113348>.

- Palermo AC, Souza AM (2019) Morphometric analysis of fruits and seeds of *Annona crassiflora* Mart. (Annonaceae) from central Brazil. *Revista Árvore* 43(3). <https://doi.org/10.1590/1806-90882019000300004>
- Prance GT (2022). A synopsis of the Caryocaraceae. *Rodriguésia*, 73. <https://doi.org/10.1590/2175-7860202273062>
- Rajora OP, Pluhar AS (2003) Genetic diversity impacts of forest fires, forest harvesting, and alternative reforestation practices in black spruce (*Picea mariana*). *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische Und Angewandte Genetik* 106(7):1203–1212. <https://doi.org/10.1007/S00122-002-1169-9>
- Real LA (1980) Fitness, uncertainty, and the role of diversification in evolution and behavior. 115(5):623–638. <https://doi.org/10.1086/283588>
- Rosado AM, Rosado TB, Resende-Júnior MFR, Bhering LL, Cruz CD (2009). Predicted genetic gains by various selection methods in *Eucalyptus urophylla* progenies. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 44(12):1653–1659. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009001200014>
- Santos PHR. Dos, Giordani SCO, Soares BC, Silva FHL, Esteves EA, Fernandes JSC (2018). Genetic divergence in populations of *Caryocar brasiliense* Camb. from the physical characteristics of the fruits. *Revista Árvore* 42(1). <https://doi.org/10.1590/1806-90882018000100016>
- Sesay S, Ojo DK, Ariyo OJ, Meseka S, Fayeun LS, Omikunle AO, Oyetunde AO (2017) Correlation and path coefficient analysis of top-cross and three-way cross hybrid maize populations. *African Journal of Agricultural Research* 12(10):780-789. <https://doi.org/10.5897/ajar2016.11997>
- Silva ADL, Lage RRP, Faria-Filho DED, Azevedo I, Dias NA, Faria DED (2016) Farelo da casca de pequi na alimentação de poedeiras. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 38:151-154. <https://doi.org/10.4025/actascianimsci.v38i2.29240>
- Silva ARD, Cecon, PR, Rêgo ERD, Nascimento M (2011) Avaliação do coeficiente de variação experimental para caracteres de frutos de pimenteiras. *Revista Ceres*, 58(2):168-171. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2011000200006>
- Silva FH de L, Fernandes, JSC, Esteves EA, Titon M, Santana RC (2012) Populations, mother tree and plant age effects on physical traits in pequi fruits. *Revista Brasileira de Fruticultura* 34(3):806–813. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452012000300021>

- Singh D (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding 41(2):237-245
- Soares BC, Santos PHR dos, Silva FHLE, Esteves EA, Titon M, Fernandes JSC (2017) Repeatability of physical and chemical characteristics in pequi fruits. Revista Brasileira de Fruticultura, 39(2). <https://doi.org/10.1590/0100-29452017181>
- Tiwari DN, Tripathi SR, Tripathi MP, Khatri N, Bastola BR (2019) Genetic variability and correlation coefficients of major traits in early maturing rice under rainfed Lowland Environments of Nepal. Advances in Agriculture 1-9. <https://doi.org/10.1155/2019/5975901>
- Torres Silva G, Di Pietro Fernandes C, Hiane PA, Freitas KC, Figueiredo PS. et al. (2020) *Caryocar brasiliense* Cambess. pulp oil supplementation reduces total cholesterol, LDL-c, and Non-HDL-c in animals. Molecules. 3;25(19):4530. <https://doi.org/10.3390/molecules25194530>
- Vera R, Naves RV, Nascimento JL, Chaves LJ, Leandro W. M, de Souza ERB (2005) Caracterização física de frutos do pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) no Estado de Goiás. Pesquisa Agropecuária Tropical, 35(2):71-79
- Vera R., de Souza ERB, Fernandes EP, Naves RV, Júnior MSS, Caliar M, Ximenes PA (2007) Caracterização física e química de frutos do pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) oriundos de duas regiões no estado de Goiás, Brasil. Pesquisa Agropecuária Tropical, 37(2): 93-99

Capítulo III

Estimativas de parâmetros genéticos em progênes de meio irmãos de *Caryocar brasiliense* (Camb.) oriundas de matrizes que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo

Bruno Henrique Gomes^{1*} · Marcos Vieira de Faria¹ · Polianna Alves Silva Dias² · Ana Paula Oliveira Nogueira¹

* Autor correspondente: b.hgomes@hotmail.com

¹Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Instituto de Biotecnologia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, Campus Umuarama – Bloco 2E – Sala 244, Avenida Amazonas esquina com a Rua Acre, S/N, Bairro Umuarama, CEP: 38405-320, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Urutaí, Rod. Geraldo Silva Nascimento, Km-2,5 - Zona Rural, CEP: 75790-000, Urutaí, Goiás, Brasil

Resumo

O estudo apresenta as estimativas dos parâmetros genéticos para prever o potencial produtivo de genótipos de *Caryocar brasiliense* a partir de um teste de progênes de meio irmãos maternos. A espécie possui ampla variabilidade genética devido à sua vasta distribuição geográfica, resultando em fenótipos diversos entre indivíduos de diferentes populações. O objetivo deste trabalho foi utilizar modelos lineares mistos obtidos por REML/BLUP para estimar os valores genéticos das progênes a partir dos caracteres vegetativos: dias para a emergência, comprimento da raiz, comprimento do caule e diâmetro do caule, aos 6, 18 e 24 meses. Os resultados apontaram para uma menor variabilidade observada dentro das progênes em todos os caracteres avaliados, sugerindo que a seleção mais eficiente ocorreria entre as famílias de meio irmãos de *C. brasiliense*. As estimativas de herdabilidade para os caracteres de crescimento são baixas, indicando um baixo controle genético desses caracteres, o que implica que a seleção massal não seria suficiente para obter ganhos significativos no melhoramento da espécie. Os resultados também enfatizam a importância de considerar o efeito do ambiente e a interação genótipo-ambiente ao planejar estratégias de melhoramento genético. As estimativas de parâmetros genéticos indicaram significativa variabilidade genética para caracteres de crescimento, tornando a seleção com base nesses caracteres potencialmente eficiente para o melhoramento genético. Contudo, é essencial considerar os efeitos ambientais e a correlação entre caracteres de crescimento e características de interesse para tornar a seleção mais eficaz.

Palavras-chave: Pequiizeiro; Parâmetros genéticos; Seleção; BLUP; Conservação; Melhoramento genético

Introdução

O pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) é uma espécie nativa do Cerrado brasileiro e possui grande importância socioeconômica. Entretendo a fragmentação do Cerrado alinhada ao extrativismo e a ausência de cultivos comerciais têm colocado em risco a sobrevivência da espécie (Moura et al. 2013a; Moura et al. 2013b). Diante disso, uma das alternativas é o desenvolvimento de estratégias que visem a domesticação da espécie e o melhoramento genético.

A variabilidade genética existente no pequizeiro pode ser compreendida pela ampla distribuição geográfica da espécie que resulta em fenótipos diferentes entre os indivíduos de diferentes populações e dentro das populações. Muitos estudos desenvolvidos com o pequizeiro se concentram na caracterização fenotípica, constituição química de frutos e potenciais aplicações terapêuticas de seus metabólitos (Júnior et al., 2020; Miranda-Vilela et al., 2009; Nascimento-Silva & Naves, 2019; Santos et al., 2018) sendo incipientes os estudos que promovam a seleção de matrizes para programas de melhoramento genético (Gomes et al. 2022). Os programas de melhoramento genético são úteis para direcionar os recursos genéticos disponíveis para o desenvolvimento de genótipos que produzam frutos de alta qualidade. Além disso, a seleção de sementes para a produção de mudas e ampliação da base genética é fundamental para a sobrevivência e manutenção da espécie.

No melhoramento genético de plantas perenes é comum a presença de dados desbalanceados. Desta forma, para estimar parâmetros e prever valores genéticos a melhor abordagem são os modelos lineares mistos, especialmente com as metodologias *Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction* (REML/BLUP) (Bergo et al. 2019; Araujo et al. 2019). Nessa metodologia é possível obter estimativas mais precisas, permitindo a comparação de indivíduos ao longo do tempo (anos ou gerações) e espaço (locais), ao mesmo tempo em que utiliza grande número de dados e corrige efeitos ambientais (Assis e Resende 2011). O uso do REML/BLUP tem sido bem aplicado em diferentes espécies florestais como *Euterpe oleracea* (Farias-Neto et al. 2012; Navegantes et al. 2018), *Elaeis guineensis* (Campos-Mondragón et al. 2009), *Eucalyptus urophylla* (Rosado et al. 2009) e *Acrocomia aculeata* (Coser et al. 2016; Rosado et al. 2019).

O pequizeiro possui grande valor socioeconômico devido as suas propriedades medicinais e alimentícias (Gomes et al. 2022; Almeida et al. 2018). No entanto, sua exploração

tem sido realizada de forma não sustentável, ocasionando a diminuição das populações naturais da espécie. Diante disso, realizar estudos de seleção e pré-melhoramento são úteis para o desenvolvimento de plantios comerciais, sendo o teste de progênie uma ferramenta importante na seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento genético de pequiizeiro. Assim, objetivou-se selecionar e identificar indivíduos oriundos e 19 famílias de meio irmãos maternos empregando o procedimento REML/BLUP como estratégia de seleção.

Material e métodos

O experimento foi conduzido com progênies oriundas de 19 matrizes, sendo nove produtoras de frutos sem espinhos no endocarpo e dez produtoras de frutos com espinhos mantidas no Banco de Germoplasma de Pequiizeiros, na Estação Experimental Água Limpa da Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, MG (19°05'15.1"S 48°21'32.3"W).

Em cada matriz foram amostrados frutos, entre janeiro e fevereiro de 2021, após queda natural. Os frutos coletados foram selecionados por suas qualidades fitossanitárias, evitando coletar frutos apodrecidos ou abertos. Após a coleta, os frutos foram transportados para o Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas do Instituto de Biotecnologia da Universidade Federal de Uberlândia. Os frutos foram lavados com água corrente, abertos e retirados os pirênios (unidade dispersiva que contém a semente), que por sua vez foram despolidos e colocado para secar à sombra por 15 dias. Após o tempo de secagem, os pirênios contendo a semente alojada no endocarpo foram imersos em solução de ácido giberélico 500 mg.L⁻¹ por quatro dias. Após o tratamento com ácido giberélico foram semeadas individualmente em copos plásticos de 200 ml contendo areia, sendo regadas duas vezes ao dia e mantidas em casa de vegetação.

Quando foi observado emergência das plântulas, elas foram codificadas e anotado a data da observação. A germinação foi acompanhada até que em um período de 14 dias de observação não foi verificada nenhuma emergência, encerrado o período de avaliação da emergência após seis meses da semeadura. Os seguintes caracteres foram avaliados: dias para a emergência (DPE), comprimento da raiz (CR) em centímetros, comprimento do caule (CC) em centímetros e diâmetro do caule (DC), em milímetros, medido na altura do solo. As plantas foram transferidas para sacos plásticos com capacidade para 2 litros contendo substrato vegetal

comercial (composição: adubo orgânico, cama de aves, carvão vegetal, casca de arroz carbonizada, casca de Pinus, extrato de pirolenhoso e vermiculita), onde permaneceram por 24 meses. Aos 18 meses e aos 24 meses, após a semeadura, as progênies tiveram os caracteres de comprimento do caule, diâmetro do caule, incremento em altura (ICA) e incremento em diâmetro (ICD) mensurados.

O delineamento estatístico utilizado foi em blocos ao acaso com oito repetições e nove sementes por parcela, totalizando 1368 sementes. As análises estatísticas foram realizadas por meio de modelos lineares mistos, considerando o desbalanceamento (variação no número de mudas por matrizes e por procedência) no número de plantas por tratamento, uma vez que nem todas as sementes germinaram.

Análise dos dados

Para a estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, baseados nos caracteres quantitativos avaliados, foi ajustado um modelo linear misto a partir do pacote estatístico *lme4* (Bates et al. 2014), o qual é indicado para análise de modelos mistos a partir do método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada) a fim de prever os valores genéticos das progênies. Os BLUPs foram estimados a partir do modelo: $Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + f_{jk} + (tb)_{ij} + (tb)_{jkl} + e_{ijkl}$, em que, Y_{ijkl} é o valor fenotípico do l -ésimo indivíduo da k -ésima progênie da j -ésima procedência na i -ésima repetição; μ é o termo fixo da média geral do caráter em análise; b_i é o efeito fixo da i -ésima repetição; t_j é o efeito aleatório da j -ésima procedência; $f_{j:k}$ é o efeito aleatório da k -ésima progênie na j -ésima procedência; $(tb)_{ij}$ é o efeito da interação entre a j -ésima procedência e a i -ésima repetição; $(fb)_{j:ki}$ é o efeito da interação entre a i -ésima repetição e a k -ésima progênie da j -ésima procedência; e_{ijkl} é o efeito do erro experimental relativo da l -ésima árvore dentro da k -ésima progênie da j -ésima procedência na i -ésima repetição.

Foi utilizado o pacote *lmerTest* (Kuznetsova et al. 2017) para extrair e testar os efeitos aleatórios e fixos, bem como as suas respectivas significâncias, por meio do teste de Qui-Quadrado (χ^2) para os efeitos aleatórios e o teste F para o efeito fixo (bloco). Utilizando a abordagem de modelos mistos foram obtidas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, foi calculada a média harmônica ($\bar{x}_h$) para o número de repetições de acordo com Resende (2004), para estimar a variância fenotípica (σ_f^2), no qual:

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{\underline{x}h}$$

em que,

σ_f^2 = variância fenotípica;

σ_g^2 = variância genotípica;

σ_e^2 = variância ambiental; e

$\underline{x}h$ = média harmônica do número de repetições.

A herdabilidade em nível de média de progênes (h_m^2) foi obtida por meio da razão $h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$. A acurácia seletiva (Ac) foi obtida por meio da raiz quadrada da herdabilidade a nível de média de indivíduo ($\sqrt{h_m^2}$), enquanto os parâmetros de coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação relativa (CVr) foram estimados, respectivamente, de acordo com as equações: $CVe = \frac{\sqrt{\sigma_e}}{m} * 100$; $CVg = \frac{\sqrt{\sigma_g}}{m} * 100$; $CVr = \frac{cv_g}{cv_e} * 100$. Em que CVe = coeficiente de variação ambiental, em porcentagem (%); CVg = coeficiente de variação genético, em porcentagem (%); CVr = coeficiente de variação relativa; m = média geral do experimento para determinado caráter.

Resultados

Na análise preliminar realizada para verificar a significância dos efeitos do modelo ajustado, os caracteres comprimento do caule (CC) e dias para a emergência (DPE) para o efeito de progênie mostraram-se estatisticamente significativos pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) aos seis meses após a semeadura (Tabela 1). Observa-se que os efeitos de grupo, ou seja, de matrizes que produzem frutos com ou sem espinhos no endocarpo, não foi significativo pelo LRT, ao nível de significância estabelecido, em nenhuma das três épocas de avaliação.

Tabela 1. Efeitos aleatórios e fixos do modelo misto ajustado, a partir dos caracteres avaliados, em teste de progênie de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* aos 6, 12 e 24 meses após a semeadura

Efeitos aleatórios	LRT (χ^2)			
	6 meses			
	CR	CC	DC	DPE
Progênie	1,235 ^{ns}	6,4861*	0,5556 ^{ns}	8,685**
Grupo	0,0216 ^{ns}	0,0074 ^{ns}	0,7419 ^{ns}	0,141 ^{ns}
Bloco: Progênie	5,99496*	2,1508 ^{ns}	3,4614 ^{ns}	16,090***
Valor F				
Efeito Fixo				
Bloco	1,824 ^{ns}	7,4211 ^{ns}	5,7285***	2,2274*
Efeitos aleatórios	LRT (χ^2)			
	18 meses			
	CC	ICA	DC	ICD
Progênie	0,621 ^{ns}	0,305 ^{ns}	8,179**	7,977**
Grupo	0,090 ^{ns}	0,134 ^{ns}	0,127 ^{ns}	0,185 ^{ns}
Bloco: Progênie	0,415 ^{ns}	0,854 ^{ns}	13,101***	14,290***
Valor F				
Efeito Fixo				
Bloco	1,432 ^{ns}	2,050 ^{ns}	2,049 ^{ns}	1,946 ^{ns}
Efeitos aleatórios	LRT (χ^2)			
	24 meses			
	CC	ICA	DC	ICD
Progênie	5,781*	2,234 ^{ns}	2,616 ^{ns}	8,028**
Grupo	1,589 ^{ns}	0,467 ^{ns}	0,962 ^{ns}	0,047 ^{ns}
Bloco: Progênie	0000	0000	0,615*	0,331 ^{ns}
Valor F				
Efeito Fixo				
Bloco	0,6423 ^{ns}	0,8136 ^{ns}	1,874 ^{ns}	0,936 ^{ns}

χ^2 : Chi-quadrado; * e * * e *** significativo a 5%, 1% e 0,1% ns: não significativo; LTR: Teste de razão da verossimilhança. CR: Comprimento da raiz (cm); CC: Comprimento do caule (cm); DC: Diâmetro do caule (mm); DPE: Dias para a emergência; ICD: Incremento em diâmetro; ICA: Incremento em altura

Nas avaliações realizadas aos 18 meses após a semeadura, os caracteres DC e ICD mostraram-se estatisticamente significativos pelo LRT para o efeito de progênie (Tabela 1). Após 24 meses da semeadura, os caracteres CC e ICD foram estatisticamente significativos para efeito de progênes (Tabela 1). Embora as progênes apresentaram efeito significativo pelo LRT, indicando que há variação genética que pode ser explorada por meio da seleção, a magnitude dos componentes de variância foi baixa (Tabela 2). Isso significa que a proporção da variabilidade total dos caracteres que pode ser atribuída à variação genética (ou seja, às diferenças entre as progênes) é relativamente pequena em comparação com outros fatores, como as diferenças ambientais entre as parcelas ou as diferenças não genéticas entre

indivíduos dentro das progênies.

É possível observar que a variância genética aditiva (σ_A^2) supera a variância genética entre e dentro de progênies, para todos os caracteres avaliados, variando de 0,02 para ICD aos 18 meses a 140,95 para CC aos 24 meses (Tabela 2). Para estimar a magnitude da variabilidade genética existente nas progênies de *C. brasiliense* e entender a sua importância para o melhoramento da espécie foram utilizadas as estimativas de herdabilidade. Neste estudo, as maiores estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h_i^2) foram observadas para o caráter CC (2,28%) e ICD (3,21%) avaliados aos 24 meses. Para todos os caracteres avaliados as estimativas de h_i^2 variaram de 0,67% a 3,21% (Tabela 2). As herdabilidades dentro das progênies (h_d^2) foram consideradas de baixa a média magnitude, variando de 3,32 para DC aos 6 e 18 meses, a 43,91 para CR aos 6 meses e CC aos 18 meses. Os resultados da herdabilidade média das progênies (h_m^2) foram baixos, exceto para o caráter DC (69,99) aos seis e 18 meses, indicando que a seleção pode ser eficaz usando esta informação das progênies.

O coeficiente de variação genético (CV_g) variou de 0,64 a 33,96 sendo o ICD aos 18 meses o caráter com o maior CV_g (Tabela 2). Embora a variabilidade genética seja relativamente baixa, ainda é possível obter ganhos genéticos por meio da seleção criteriosa das melhores progênies. O coeficiente de variação genético individual (CV_{gi}) que é estimado com base na variância genética aditiva, apresentou variação entre os caracteres variando de 10,01 para as variáveis DC aos seis meses e DC aos 18 meses, a 50,0 para ICA aos 24 meses. O menor valor de coeficiente de variação experimental (CV_e) ocorreu para o caráter CC (1,32) aos seis meses, e para IA (1,32) e, o maior para CC (47,08) aos 24 meses.

Os valores de coeficiente de variação relativo (b) foram considerados baixos para os caracteres avaliados, sendo o ICD aos 18 meses o caráter com o maior valor (11,28) (Tabela 2). No entanto, é importante ressaltar que os valores de coeficiente de variação relativo podem ser influenciados pelos valores de CV_g e CV_e utilizados na sua estimativa.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres juvenis em progênies de *Caryocar brasiliense* avaliadas aos seis, 18 e 24 meses após a semeadura em casa de vegetação

Estimativas de Parâmetros Genéticos	Caracteres											
	6 meses				18 meses				24 meses			
	CC	CR	DC	DPE	CC	ICA	DC	ICD	CC	ICA	DC	ICD
Variância Genética	2,15	0,18	0,02	9,77	0,18	2,15	0,02	0,01	35,24	7,00	0,20	0,09
Variância Genética Aditiva	8,61	0,72	0,08	39,06	0,72	8,61	0,08	0,02	140,96	26,00	0,81	0,38
Variância entre progênies	1,57	0,51	0,08	13,95	0,51	1,57	0,08	0,01	0,00	0,00	0,39	0,02
Variância dentro de progênies	0,06	0,01	0,02	1,14	0,01	0,06	0,02	0,00	26,42	3,00	0,11	0,01
Variância Fenotípica	3,78	0,70	0,12	24,86	0,70	3,78	0,12	0,01	61,66	9,00	0,70	0,12
Herdabilidade no sentido restrito (h^2_i)	2,28	1,03	0,67	1,57	1,03	2,28	0,67	1,57	2,29	3,00	1,17	3,21
Herdabilidade dentro de progênies (h^2_d)	15,99	43,91	3,33	25,62	43,91	15,99	3,33	24,46	4,00	7,00	5,56	49,87
Herdabilidade média de progênies (h^2_m)	0,92	0,74	69,99	0,85	0,74	0,92	69,99	0,85	0,99	1,00	26,14	0,98
Coeficiente de variação genético (CV_g)	8,24	5,79	5,01	0,64	5,79	8,24	5,01	33,96	8,18	25,00	8,04	17,78
Coeficiente de variação genético aditivo (CV_{gi})	16,48	11,57	10,01	14,86	11,57	16,48	10,01	17,19	16,37	50,00	16,08	24,20
Coeficiente de variação experimental (CV_e)	1,33	1,51	4,75	2,54	1,51	1,33	4,75	3,01	7,09	16,00	5,90	2,97
Acurácia na seleção de progênies	0,96	0,86	0,87	0,92	0,86	0,96	0,84	0,92	1,00	1,00	0,82	0,99
Coeficiente de variação relativo (b)	6,22	3,83	1,05	0,25	3,83	6,22	1,05	11,28	1,16	2,00	1,36	5,99
Média	17,80	7,33	2,84	42,05	7,33	17,80	2,84	0,79	72,54	10,00	5,61	2,54

CR: Comprimento da raiz (cm); CC: Comprimento do caule (cm); DC: Diâmetro do caule (mm); DPE: Dias para a emergência; ICA: Incremento em altura; ICD: Incremento em diâmetro

Observou-se que a acurácia seletiva foi alta para todos os caracteres em todos os períodos de avaliação. Isso indica que as estimativas dos valores genéticos para esses caracteres são confiáveis e precisas. A alta acurácia sugere que a variação experimental foi controlada adequadamente e que as estimativas dos valores genéticos são consistentes e robustas. Dessa maneira, as progênies que possuem maior valor genético (BLUP) ou maior desempenho produtivo para os caracteres avaliados (Figura 1 e Tabela 3) podem ser testadas em programas de melhoramento.

Por meio da Figura 1 pode-se observar a classificação das melhores famílias para os caracteres em estudo, além daquelas que tiveram os piores desempenhos para os caracteres mensurados nos três períodos de avaliação. Dados os caracteres em estudo deve-se escolher indivíduos que possuem as maiores estimativas para CR, CC, DC, ICA e ICD e menores estimativas para DPE.

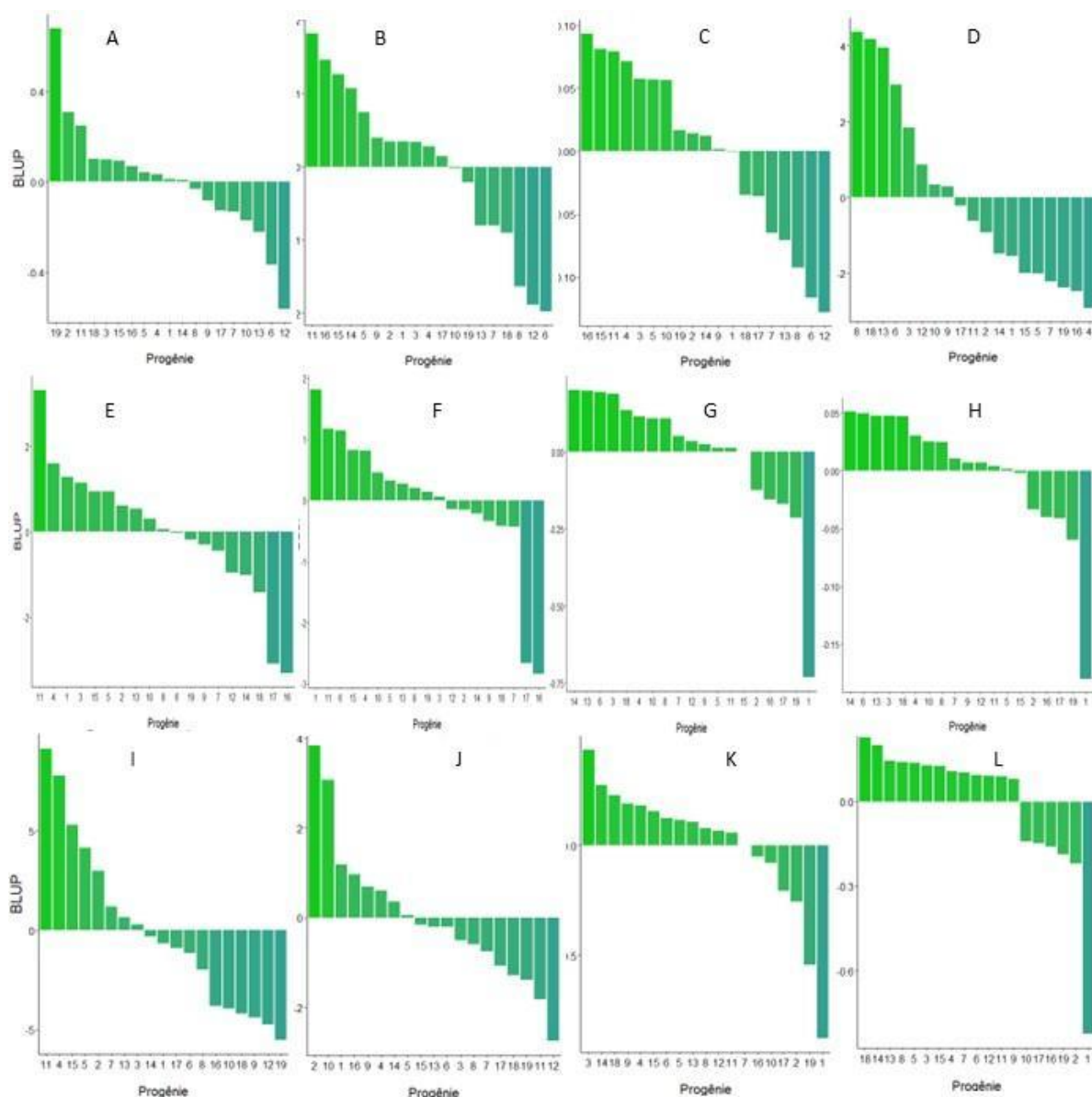


Figura 1. Famílias de *Caryocar brasiliense* ranqueadas utilizando a Melhor predição linear não viesada (BLUP). Aos seis meses - A: Comprimento da raiz; B: Comprimento do caule; C: Diâmetro do caule; D: Dias para a emergência. Aos 18 meses - E: Comprimento do caule; F: Incremento em altura; G: Diâmetro do caule; H: Incremento em diâmetro. Aos 24 meses I: Comprimento do caule; J: Incremento em altura; K: Diâmetro do caule; L: Incremento em diâmetro.

Assim, como no ordenamento para potenciais genitores, aos seis meses após a semeadura, observou-se a presença de indivíduos pertencentes às progênies 19, 2 e 11 para CR; 11, 16 e 15 para CC; 16; 15 e 11 para DC; e 4, 16 e 7 para DPE. Já aos 18 meses após a

semeadura, verifica-se as famílias 11, 14 e 1 para CC. Aos 24 meses as famílias 11, 4 e 15 para CC, 2, 10 e 1 para ICA, 3, 14 e 18 para DC e 18, 14 e 13 para ICD. Além dos BLUPS das famílias de progênies de meio irmãos de *Caryocar brasiliense* foram obtidos, também, os BLUPS individuais, os quais foram ordenados e ranqueados.

A sobrevivência das progênies variou durante o período de avaliação, diminuindo com o passar do tempo. Foram 485 indivíduos aos seis meses, 188 aos 18 meses, e ao final de 24 meses restaram 136 progênies, nas quais a seleção foi realizada com base nos BLUPS individuais. Desta forma, as 30 melhores progênies se encontram na Tabela 4. A seleção dos 30 melhores indivíduos para os caracteres em análise ao final de 24 meses, visando transformar o teste de progênies em pomar de sementes por mudas por meio do ranking dos melhores indivíduos para o caráter escolhido.

Tabela 3. Ordenação dos valores preditos via REML/BLUP avaliados em 19 famílias de meio irmãos (FMI) de *Caryocar brasiliense*, após três épocas de avaliação em casa de vegetação

6 meses								18 meses								24 meses							
FMI	CC	FMI	CR	FMI	DC	FMI	DPE	FMI	CC	FMI	ICA	FMI	DC	FMI	ICD	FMI	CC	FMI	ICA	FMI	DC	FMI	ICD
11	1,82	19	0,68	16	0,09	8	4,37	19	0,68	11	1,82	16	0,09	14	0,05	11	9,15	2	3,84	3	0,43	18	0,23
16	1,46	2	0,31	15	0,08	18	4,19	2	0,31	16	1,46	15	0,08	6	0,05	4	7,80	10	3,07	14	0,27	14	0,20
15	1,26	11	0,25	11	0,08	13	3,96	11	0,25	15	1,26	11	0,08	13	0,05	15	5,33	1	1,18	18	0,23	13	0,15
14	1,07	18	0,10	4	0,07	6	2,98	18	0,10	14	1,07	4	0,07	3	0,05	5	4,18	16	0,97	9	0,19	8	0,14
5	0,75	3	0,10	3	0,06	3	1,84	3	0,10	5	0,75	3	0,06	18	0,05	2	3,01	9	0,69	4	0,18	5	0,14
9	0,40	15	0,09	5	0,06	12	0,87	15	0,09	9	0,40	5	0,06	4	0,03	7	1,20	4	0,60	15	0,16	3	0,13
2	0,35	16	0,07	10	0,06	10	0,34	16	0,07	2	0,35	10	0,06	10	0,03	13	0,65	14	0,36	6	0,12	15	0,13
1	0,35	5	0,04	19	0,02	9	0,28	5	0,04	1	0,35	19	0,02	8	0,03	3	0,30	5	0,05	5	0,12	4	0,11
3	0,34	4	0,03	2	0,01	17	-0,23	4	0,03	3	0,34	2	0,01	7	0,01	14	-0,31	15	-0,17	13	0,11	7	0,10
4	0,28	1	0,01	14	0,01	11	-0,62	1	0,01	4	0,28	14	0,01	9	0,01	1	-0,68	13	-0,20	8	0,08	6	0,09
17	0,15	14	0,01	9	0,00	2	-0,93	14	0,01	17	0,15	9	0,00	12	0,01	17	-0,90	6	-0,20	12	0,07	12	0,09
10	-0,02	8	-0,03	1	0,00	14	-1,49	8	-0,03	10	-0,02	1	0,00	11	0,00	6	-1,15	3	-0,51	11	0,06	11	0,09
19	-0,21	9	-0,08	18	-0,03	1	-1,55	9	-0,08	19	-0,21	18	-0,03	5	0,00	8	-1,98	8	-0,60	7	0,00	9	0,08
13	-0,80	17	-0,13	17	-0,04	15	-2,00	17	-0,13	13	-0,80	17	-0,04	15	0,00	16	-3,81	7	-0,76	16	-0,05	10	-0,14
7	-0,80	7	-0,13	7	-0,07	5	-2,02	7	-0,13	7	-0,80	7	-0,07	2	-0,03	10	-3,95	17	-1,07	10	-0,08	17	-0,15
18	-0,90	10	-0,17	13	-0,07	7	-2,22	10	-0,17	18	-0,90	13	-0,07	16	-0,04	18	-4,19	18	-1,29	17	-0,21	16	-0,16
8	-1,64	13	-0,22	8	-0,09	19	-2,38	13	-0,22	8	-1,64	8	-0,09	17	-0,04	9	-4,40	19	-1,39	2	-0,26	19	-0,19
12	-1,89	6	-0,37	6	-0,12	16	-2,48	6	-0,37	12	-1,89	6	-0,12	19	-0,06	12	-4,74	11	-1,82	19	-0,54	2	-0,22
6	-1,97	12	-0,56	12	-0,13	4	-2,92	12	-0,56	6	-1,97	12	-0,13	1	-0,18	19	-5,51	12	-2,74	1	-0,87	1	-0,82

CR: Comprimento da raiz (cm); CC: Comprimento do caule (cm); DC: Diâmetro do caule (mm); DPE: Dias para a emergência; ICA: Incremento em altura (cm); ICD:

Incremento em diâmetro (mm). Progenies oriundas de sementes sem espinhos: 1: UFU_B3; 3: UFU_E8; 9: UFU_E10; 11: UFU_A17; 14: UFU_B29; 16: UFU_B26;

17: UFU_C6; 19: UFU_D8 Progenies oriundas de sementes com espinhos: 2: UFU_B25; 4: UFU_C16; 5: UFU_D14; 6: UFU_E16; 7: UFU_E18; 8: UFU_A8; 10:

UFU_E9; 12: UFU_B6; 13: UFU_C2; 15: UFU_B16; 18: UFU_A2

Tabela 4. Seleção das 30 melhores plantas de *Caryocar brasiliense* com base nos valores preditos para caracteres de crescimento, aos 24 meses

Ordem	Família	Pg	CC	Família	Pg	DC	Família	Pg	ICA	Família	Pg	ICD
1	9	3	102.000	16	7	8.458	10	8	55.000	18	7	3.868
2	19	5	98.000	18	7	8.418	5	5	43.000	10	1	3.485
3	14	1	98.000	18	2	8.048	2	2	44.000	3	6	3.655
4	11	5	105.000	10	1	7.585	10	5	36.000	18	2	3.698
5	11	8	105.000	3	6	7.955	13	1	28.000	14	1	3.494
6	10	7	95.000	14	1	7.604	14	1	28.000	8	7	3.426
7	2	2	98.000	8	9	7.382	18	9	25.000	2	1	3.018
8	4	2	98.000	8	1	7.197	9	3	25.000	19	7	2.992
9	11	6	98.000	5	8	7.197	10	5	27.000	5	8	3.307
10	11	8	98.000	7	2	7.086	16	3	20.000	8	1	3.307
11	11	2	98.000	1	2	6.350	8	9	18.000	7	2	3.256
12	11	7	98.000	19	7	6.512	8	8	18.000	16	3	2.992
13	1	5	89.000	2	4	6.568	10	7	21.000	16	3	2.992
14	14	9	89.000	8	8	6.679	4	2	18.000	10	1	2.992
15	4	1	95.000	13	7	6.697	16	3	18.000	17	2	2.848
16	10	5	86.000	10	1	6.512	16	2	18.000	17	7	2.848
17	3	3	89.000	15	5	6.697	2	9	20.000	15	5	3.077
18	13	2	89.000	16	3	6.512	8	6	16.000	19	5	2.763
19	15	2	92.000	16	3	6.512	19	5	15.000	10	9	2.805
20	1	9	87.000	12	5	6.568	15	2	16.000	9	2	3.018
21	3	8	87.000	12	2	6.568	1	5	17.000	13	7	3.077
22	2	1	89.000	18	3	6.697	7	1	15.000	8	8	3.069
23	5	8	89.000	6	6	6.568	7	5	15.000	12	5	3.018
24	1	3	85.000	13	4	6.512	2	1	18.000	12	2	3.018
25	18	1	82.000	13	3	6.512	8	5	14.000	6	6	3.018
26	11	5	92.000	9	2	6.568	13	3	14.000	10	2	2.763
27	16	3	82.000	8	7	6.475	1	2	15.000	16	9	2.720
28	10	1	81.000	8	5	6.457	5	8	14.000	10	5	2.737
29	5	9	87.000	18	7	6.568	7	2	13.000	10	1	2.737
30	4	3	89.000	17	2	6.198	7	9	13.000	18	3	3.077

CC: Comprimento do caule (cm); DC: Diâmetro do caule (mm); ICA: Incremento em altura (cm); ICD: Incremento em diâmetro (mm). Pg: Progenie, Progenies oriundas de sementes sem espinhos:1: UFU_B3; 3: UFU_E8; 9: UFU_E10; 11: UFU_A17; 14: UFU_B29; 16: UFU_B26; 17: UFU_C6; 19: UFU_D8 Progenies oriundas de sementes com espinhos: 2: UFU_B25; 4: UFU_C16; 5: UFU_D14; 6: UFU_E16; 7: UFU_E18; 8: UFU_A8; 10: UFU_E9;12: UFU_B6;13: UFU_C2;15: UFU_B16;18: UFU_A2

Discussão

O BLUP é um método estatístico que utiliza as informações dos indivíduos e dos seus genitores para estimar o valor genético de uma progênie, levando em conta a variância genética e experimental. Esse método é não viesado, ou seja, não há tendência de superestimar ou subestimar os valores genéticos. O método de máxima verossimilhança restrita (REML) leva em conta a estrutura de correlação entre as observações e é capaz de estimar os parâmetros do modelo misto de forma mais precisa (Resende 2007). A utilização de modelos mistos e de métodos estatísticos adequados como o REML é fundamental para obter estimativas precisas e confiáveis dos valores genéticos das progênies. Essas informações são essenciais para programas de melhoramento genético, pois permitem selecionar as plantas superiores com maior potencial de melhoramento (Resende 2002; Resende 2007; Rosado et al. 2019).

Uma melhor compreensão do controle genético de características econômicas em matrizes *C. brasiliense* é vital para um programa de melhoramento desenvolver variedades produtivas com qualidades aceitáveis para o usuário final (Asfaw et al. 2021). Ao estudar espécies nativas com potencial econômico e alimentício a qualidade de fruto é o atributo desejado do ponto de vista comercial. As estimativas de parâmetros genéticos em *C. brasiliense* são incipientes e permitem utilizar tais informações para selecionar famílias ou indivíduos que possuem maiores estimativas para os caracteres desejados.

Estimar os parâmetros genéticos permitiu obter informações sobre o potencial genético dos indivíduos de *C. brasiliense* em estudo. A metodologia REML/BLUP é muito recomendada, principalmente quando os dados em estudo são oriundos de espécies frutíferas perenes, nas quais o desequilíbrio no número de indivíduos analisados é mais frequente (Silva et al. 2017), permitindo a estimação dos componentes de variância de forma mais acurada. Neste trabalho foi verificado o desbalanceamento dos dados devido à perda das sementes durante o processo germinativo.

Nesse estudo, a variância genética aditiva foi estimada considerando as progênies de *C. brasiliense* estruturadas em famílias de meio irmãos maternos. A baixa magnitude dos componentes de variância pode limitar o potencial de ganho genético por meio da seleção, uma vez que a seleção é baseada na variabilidade genética disponível. Mesmo que a magnitude dos componentes de variância seja baixa (Tabela 2), a seleção ainda pode ser efetiva para melhorar os caracteres desejáveis, embora, em menor grau. Na análise realizada foi observado que a

variabilidade observada dentro das progênes foi a menor para todos os caracteres avaliados (Tabela 2). Isso indica que os maiores ganhos tendem a ser obtidos se for realizada a seleção entre as progênes, ou seja, considerando as diferenças genéticas entre as diferentes famílias de meio irmãos de *C. brasiliense*.

É importante considerar que os caracteres quantitativos são influenciados por uma combinação complexa de fatores genéticos e ambientais, bem como suas interações. Portanto, a ausência de diferenças significativas entre os grupos (matrizes que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo), conforme mostrado pelo teste LTR (Tabela 1) podem sugerir que os fatores ambientais estão desempenhando um papel determinante na variabilidade observada. A variação genética deve ser mais bem explorada e quantificada considerando as condições ambientais distintas da distribuição geográfica da espécie conforme sugerido por Moura et al. (2013a) ao estudar a variabilidade entre procedências (locais) e progênes de pequizeiro em duas safras consecutivas.

Poucos estudos foram conduzidos a fim de estimar a herdabilidade em populações de *C. brasiliense* (Moura et al. 2013b). A herdabilidade é um parâmetro genético que indica o potencial de seleção. As maiores estimativas de herdabilidade no sentido restrito mostraram bom controle genético na expressão dos caracteres e indicaram uma situação favorável para a seleção da maioria dos caracteres avaliados (Schmidt et al. 2019). Neste estudo, as estimativas de herdabilidade no sentido restrito para os caracteres de crescimento de plantas de *C. brasiliense* foram baixas (Tabela 2). Corroborando com os achados deste estudo, Giordani et al. (2012) avaliou os parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em *C. brasiliense* no estágio precoce e encontrou baixos valores de herdabilidade. Segundo estes autores a baixa magnitude das herdabilidades era esperada devido à baixa variabilidade encontrada entre as progênes. Isso sugere um baixo controle genético dos caracteres avaliados, o que significa que poucos ganhos poderão ser obtidos se for realizada apenas a seleção massal, ou seja, a seleção com base nos caracteres fenotípicos observados (Manfio et al. 2012). Por outro lado, ao avaliar caracteres de frutos de pequizeiros com e sem espinhos no endocarpo Gomes et al. (2022) estimaram valores de herdabilidade de baixa a alta magnitude para caracteres de frutos como, por exemplo, massa, altura e rendimento de polpa.

As amplitudes dos valores de CVg variaram de baixo a alto (Tabela 2). Tais valores foram similares aos encontrados por Rocha et al. (2009) que obtiveram 13,3% e a Canuto et al. (2015) que apresentaram 26,9%, ambos para altura em *Dipteryx alata* (baru), sendo o primeiro

estudo em população aos 3 anos e o último aos 21 meses após plantio, evidenciando a amplitude dos coeficientes de variação em espécies nativas. Ainda, os valores de CVg para diâmetro na altura do peito estimados por Zaruma et al. (2015) apresentaram variações de 17,1% a 31,1% em teste de progênes e procedências de *D. alata* aos 9 anos e similares a Pagliarini et al. (2016) que apresentaram 10,9% em *D. alata* aos 25 anos. Os valores de CVe estimados em progênes de *C. brasiliense* foram considerados baixos. Pimentel-Gomes (2009) aponta que valores de CVe nos caracteres de crescimento são considerados altos quando estiverem entre 20% e 30%. Assim, os valores estimados neste estudo foram bem abaixo aos relatados por Moraes et al. (2013) em teste de progênes de *Jacaranda cuspidifolia* (jacarandá) e que apresentou CVe de 25,8 e 31,7% para altura aos 12 e 24 meses. Pode-se inferir que os resultados para estes parâmetros obtidos para *C. brasiliense* foram adequados em comparação com outras espécies.

As herdabilidades estimadas neste estudo indicaram que a variação genética aditiva é relativamente baixa para os caracteres avaliados e que a seleção massal não seria suficiente para produzir ganhos significativos no melhoramento da espécie. Isso ressalta a importância da seleção entre as progênes e da utilização de técnicas de melhoramento como a utilização de marcadores moleculares para identificar e selecionar indivíduos com características desejáveis (Aswini et al. 2023; Hasan et al. 2021; Singh et al. 2021).

A magnitude dos valores do coeficiente de variação relativo encontrados (Tabela 2) sugere que o controle genético sobre os caracteres avaliados é relativamente baixo, e que o ambiente exerce um efeito significativo sobre os resultados do teste (Vencovsky 1987). Os valores observados para os caracteres podem ser influenciados principalmente pelas condições ambientais em que as plantas foram cultivadas, em vez de serem predominantemente determinados por fatores genéticos (Boote et al. 2001; Campbell et al. 2019). Esses resultados ressaltaram a importância de considerar o efeito do ambiente e a interação genótipo-ambiente ao interpretar os resultados do estudo e ao planejar estratégias de melhoramento genético para a espécie.

A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos de campo, sendo tanto maiores quanto menores os desvios absolutos entre esses valores (Costa et al. 2008). De acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), esta estatística varia de 0 a 1, sendo classificada como muito alta ($Ac \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq Ac < 0,90$), moderada ($0,50 \leq Ac < 0,70$) e baixa ($Ac < 0,50$). A acurácia é uma medida importante na avaliação da

confiabilidade dos valores genéticos estimados em programas de melhoramento genético. A avaliação da precisão experimental por meio da acurácia é de grande importância para o planejamento e execução de programas de melhoramento genético. Neste estudo os valores de acurácia foram considerados de alto a muito alto, variando de 0,815 a 1,0, garantindo boa precisão na seleção de indivíduos de *C. brasiliense*.

Conclusão

A metodologia REML/BLUP mostrou-se adequada à estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, permitindo predizer os valores genéticos e maximizar a acurácia seletiva. Entre 30 indivíduos, 14 foram superiores e selecionados para os caracteres estudados para compor a unidade de recombinação para o ciclo seguinte. As progênes 8, 18 e 16 apresentou superioridade para a emergência de plantas. E ao final de 24 meses houve variação entre as melhores progênes para os caracteres de interesse. Assim, a estimação dos parâmetros genéticos em famílias de *C. brasiliense* é fundamental para a seleção dos melhores indivíduos visando à obtenção de genótipos com características superiores.

Agradecimentos Os autores agradecem à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo suporte.

Financiamento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) (APQ-01932-17).

Disponibilidade dos dados: Todos os dados e Script do Programa R poderão ser solicitados ao autor correspondente

Conflitos de interesses

Os autores declaram não ter interesses financeiros concorrentes ou relações pessoais conhecidas que possam ter influenciado o trabalho relatado neste artigo

Referências

- Almeida, A. S., da Silva Macedo, E., da Silva, D. C. G., da Silva, I. J. M., de Farias, E., & de Oliveira Santos, C. R. (2018). Óleo de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb) métodos de extração, constituição química e propriedades medicinais. *Diversitas Journal*, 3(3), 557-563. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v3i3.581>
- Amini, F., Mirlohi, A., Majidi, M. M., Shojaiefar, S., & Kölliker, R. (2011). Improved polycross breeding of tall fescue through marker-based parental selection. *Plant Breeding*, 130(6), 701–707. <https://doi.org/10.1111/J.1439-0523.2011.01884.X>
- Asfaw, A., Aderonmu, D. S., Darkwa, K., De Koeyer, D., Agre, P., Abe, A., Olasanmi, B., Adebola, P., & Asiedu, R. (2021). Genetic parameters, prediction, and selection in a white Guinea yam early-generation breeding population using pedigree information. *Crop Science*, 61(2), 1038–1051. <https://doi.org/10.1002/CSC2.20382>
- Assis, T. F., & de Resende, M. D. V. (2011). Genetic improvement of forest tree species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11(SUPPL.), 44–49. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000500007>
- Aswini M. S., Kiran, Lenka, B., Shaniware, Y. A., Pandey, P., Dash, A. P., & Haokip, S. W. (2023). The Role of Genetics and Plant Breeding for Crop Improvement: Current Progress and Future Prospects. *International Journal of Plant & Soil Science*, 35(20), 190–202. <https://doi.org/10.9734/IJPSS/2023/V35I203798>
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B., & Walker, S. (2014). Fitting linear mixed-effects models using lme4. *arXiv preprint arXiv:1406.5823*.
- Bergo, C. L., Miqueloni, D. P., Pedrozo, C. Â., & De Resende, M. D. V. (2019). Genetic parameters to production characters of palm heart in half-sibs progenies of palm peach. *Ciência Rural*, 49(7), e20180638. <https://doi.org/10.1590/0103-8478CR20180638>
- Boote, K. J., Kropff, M. J., & Bindraban, P. S. (2001). Physiology and modelling of traits in crop plants: implications for genetic improvement. *Agricultural Systems*, 70(2–3), 395–420. [https://doi.org/10.1016/S0308-521X\(01\)00053-1](https://doi.org/10.1016/S0308-521X(01)00053-1)
- Campbell, B. J., Berrada, A. F., Hudalla, C., Amaducci, S., & McKay, J. K. (2019). Genotype × Environment interactions of industrial hemp cultivars highlight diverse responses to environmental factors. *Agrosystems, Geosciences & Environment*, 2(1), 1–11. <https://doi.org/10.2134/AGE2018.11.0057>

- Campos-Mondragón, M. G., Calderón De La Barca, A. M., Durán-Prado, A., Campos-Reyes, L. C., Oliart-Ros, R. M., Ortega-García, J., Medina-Juárez, L. A., & Angulo, O. (2009). Nutritional composition of new Peanut (*Arachis hypogaea* L.) cultivars. *Grasas y Aceites*, 60(2), 161–167. <https://doi.org/10.3989/gya.075008>
- Coser, S. M., Motoike, S. Y., Corrêa, T. R., Pires, T. P., & Resende, M. D. V. (2016). Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics. *Genetics and Molecular Research*, 15(4). <https://doi.org/10.4238/GMR15048820>
- Costa, M. M., Di Mauro, A. O., Unêda-Trevisoli, S. H., Arriel, N. H. C., Bárbaro, I. M., Silveira, G. D. da, & Muniz, F. R. S. (2008). Analysis of direct and indirect selection and indices in soybean segregating populations. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8, 47–55.
- Cruz, S. L., Pedrozo, C. Â., Oliveira, V. X. A., Da Silva, A. M., De Resende, M. D. V., & Gonçalves, D. de A. (2020). Parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênes de taxi-branco (*Tachigali vulgaris*) em Roraima. *Ciência Florestal*, 30(1), 258–269. <https://doi.org/10.5902/1980509831631>
- Araujo, M. J., de Paula, R. C., Campoe, O. C., & Carneiro, R. L. (2019). Adaptability and stability of eucalypt clones at different ages across environmental gradients in Brazil. *Forest Ecology and Management*, 454, 117631. <https://doi.org/10.1016/J.FORECO.2019.117631>
- Farias Neto, J. T., do Socorro Padilha de Oliveira, M., de Resende, M. D. V., & Rodrigues, J. C. (2012). Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênes de Euterpe oleracea na fase juvenil. *CERNE*, 18(3), 515–521. <https://doi.org/10.1590/S0104-77602012000300020>
- Lima e Silva, F. H., Viana, A. P., Santos, E. A., de Oliveira Freitas, J. C., Rodrigues, D. L., & Amaral Júnior, A. T. do. (2017). Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 39(2), 183–190. <https://doi.org/10.4025/ACTASCIAGRON.V39I2.32554>
- Resende, M. D. V., & Pereira Barbosa, M. H. (2006). Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(3), 421–429. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000300008>

- Deon, M., De Resende, V., & Duarte, J. B. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3), 182–194. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=253021631009>
- Domiciano Silva Rosado, R., Barbosa Rosado, T., Damião Cruz, C., Gomes Ferraz, A., Ha Carson Schwartzhaupt da Conceição, L. D., & Galveas Laviola, B. (2019). Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of macaw palm. *Scientia Horticulturae*, 248, 291–296. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2018.12.041>
- Duarte, J. B., & Vencovsky, R. (2001). Estimation and prediction using linear mixed models: the ranking of means of genetic treatments. *Scientia Agricola*, 58(1), 109–117. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162001000100017>
- Giordani, S. C. O., Fernandes, J. S. C., Titon, M., & Santana, R. C. (2012). Genetic parameters for growth traits in the early stages of the pequi tree. *Revista Ciencia Agronomica*, 43(1), 146–153. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100018>
- Gomes, B. H., Mendes, M. G., Faria, M. V. de, Bonetti, A. M., & Nogueira, A. P. O. (2022). Genetic diversity of *Caryocar brasiliense* Cambess. (Caryocaraceae: Malpighiales) among genotypes producing fruits with and without thorns in the endocarp. *Scientia Forestalis*, 50. <https://doi.org/10.18671/scifor.v50.08>
- Hasan, N., Choudhary, S., Naaz, N., Sharma, N., & Laskar, R. A. (2021). Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* 2021 19:1, 19(1), 1–26. <https://doi.org/10.1186/S43141-021-00231-1>
- Kuznetsova, A., Brockhoff, P. B., & Christensen, R. H. B. (2017). lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models. *Journal of Statistical Software*, 82(13), 1–26. <https://doi.org/10.18637/JSS.V082.I13>
- Manfio, C. E., Motoike, S. Y., Resende, M. D. V. de, Santos, C. E. M. dos, & Sato, A. Y. (2012). Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 32(69), 63. <https://doi.org/10.4336/2012.pfb.32.69.63>
- Martins, K., Santos, W. S. D. dos, Quadros, T. M. C., Aguiar, A. V. de, Machado, J. A. R., Sebbenn, A. M., & Freitas, M. L. M. (2018). Genetic variation and effective population size of a *Myracrodruon urundeuva* (Engler) Fr. Allem. provenance and progeny test. *Journal of Forest Research*, 23(4), 228–236.

https://doi.org/10.1080/13416979.2018.1483130/SUPPL_FILE/TJFR_A_1483130_S M4162.DOCX

- Mihai, G., Alexandru, A., & Mirancea, I. (2019). Genetic variation and early selection in *Larix decidua* Mill. from progeny test in Romania. *Annals of Forest Science*, 76(3), 1–11. <https://doi.org/10.1007/s13595-019-0864-5>
- Moraes, M. A. de, Moraes, S. M. B. de, Silva, C. B. da E., Kubota, T. Y. K., Marques Silva, A., Deon Vilela de Resende, M., & Luiz Teixeira de Moraes, M. (2013). Variação genética em progênies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando o delineamento sistemático tipo “leque.” *Scientia Forestalis*, 41(98), 175–183
- Moura, N. F., Chaves, L. J., & Naves, R. V. (2013a). Caracterização física de frutos de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) do cerrado. *Revista Arvore*, 37(5), 905–912. <https://doi.org/10.1590/S0100-67622013000500013>
- Moura, N. F., Chaves, L. J., Naves, R. V., Aguiar, A. V. de, & Sobierajski, G. da R. (2013b). Variability among provenances and progenies of *Caryocar brasiliense* Camb. *Scientia Forestalis*, 41(97), 103–112.
- Navegantes, P. C. A., de Oliveira, M. do S. P., & Nunes, J. A. R. (2018). Genetic parameters of traits at the juvenile stage of different assai palm tree progenies. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53(7), 815–823. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000700005>
- Pagliarini, M. K., Konrad, E. C. G., Silva, F. C., Silva, M. S. C., Moreira, J. P., Sato, A. S., Machado, J. A. R., Freitas, M. L. M., Aguiar, A. V., Moraes, M. L. T., & Sebbenn, A. M. (2016). Variação genética em caracteres de crescimento em progênies de *Dipteryx alata* Vog. *Scientia Forestalis*, 44(112), 925-935.
- Pimentel-Gomes, F. (1985) Curso de estatística experimental. São Paulo: ESALQ, 467 p.
- Resende, M. D. V. (2007). Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético, Embrapa Florestas, Colombo. Forestry Embrapa, Colombo, PR, Brazil.
- Resende, M. D. V.; Barbosa, M.H.P. (2006). Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 41, p. 421-429.
- Resende, M.D.V. (2002). Software SELEGEN-REML/BLUP Embrapa Florestas. Documentos, Colombo, p. 77

- Rocha, R. B., Das Graças, M., Rocha, B., Santana, R. C., & Vieira, A. H. (2009). Estimação de parâmetros genéticos e seleção de procedências e famílias de *Dipteryx alata* Vogel (Baru) utilizando metodologia de REML/BLUP e E(QM). 3, 331–338. <http://www.bibliotecaflorestal.ufv.br/handle/123456789/15957>
- Rosado, A. M., Rosado, T. B., Resende Júnior, M. F. R., Bhering, L. L., & Cruz, C. D. (2009). Predicted genetic gains by various selection methods in *Eucalyptus urophylla* progenies. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 44(12), 1653–1659. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009001200014>
- Santos, E. A., Viana, A. P., de Oliveira Freitas, J. C., Rodrigues, D. L., Tavares, R. F., Paiva, C. L., & Souza, M. M. (2015). Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. Euphytica, 204(1), 1–11. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1367-6/tables/3>
- Santos, T. S., Martins, K., Aguiar, A. V., Baptista Filho, M. J., Menucelli, J. R., Faria, R. F. P., Moura, R. D., MacHado, J. A. R., & Longui, E. L. (2021). Growth and wood quality traits in a *Dipteryx alata* Vog. (Fabaceae) progeny and provenance test. Forest Science, 67(4), 468–477. <https://doi.org/10.1093/forsci/fxab010>
- Schmidt, P., Hartung, J., Bennewitz, J., & Hans-Peter, P. (2019). Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. Genetics, 212(4), 991–1008. <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>
- Canuto, D. S. D. O., Zaruma, D. U. G., Moraes, M. A. D., Silva, A. M. D., Moraes, M. L. T. D., & Freitas, M. L. M. (2015). Genetic characterization of a progeny test of *Dipteryx alata* Vog., from a forest fragment of Estação Ecológica Paulo de Faria, São Paulo State, Brazil. Hoehnea, 42, 641-648. <https://doi.org/10.1590/2236-8906-13/rad/2015>
- Singh, M., Nara, U., Kumar, A., Thapa, S., Jaswal, C., & Singh, H. (2021). Enhancing genetic gains through marker-assisted recurrent selection: from phenotyping to genotyping. Cereal Research Communications, 50(3), 523–538. <https://doi.org/10.1007/s42976-021-00207-4/figures/4>
- Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. p. 137-214. In E. Paterniani & G.P. Viegas (Ed.). Melhoramento e produção de milho. 2.ed. Fundação Cargill, Campinas. v. 1. 795 p.
- Zaruma, D. U. G., Canuto, D. S. O., Pupin, S., Cambuim, J., Silva, A. M., Mori, E. S., Sebbenn, A. M., & Moraes, M. L. T. (2015). Variabilidade genética em procedências e progênes de *Dipteryx alata* vogel para fins de conservação genética e produção de sementes.

Scientia Forestalis, 43(107), 609-615.

Capítulo IV

Variabilidade fenotípica e divergência genética em famílias de meio irmãos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*) oriundos de matrizes produtoras de frutos com e sem espinhos

Bruno Henrique Gomes^{1*} · Marcos Vieira Faria¹ · Polianna Alves Silva Dias² · Ana Paula Oliveira Nogueira¹

* Autor correspondente: b.hgomes@hotmail.com

¹Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Instituto de Biotecnologia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, Campus Umuarama – Bloco 2E – Sala 244, Avenida Amazonas esquina com a Rua Acre, S/N, Bairro Umuarama, CEP: 38405-320, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Urutaí, Rod. Geraldo Silva Nascimento, Km-2,5 - Zona Rural, CEP: 75790-000, Urutaí, Goiás, Brasil

Resumo

O conhecimento da diversidade genética é fundamental para estabelecer estratégias de pré-melhoramento e utilização de germoplasma em programas de melhoramento e conservação da espécie, especialmente para pequizeiros produtores de frutos sem espinhos no endocarpo, cujas informações são limitadas. O objetivo deste trabalho foi estimar a dissimilaridade genética entre famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros a partir de caracteres de crescimento de progênies aos 6, 18 e 24 meses, obtidas a partir de matrizes de polinização aberta que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo, cultivadas no Banco Ativo de Germoplasma de Pequizeiro, da Universidade Federal de Uberlândia. Em casa de vegetação, localizada no Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, avaliaram-se 19 progênies de meio irmãos maternos, em esquema hierárquico, em delineamento de blocos completos casualizados, com 8 repetições. O desenvolvimento das progênies foi analisado aos 6, 18 e 24 meses após a semeadura, quanto aos caracteres: número de dias para a emergência, altura da planta, comprimento do caule, incremento em altura e o incremento em diâmetro. Os dados foram submetidos às análises genético-estatísticas uni e multivariadas para determinação da diversidade genética; e, estimou-se as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres. A distância euclidiana média oscilou de 0,04 a 1,74, 0,05 a 1,95 e 0,07 a 1,67 respectivamente para as análises aos 6, 18 e 24 meses. As distâncias genéticas permitiram a separação das progênies em distintos grupos, cujos métodos de agrupamentos (Tocher e UPGMA) foram similares, os quais corroboraram com padrão de dispersão dos genótipos pelo método de componentes principais. O caráter diâmetro do caule e altura planta apresentou correlação positiva, significativa e superior 0,8 para todas as fases de avaliações nos dois grupos de genótipos de pequizeiro. Constatou-se ampla diversidade genética entre as famílias de meio irmãos maternos, cujos resultados poderão ser utilizados para a seleção de progênies em futuros trabalhos de melhoramento genético e para estabelecer estratégias de conservação da espécie.

Palavras-chave: *Caryocar*, Variabilidade genética, Análise multivariada, Cerrado

Introdução

A intensa exploração dos recursos genéticos tem causado alterações nas paisagens naturais em todo o mundo, levando à fragmentação e à perda acentuada da diversidade genética de diversas populações de espécies vegetais. A conservação dos biomas é uma necessidade para a manutenção dos recursos genéticos (Morais et al., 2023), pois abrigam uma grande diversidade de espécies, muitas das quais são adaptadas a condições específicas desse ambiente. Essas espécies, por sua vez, carregam consigo informações genéticas que as tornam capazes de sobreviver e se reproduzir nas condições únicas de seus habitats. O Brasil possui seis grandes biomas com rica biodiversidade de espécies, dentre os quais, destaca-se o Cerrado, caracterizado especialmente pelo bioma savana, por floresta estacional e campo (Colli et al., 2020).

O bioma Cerrado é um dos hotspots mundiais de biodiversidade para a conservação, apresenta extrema abundância de espécies endêmicas e está sujeito a uma intensa perda de habitat (Peyre, 2021). Entre as frutíferas nativas do Cerrado ameaçadas pelos efeitos da ação antrópica está o pequi (Caryocaraceae: *Caryocar brasiliense* Cambess.), que é uma importante espécie no contexto socioeconômico e ambiental. Seus frutos são variados quanto ao tamanho e cor, além da presença ou ausência de espinhos (acúleos) no endocarpo (Kerr et al., 2007).

Uma alternativa para a preservação dos pequizeiros é estimular plantios comerciais, para viabilizar a redução da coleta extrativista que leva à perda das melhores sementes. Além disso, é fundamental a conscientização sobre a preservação dos recursos genéticos em bancos de germoplasma, viabilizando a manutenção de diferentes genótipos que podem ser úteis tanto para formar novas mudas quanto para a realização de melhoramento genético.

Os acessos em bancos de germoplasmas precisam ser avaliados e caracterizados para permitir o uso eficiente dos recursos genéticos. Nesse contexto, caracterizar a diversidade genética de pequizeiros é essencial, de forma a obter a melhor gestão dos recursos e elaboração de estratégias eficientes de programas de melhoramento genético. A manutenção de genótipos divergentes é útil para orientar pesquisadores quanto a potencialidade de seu uso para o melhoramento e conservação.

Em plantas perenes, especialmente em fases preliminares de melhoramento, como o pequi, a estimativa de diversidade genética desempenha papel fundamental, pois permite

a identificação de genótipos mais divergentes e os mais similares, sendo uma ferramenta útil para orientação de programas de melhoramento (Adu et al., 2019; Agre et al., 2019). Além disso, fornece subsídios para prever os ganhos genéticos e o potencial sucesso do programa de melhoramento. A variabilidade existente entre os indivíduos de pequizeiros possibilita avaliar o material genético e obter informações sobre as respostas genéticas e fenotípicas expressadas nas progênies.

Para atingir uma seleção adequada é essencial avaliar a magnitude das variações genéticas em relação às oscilações causadas pelo ambiente. Essa análise permitirá estimar corretamente o potencial da população em termos de seleção (Hohenlohe et al., 2021). Os caracteres fenotípicos da população e os resultados de cruzamentos são objetos de estudo em programas de melhoramento visando selecionar genótipos superiores.

Para estimular plantios comerciais de pequizeiros diversas barreiras precisam ser superadas, como conhecimento sobre manejo de culturas, propagação de plantas, disponibilidade de materiais genéticos de qualidade e o desenvolvimento de cultivares que se adaptem às distintas regiões para o cultivo do pequizeiro. Para alcançar genótipos de qualidade é fundamental aliar diversidade genética com potencial produtivo e características agronômicas favoráveis que sejam de interesse do mercado consumidor (Baldoni et al., 2020).

No caso específico do pequizeiro, os caracteres de maior relevância estão relacionados à produção de frutos que ofereçam alto rendimento de polpa, utilizada para diversos fins (Gomes et al., 2022). No entanto sua mensuração é um desafio pelo longo período juvenil das plantas até o início da fase de frutificação. Uma alternativa é a seleção de matrizes a partir da avaliação de caracteres fenotípicos de crescimento.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar a dissimilaridade genética entre famílias de meio irmãos maternos pequizeiros a partir de caracteres de crescimento em progênies aos 6, 18 e 24 meses, obtidas a partir de matrizes de polinização aberta que produzem frutos com e sem espinhos no endocarpo, cultivadas no Banco Ativo de Germoplasma de Pequizeiro, da Universidade Federal de Uberlândia.

Material e Métodos

Na Fazenda Experimental Água Limpa da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado nas coordenadas 19°05'.59,5''S e 48°21'16,6''W ocorre preservação em campo de acessos pequizeiros produtores de frutos com e sem espinhos no endocarpo. Destes, selecionaram-se 19 matrizes com maior produção de frutos na safra 2020/2021, cujos frutos foram coletados sob a copa, após sua queda natural. Os frutos foram acondicionados em sacos plásticos e transportados para o Laboratório de Cultura de Tecidos, do Instituto de Biotecnologia, no campus Umuarama da UFU, onde foram limpos superficialmente com água corrente.

Para a obtenção das sementes (amêndoa com endocarpo), os frutos foram abertos para a remoção dos pirênios, e estes tiveram a polpa removida. O endocarpo, contendo a semente, foi armazenado por 15 dias à sombra para redução da umidade. Após este período, as sementes permaneceram imersas em solução contendo 500 mg.L⁻¹ de ácido giberélico por 48h.

Em condições de casa de vegetação, após o tratamento com ácido giberélico, instalou-se um experimento com 19 famílias de meio irmãos maternos (sendo 10 genitores que produz frutos com espinho e 9 genitores que produz frutos sem espinhos), adotando-se delineamento de blocos ao acaso com 8 repetições. Cada unidade experimental foi constituída por um conjunto de 9 copos plásticos de 200 mL, os quais foram previamente furados e preenchidos com areia, onde foi semeada uma semente.

As avaliações iniciaram-se a partir da emergência da primeira plântula, sendo anotado a data da emergência, cuja avaliação ocorreu diariamente por um período de 6 meses, após a instalação do experimento. A anotação da data de emergência foi cessada quando, em um período de 14 dias de observação, não foi verificado nenhuma emergência. Após o fim da emergência contabilizaram-se a porcentagem de germinação por famílias, e as plântulas foram transferidas para sacos plásticos com capacidade de 2 L previamente preenchido com substrato vegetal comercial (composição: adubo orgânico, cama de aves, carvão vegetal, casca de arroz carbonizada, casca de Pinus, extrato de pirolenhoso e vermiculita), mantendo-se o mesmo delineamento experimental. Anterior à transferência das plântulas para substrato, determinaram-se o comprimento da raiz principal, com auxílio de uma régua milimétrica.

Ao longo do desenvolvimento vegetativo, as progênies foram avaliadas aos 6, 18 e 24 meses após a implantação do experimento quanto aos seguintes caracteres: altura da planta

(cm), mensurada com régua milimétrica, a partir da superfície do substrato até o ápice do meristema apical; diâmetro do caule (mm), que foi determinado com paquímetro digital, na posição do caule localizada a 2 cm acima do substrato; determinou-se também o incremento em altura pela diferença do comprimento do caule mensurado aos 18 e aos 24 meses.

Durante o período de realização do experimento, constatou-se morte de plantas de pequizeiro, por isso, determinaram-se a taxa de sobrevivência aos 18 e 24 meses, tendo como referência a germinação e emergência obtida aos 6 meses.

Análises genético-estatísticas

Para analisar a porcentagem de germinação e a taxa de sobrevivência de famílias meio irmãos maternos de *C. brasiliense* originárias de genitores produtores de frutos com e sem espinhos no endocarpo, realizaram-se a análise de variância e teste de agrupamento de médias ao nível 5% de significância. A partir dos caracteres de crescimento mensurados nas progênes aos 6, 18 e 24 meses foi realizada a análise de variância hierárquica, com a finalidade de analisar a existência de variância genética entre e dentro de grupos, cujo modelo está descrito a seguir:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + G/A_{ij} + B_k + E_{ijk}$$

em que Y_{ijk} é a média observada na progênie j no grupo i no bloco k; μ é o efeito da média geral; A_i é o efeito aleatório dos grupos (sem e com espinho) i; B_k é o efeito aleatório do bloco k; G/A_{ij} é o efeito aleatório da j-ésima família de meio irmãos dentro do i-ésimo grupo e E_{ijk} é o efeito aleatório do erro associado a parcela do bloco k que recebeu o genótipo j do grupo i.

Foram estimados os componentes de variância associados aos efeitos do modelo e as estimativas das proporções da variação fenotípica total que se deve a diferença entre grupos, diferença entre progênes dentro de cada grupo, diferença entre progênes dentro de matrizes e dentro de grupos. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres avaliados. A significância estatística do coeficiente de correlação fenotípica foi testada pelo Teste t, ao nível de 1% e 5% de probabilidade. A significância das correlações genotípicas foi avaliada pelo *bootsptap* com 5.000 simulações.

Para analisar o padrão de diversidade genética entre a progênie de meio irmãos gerados realizaram-se análise multivariadas. Inicialmente, foi determinada a matriz de distância euclidiana média padronizada (D) entre as famílias de meio irmãos. Em seguida, a matriz de distância foi utilizada como medida de dissimilaridade para a análise de agrupamento das famílias pelo método otimização de Tocher (Rao, 1952) e pelo método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) (Johnson & Wichern, 2007). Para a estimativa do ajuste entre a matriz de distância e o dendrograma gerado foi calculado o coeficiente de correlação cofenético (Sokal & Rohlf, 1962).

Com a finalidade de analisar o padrão de variabilidade entre as progênies desenvolvidas, realizou-se a análise de componentes principais, a partir das médias de cada família (Cruz et al., 2012). Os dois primeiros componentes principais foram utilizados para a projeção bidimensional em plano cartesiano. Foi realizado o estudo da importância relativa dos caracteres na predição da divergência genética com base no método proposto por Singh (1981).

As análises uni e multivariadas foram realizadas utilizando-se o aplicativo genético-estatístico Genes (Cruz, 2016) e o programa R (R Core Team 2016).

Resultados

Apesar de ser considerada uma espécie de difícil propagação seminal, foi possível obter 42% de germinação de sementes no grupo com espinhos e 28% no grupo sem espinhos (Tabela 1). As taxas de sobrevivência das progênies aos 18 meses e 24 meses foram, respectivamente, de 43,11% e 34,26% para o grupo com espinhos e de 46,49% e 35,68%, respectivamente, para o grupo sem espinhos. Constatou-se existência de variância genética para germinação e taxa de sobrevivência de plantas aos 18 e 24 meses dentro de cada grupo analisado. Nas famílias de meio irmãos do grupo com espinhos, a germinação oscilou de 19% a 67% respectivamente para (UFU_B25 a UFU_B16), formando 9 grupos; quanto ao grupo sem espinhos a germinação variou de 7% a 60% respectivamente para as famílias UFU_B29 a UFU_E10, distribuindo os genótipos em 8 grupos.

Tabela 1. Porcentagem de germinação e sobrevivências de progênies de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) produtores de frutos sem e com espinhos no endocarpo

FMI _m	Com espinhos			FMI _m	Sem espinhos		
	G (%)	S (%) ₍₁₈₎	S (%) ₍₂₄₎		G (%)	S (%) ₍₁₈₎	S (%) ₍₂₄₎
UFU_A2	46d	36,36f	18,18h	UFU_D8	10g	100,00a	71,43b
UFU_B16	60b	34,88g	27,91f	UFU_C6	14e	70,00b	80,00a
UFU_C2	67a	27,08i	14,58i	UFU_B26	57b	26,83h	17,07e
UFU_B6	29g	52,38c	47,62c	UFU_B29	7h	60,00d	00,00h
UFU_E9	33f	50,00d	54,17b	UFU_A17	11f	62,50c	50,00c
UFU_A8	22h	62,50b	43,75d	UFU_E10	60a	32,56g	23,26d
UFU_E18	35e	44,00e	40,00e	UFU_E16	44c	34,38f	15,63g
UFU_D14	56c	20,00j	5,00j	UFU_E8	25d	44,44e	16,67f
UFU_C16	56c	32,50h	20,00g	UFU_B3	24d	41,18e	47,06c
UFU_B25	19i	71,43a	71,43a				
Média	42A	43,11B	34,26B	Média	28B	46,49A	35,68B

FMI_m: Famílias de meio irmãos maternos; G (%) porcentagem de germinação; S (%) ₍₁₈₎: porcentagem de sobrevivência aos 18 meses; S (%) ₍₂₄₎: porcentagem de sobrevivência aos 24 meses. Médias com letras maiúsculas na horizontal indicam teste para comparação entre grupos de pequizeiros (sem e com espinho); médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical indicam que as progênies de pequizeiro não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância.

Pode-se notar que a porcentagem de emergência de plantas para os grupos com espinhos foi superior ao grupo sem espinhos, no entanto a sobrevivência das progênies aos 18 e 24 meses foram superiores no grupo oriundos de sementes sem espinhos no endocarpo. Ao final de 24 meses a progênie UFU_B29 não sobreviveu (Tabela 1).

Pela análise de variância hierárquica constatou-se existência de diferença significativa entre grupos (sem e com espinhos) para as variáveis analisadas nos primeiros seis meses, exceto para o número de dias para a emergência (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da análise de variância com classificação hierárquica para dados fenotípicos juvenis mensurados em progêies de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) aos 6, 18 e 24 meses.

6 meses					
Fonte de variação	GL	QM			
		CR	AP	DC	DPE
Blocos	7	4,42	9,09	1,35	240,24
Genótipos	18	29,30**	117,49**	12,63**	326,20**
Grupos	1	46,85*	191,93*	21,91*	518,00ns
Genótipo/Grupo	17	28,27**	113,11**	12,09**	314,92**
Genótipo/Grupo 1	8	50,94**	189,48**	24,38**	385,52**
Genótipo/Grupo 2	9	8,12ns	45,23ns	1,16ns	252,16ns
Resíduo	126	9,16	39,42	3,61	138,81
18 meses					
Fonte de variação	GL	QM			
		AP	IA	DC	ID
Blocos	7	97,64	67,34	4,29	2,81
Genótipos	18	989,59**	458,97ns	3594**	22,04**
Grupos	1	1570,78*	572,69ns	117,01**	72,94**
Genótipo/Grupo	17	955,40**	452,28ns	31,17**	19,04**
Genótipo/Grupo 1	8	1722,36**	694,46*	62,26**	38,78**
Genótipo/Grupo 2	9	273,65ns	237,04ns	3,53ns	1,50ns
Resíduo	126	400,99	337,38	7,91	5,12
24 meses					
Fonte de variação	GL	QM			
		AP	IA	DC	ID
Blocos	7	812,18	74,61	22,76	14,29
Genótipos	17	3303,50**	249,30**	110,95**	66,94**
Grupos	1	175,53ns	984,67**	204,95**	98,14**
Genótipo/Grupo	16	3497,94**	203,34*	112,73**	64,99**
Genótipo/Grupo 1	7	5186,96**	115,32ns	99,21**	70,34**
Genótipo/Grupo 2	9	2184,25*	271,81**	99,21**	60,82**
Resíduo	119	893,95	95,83	22,50	13,79

QM: Quadrado média, GL: Graus de liberdade, AP: Altura da planta, IA: Incremento em altura, DC: Diâmetro do caule, ID: Incremento em diâmetro. ** e *: Significativo a 1 e 5% de probabilidade. Grupo 1: sem espinhos

Notou-se superioridade para as variáveis CR, AP e DC para o grupo com espinhos (Tabela 3). Quanto ao comprimento de raiz, altura da planta e diâmetro do caule, dentro do grupo com espinhos, as famílias foram similares, constituindo apenas 1 grupo. Por outro lado, para o grupo sem espinhos constatou-se a constituição de 2 grupos, cujas médias variaram de 3,08 a 8,15 cm para comprimento de raiz; 6,14 a 20,50 cm para altura da planta e 0,91 a 4,25 mm para o diâmetro do caule.

Tabela 3. Valores médios dos caracteres de crescimento de plantas de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) em famílias de meio irmãos maternos aos 6, 18 e 24 meses

6 meses de idade									
Com espinhos					Sem espinhos				
FMI _m	CR	AP	DC	DPE	FMI _m	CR	AP	DC	DPE
UFU_A2	5,81a	13,0a	2,02a	48,37a	UFU_D8	6,50a	15,92a	2,47a	33,88a
UFU_B16	8,06a	19,68a	3,05a	40,12a	UFU_C6	7,44a	14,88a	2,31a	43,12a
UFU_C2	5,78a	12,77a	1,98a	46,87a	UFU_B26	8,15a	20,50a	2,69a	43,75a
UFU_B6	7,44a	15,79a	2,45a	50,0a	UFU_B29	7,1a	15,25a	2,54a	41,62a
UFU_E9	6,51a	17,00a	2,64a	42,25b	UFU_A17	7,13a	15,79a	4,25a	39,75a
UFU_A8	7,25a	18,68a	2,90a	38,25b	UFU_E10	3,08b	6,14b	0,91b	32,12a
UFU_E18	7,32a	18,62a	2,89a	39,25b	UFU_E16	4,45a	14,6a	2,26a	39,25a
UFU_D14	7,22a	18,50a	2,87a	46,0a	UFU_E8	6,93a	13,44a	2,08a	53,25a
UFU_C16	8,12a	15,77a	2,76a	53,87a	UFU_B3	6,94a	19,99a	2,78a	42,5a
UFU_B25	8,95a	17,13a	2,93a	37,25b					
Média	7,25A	16,69A	2,65A	44,22A	Média	6,41B	15,17B	2,48B	41,03A
18 meses de idade									
Com espinhos					Sem espinhos				
FMI _m	AP	IA	DC	ID	FMI _m	AP	IA	DC	ID
UFU_A2	47,55a	34,55a	2,87a	0,72a	UFU_D8	59,06a	52,5a	2,16b	0,54b
UFU_B16	60,62a	39,25a	3,06a	0,76a	UFU_C6	54,75a	37,87a	2,87a	0,72a
UFU_C2	51,37a	36,62a	2,23a	0,81a	UFU_B26	58,62a	37,12a	3,38a	0,84a
UFU_B6	55,06a	38,25a	3,44a	0,86a	UFU_B29	54,31a	34,88a	3,28a	0,82a
UFU_E9	50,94a	35,62a	3,38a	0,84a	UFU_A17	52,12a	35,62a	3,17a	0,79a
UFU_A8	56,68a	40,62a	3,15a	0,79a	UFU_E10	36,5a	35,0a	2,51b	0,63b
UFU_E18	44,43a	26,37b	3,06a	0,76a	UFU_E16	52,32a	35,5a	3,31a	0,83a
UFU_D14	43,12a	25,75b	2,79a	0,70a	UFU_E8	56,0a	38,87a	3,37a	0,84a
UFU_C16	49,25a	35,00a	3,45a	0,89a	UFU_B3	57,5a	40,0a	3,14a	0,78a
UFU_B25	39,71a	28,00b	2,01b	0,47b					
Média	49,87B	34,00A	2,94B	0,76A	Média	53,46A	38,60A	3,02A	0,75B
24 meses de idade									
Com espinhos					Sem espinhos				
FMI _m	AP	IA	DC	ID	FMI _m	AP	IA	DC	ID
UFU_A2	56,87a	15,87a	3,96b	1,68b	UFU_D8	47,5b	7,75a	1,92b	0,67b
UFU_B16	72,25a	13,12a	5,85a	2,69a	UFU_C6	76,5a	7,62a	6,33a	2,70a
UFU_C2	63,75a	9,25a	5,25a	2,41a	UFU_B26	78,25a	8,0a	5,04a	2,33a
UFU_B6	67,25a	9,62a	5,88a	2,69a	UFU_B29	Θ	Θ	Θ	Θ
UFU_E9	64,62a	14,87a	5,84a	2,65a	UFU_A17	34,0b	5,75a	2,83b	1,30b
UFU_A8	54,37a	4,62b	5,11a	2,35a	UFU_E10	93,57a	5,25a	5,28a	2,54a
UFU_E18	71,12a	10,25a	5,81a	2,71a	UFU_E16	43,12a	5,87a	3,65a	1,72a
UFU_D14	22,0b	2,12b	1,59b	0,73c	UFU_E8	28,12b	1,75b	1,82b	0,82b
UFU_C16	62,88a	12,75a	5,75a	2,35a	UFU_B3	67,75a	6,5a	4,11a	2,17a
UFU_B25	65,37a	9,5a	6,38a	2,93a					
Média	64,28A	11,09A	5,14A	2,32A	Média	58,6B	6,06B	3,87B	1,78B

FMI_m: Família de meio irmãos maternos; CR: comprimento da raiz, AP: altura da planta, DC: diâmetro do caule; DPE: dias para a emergência; IA: incremento em altura; ID: incremento em diâmetro. Valores seguidos pela mesma letra na mesma coluna não apresentam diferença significativa entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Θ: Perda da informação da família pela não sobrevivência.

Para as variáveis analisadas aos 18 meses, verificou-se existência de diferença significativa para altura da planta, diâmetro do caule e incremento em diâmetro (Tabela 2) cujas estimativas médias foram superiores para o grupo com espinhos, exceto para incremento em diâmetro (Tabela 3). Em ambos os grupos (com e sem espinhos) as famílias foram semelhantes, ao passo que, para as variáveis diâmetro do caule e incremento em diâmetro as famílias distribuíram-se em dois grupos (Tabela 3).

Aos 24 meses, constatou-se distinção entre grupos para todas as variáveis, exceto para altura de planta, cujas médias foram superiores para o grupo com espinhos (Tabela 3). Notou-se que foi possível distinguir famílias de pequiizeiro com e sem espinhos no endocarpo para as 3 variáveis, distribuindo os genótipos em dois grupos (Tabela 3).

Com intuito de avaliar o padrão de dissimilaridade entre as famílias de meio irmãos obteve-se um gráfico a partir da matriz de distância Euclidiana média padronizada para os 3 períodos de avaliação (Figura 1), cujas estimativas foram de 0,04 a 1,74 aos 6 meses; 0,05 a 1,95 para os 18 meses; e de 0,07 a 1,67.

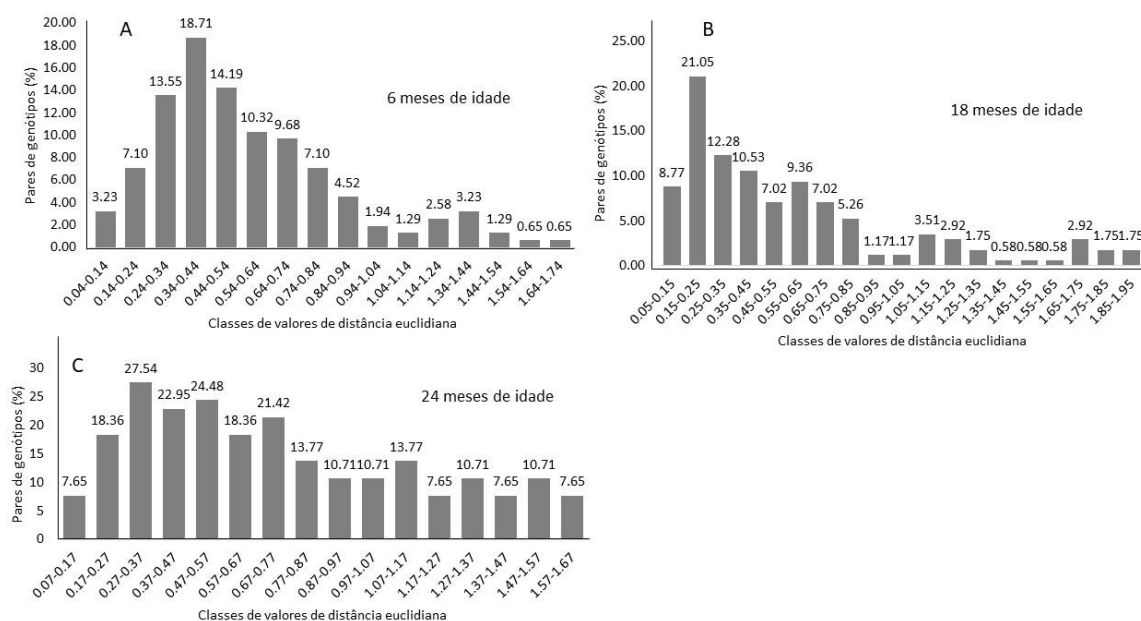


Figura 1. Porcentagem de pares de genótipos em relação a classe de valores das distâncias euclidiana das 19 famílias de *Caryocar brasiliense* (pequiizeiro) com e sem espinhos no endocarpo, a partir de caracteres medidos em progênies de meio irmãos

Embora tenha ocorrido uma ampla magnitude da dissimilaridade genética, houve predomínio de pares de genótipos nos valores de distâncias oscilando entre 0,34 e 0,44 aos 6

meses, o que representou 18,71% dos pares estimados, de 0,15 a 0,25 aos 18 meses, representando 21,05% das estimativas, e de 0,27 a 0,37 aos 24 meses o que representou 27,54% dos pares estimados. Adicionalmente, notou-se maior proporção de pares de genótipos ao longo de todas as classes para as análises realizadas aos 24 meses (Figura 1).

Visando extrair outras informações relevantes da dissimilaridade genética, compilou-se as menores e maiores distâncias Euclidiana entre os pares de famílias de meio irmãos (Tabela 4). A menor distância foi entre as famílias UFU_A8 e UFU_E18 (0,04) e entre UFU_C16 e UFU_D14 (0,04). A maior distância foi observada entre as famílias UFU_E10 e UFU_A2 (1,86) e UFU_E10 e UFU_B6 (1,86), sendo estes pares formados entre famílias de meio irmãos oriundos de matrizes que produzem frutos sem espinhos no endocarpo.

Tabela 4. Menores e maiores distâncias euclidiana das 19 famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo

Família	Menor			Maior		
	6 meses	18 meses	24 meses	6 meses	18 meses	24 meses
UFU_D8	0,06 (7)	0,27 (7)	0,16 (18)	0,27 (6)	1,06(6)	1,39 (19)
UFU_C6	0,13 (4)	0,22 (5)	0,22 (19)	0,19 (6)	1,6 (6)	1,57 (17)
UFU_B26	0,4 (16)	0,18 (5)	0,23 (12)	1,74 (6 e7)	1,49 (6)	1,37 (17)
UFU_B29	0,1 (5)	0,09 (50)	Θ	1,18 (6)	1,71 (6)	Θ
UFU_A17	0,19 (14)	0,08 (7)	0,31 (7)	1,16 (6)	1,65 (6)	1,22 (6)
UFU_E10	1,01 (12 e 7)	1,11 (19)	0,49 (16)	1,53 (11)	1,86 (10 e 13)	1,51 (17)
UFU_E16	0,25 (14)	0,06 (14)	0,37 (9)	0,75 (18)	1,14 (9)	0,92 (14)
UFU_E8	0,27 (13)	0,05 (13)	0,11 (17)	0,84 (11)	1,28 (9)	1,58 (14)
UFU_B3	0,17 (16)	0,56 (19)	0,32 (15)	1,58 (18)	1,3 (10)	1,1 (17)
UFU_A2	0,07 (12)	0,07 (13)	0,53 (18)	0,85 (19)	0,68 (19)	1,27 (17)
UFU_B16	0,16 (16)	0,12 (15)	0,16 (14)	0,79 (12)	0,68 (19)	1,62 (17)
UFU_C2	0,41 (13)	0,11 (14)	0,19 (13)	0,83 (19)	0,63 (19)	0,43 (14)
UFU_B6	0,24 (18)	0,15 (14)	0,07 (16)	0,67 (19)	0,8 (19)	1,5 (17)
UFU_E9	0,24 (16 e 17)	0,09 (18)	0,2 (18)	0,61 (18)	0,71 (19)	1,64 (17)
UFU_A8	0,04 (16)	0,37 (18)	0,51 (16)	0,76 (18)	0,75 (17)	1,13 (17)
UFU_E18	0,31 (17 e 19)	0,18 (17)	0,18 (19)	0,71 (18)	0,52 (19)	1,53 (17)
UFU_D14	0,44 (18)	0,39 (19)	1,47 (18)	0,51 (18)	0,62 (18)	1,61 (19)
UFU_C16	0,04 (17)	0,09 (14)	0,16 (1)	1,62 (6)	1,76 (60)	1,47 (17)
UFU_B25	0,27 (11)	0,39 (17)	0,18 (16)	1,47 (6)	1,11 (6)	1,61 (17)

Genótipos sem espinhos: 1 - UFU_D8, 2 - UFU_C6, 3 - UFU_B26, 4 - UFU_B29, 5 - UFU_A17, 6 - UFU_E10, 7 - UFU_E16, 8 - UFU_E8, 9 - UFU_B3; Genótipos com espinhos: 10 - UFU_A2, 11 - UFU_B16, 12 - UFU_C2, 13 - UFU_B6, 14 - UFU_E9, 15 - UFU_A8, 16 - UFU_E18, 17 - UFU_D14, 18 - UFU_C16, 19 - UFU_B25. Θ: perda de informação da progênie

Visando analisar o padrão de agrupamento das famílias de meio irmãos maternos de *C. brasiliense*, adotou-se o método UPGMA. A correlação cofenética foi de 0,91 aos 6 e 18 meses, e 0,85 aos 24 meses, significativa pelo teste t ($p \leq 0,01$) indicando adequada representação

gráfica das distâncias. Os descritores quantitativos permitiram a formação do dendrograma com dois grupos aos seis meses, quatro grupos aos 18 e 24 meses, considerando o ponto de corte pelo critério de Mojena (1977) (Figura 2). As progênies UFU-E10, UFU_D8 e UFU_A2 foram agrupadas separadamente, respectivamente, aos seis meses, 18 e 24 meses.

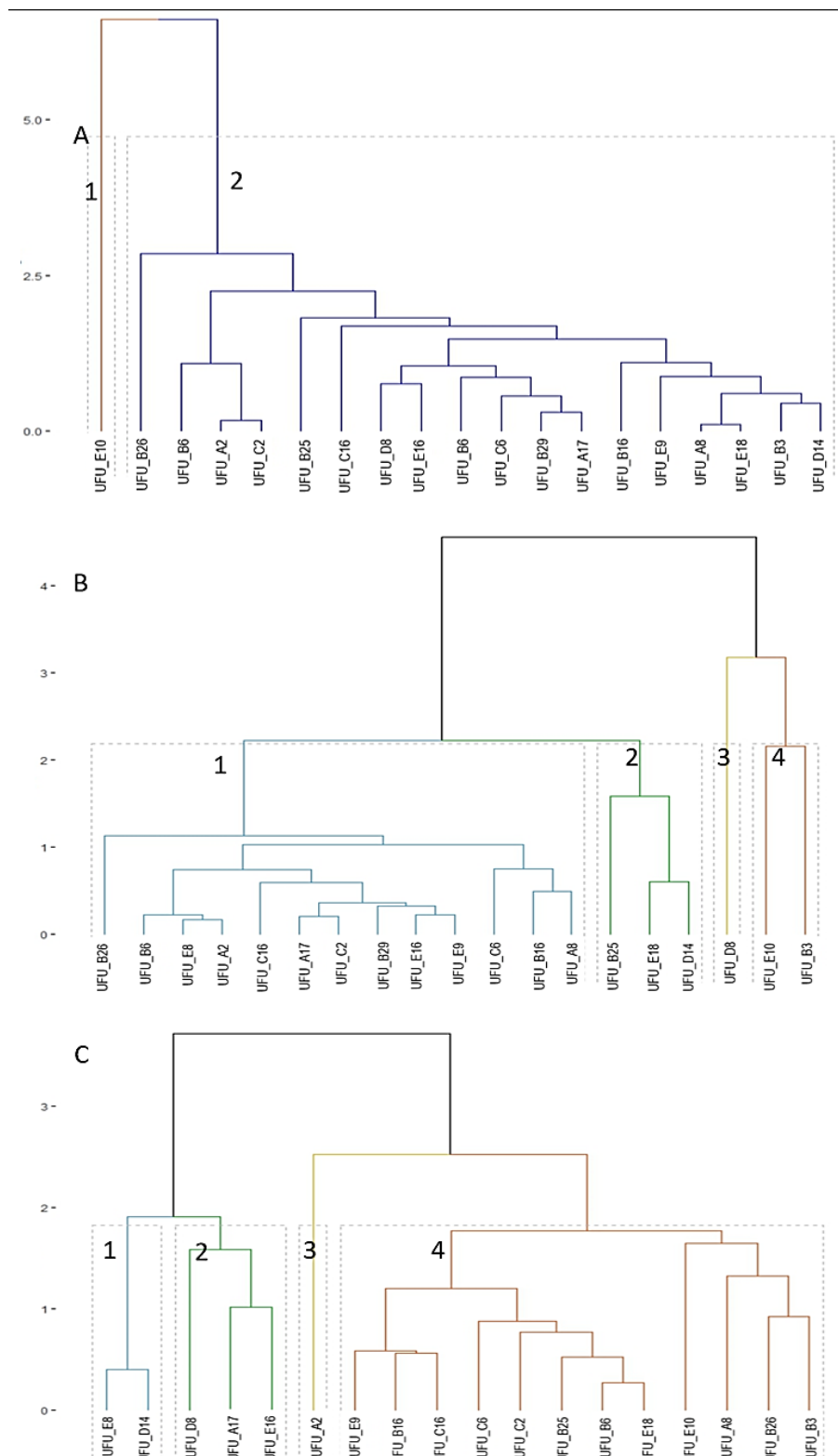


Figura 2. Dendrograma das 19 famílias de meio irmãos maternos pequizeiro pelo método de ligação média entre grupo obtido a partir da distância euclidiana média padronizada. A: aos seis meses, B: aos 18 meses, C: aos 24 meses. Linha tracejada delimita os diferentes grupos

O agrupamento de otimização de Tocher permitiu a divisão das matrizes em dois, quatro e cinco grupos, aos 6, 18 e 24 meses, respectivamente (Tabela 5). Notou-se que o grupo I reuniu o maior número de matrizes, incluindo pequizeiros produtores de frutos com e sem espinhos, nos três períodos de avaliação. Aos seis meses o grupo II é formado exclusivamente pela matriz UFU_E10 (também no grupo VI aos 24 meses). Aos 18 meses o grupo II foi constituído pelas matrizes UFU_D14 e UFU_B25, o grupo III pelas matrizes UFU_E10 e UFU_B3, o grupo IV pela matriz UFU_D8 (produtora de frutos sem espinhos). Aos 24 meses, o grupo II foi formado por UFU_E8 UFU_D14 UFU_A17 UFU_D8, e o grupo III e IV constituem individualmente as matrizes UFU_E16 e UFU_A2, respectivamente. Sendo que as avaliações aos 24 meses permitiram maior separação entre as matrizes, com a formação de cinco grupos.

Tabela 5. Agrupamento de Tocher obtido a partir da distância euclidiana em 19 famílias de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo, a partir de caracteres medidos em progênies de meio irmãos

Grupos	6 meses
I	UFU_A8 UFU_E18 UFU_B16 UFU_B3 UFU_E9 UFU_A17 UFU_B29 UFU_C6 UFU_D14 UFU_E16 UFU_D8 UFU_B25 UFU_B6 UFU_B26 UFU_C2 UFU_A2 UFU_C16 UFU_E8
II	UFU_E10
18 meses	
I	UFU_E8 UFU_A2 UFU_B6 UFU_E16 UFU_E9 UFU_C2 UFU_B29 UFU_A17 UFU_C16 UFU_A8 UFU_B16 UFU_C6 UFU_B26 UFU_E18
II	UFU_D14 UFU_B25
III	UFU_E10 UFU_B3
IV	UFU_D8
24 meses	
I	UFU_B6 UFU_E18 UFU_B25 UFU_C6 UFU_C2 UFU_B16 UFU_C16 UFU_B26 UFU_E9 UFU_B3 UFU_A8
II	UFU_E8 UFU_D14 UFU_A17 UFU_D8
III	UFU_E16
IV	UFU_A2
V	UFU_E10

Visando analisar o padrão de agrupamento dos genótipos por técnica multivariada, mas que utiliza um critério distinto para identificação de grupos, realizou-se a análise de componentes principais, a qual permitiu a dispersão dos genótipos em um plano bidimensional (Figura 2). Os dois primeiros componentes principais explicaram mais de 90% da variabilidade dos dados, nos três períodos de avaliação. Para interpretar esta análise, consideram-se os genótipos similares os que estão próximos e os dissimilares os que estão mais distantes. A dispersão gráfica no espaço bidimensional revelou a formação de dois grupos de famílias de meio irmãos aos seis (Figura 3a), cinco grupos aos 18 meses (Figura 3b), e 4 grupos aos 24 meses (Figura 3c).

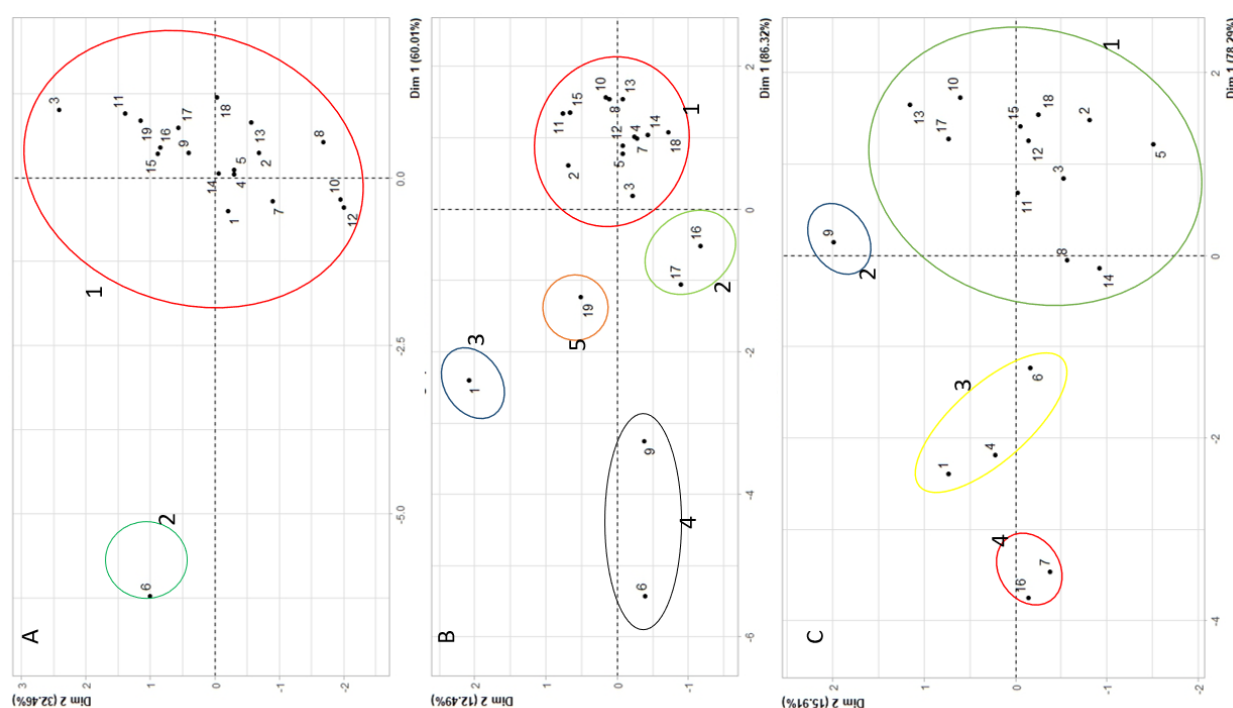


Figura 3. Dispersão gráfica das famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo. A: aos seis meses; B: aos 18 meses; C: aos 24 meses. Genótipos sem espinhos: 1 - UFU_D8, 2 - UFU_C6, 3 - UFU_B26, 4 - UFU_B29, 5 - UFU_A17, 6 - UFU_E10, 7 - UFU_E16, 8 - UFU_E8, 9 - UFU_B3; Genótipos com espinhos: 10 - UFU_A2, 11 - UFU_B16, 12 - UFU_C2, 13 - UFU_B6, 14 - UFU_E9, 15 - UFU_A8, 16 - UFU_E18, 17 - UFU_D14, 18 - UFU_C16, 9 - UFU_B25

Pela metodologia de Singh (1981), identificou-se que o caráter dias para a emergência (DPE), diâmetro do caule (DC) e incremento em diâmetro (IC) aos 18 e 24 meses apresentaram maior importância relativa (Figura 4).

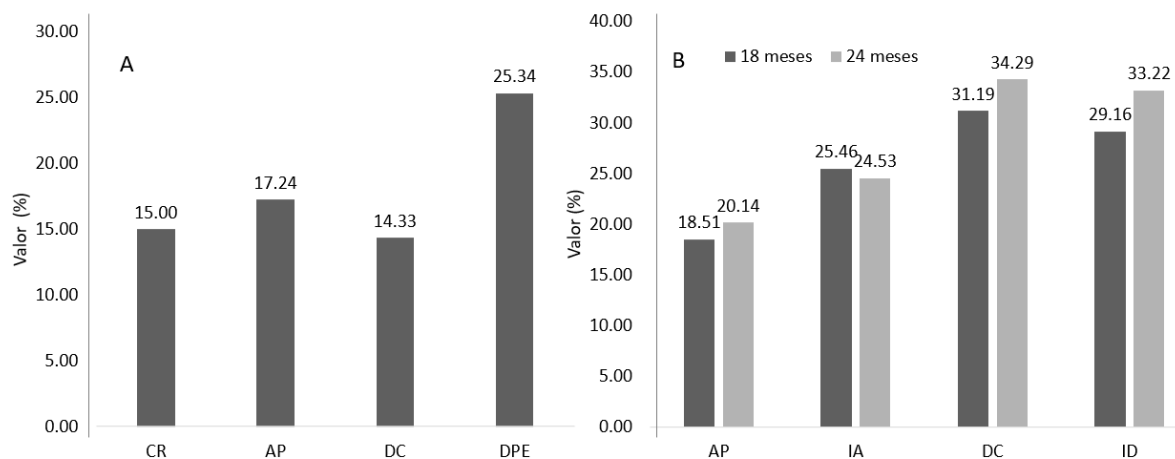


Figura 4. Contribuição relativa dos caracteres de crescimento para divergência genética de acordo com o critério de Singh (1981), mensurados aos 6 meses (A) e aos 18 e 24 meses (B)

Os coeficientes de correlações fenotípicas e genotípicas obtidos neste trabalho revelaram que existem diferenças tanto na magnitude quanto no sentido das correlações entre os caracteres estudados nas famílias de meio irmãos (Tabela 6).

Tabela 6. Correlações genotípicas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) entre caracteres de fase vegetativa de progênes de *Caryocar brasiliense* (pequizeiro) com e sem espinhos no endocarpo, mensurados aos 6, 18 e 24 meses

	Com espinhos 6 meses				Sem espinhos 6 meses			
	CR	AP	DC	DPE	CR	AP	DC	DPE
CR		0,88 ⁺	1,00 ⁺⁺	-0,36		1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,91 ⁺⁺
AP	0,61		1,00 ⁺⁺	-1,00 ⁺⁺	0,91 ^{**}		1,00 ⁺⁺	0,50
DC	0,80 ^{**}	0,94 ^{**}		-1,00 ⁺⁺	0,88 ^{**}	0,98 ^{**}		0,56
DPE	-0,28	-0,62			0,61	0,38	0,38	
	Com espinhos 18 meses				Sem espinhos 18 meses			
	AP	IA	DC	ID	AP	IA	DC	ID
AP		1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	-0,64 ⁺⁺		0,99 ⁺⁺	0,21	0,21
IA	0,93 ^{**}		0,99 ⁺⁺	0,99 ⁺⁺	0,47		0,99 ⁺⁺	0,99 ⁺⁺
DC	0,66 [*]	0,30		0,99 ⁺⁺	0,28	-0,66 ^{**}		1,00 ⁺⁺
ID	0,24	0,47	-0,65 [*]		0,28	-0,26	1,00 ^{**}	
	Com espinhos 24 meses				Sem espinhos 24 meses			
	AP	IA	DC	ID	AP	IA	DC	ID
AP		1,00 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,99		0,99 ⁺⁺	0,88 ⁺	0,89 ⁺
IA	0,67 [*]		0,73	0,64	0,50		0,99 ⁺⁺	0,99 ⁺⁺
DC	0,94 ^{**}	0,51		1,00	0,87 ^{**}	0,47		0,99 ⁺
ID	0,93 ^{**}	0,43	0,98 ^{**}		0,87 ^{**}	0,40	0,97 ^{**}	

^{**} e ^{*}: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t; ⁺⁺ e ⁺: Significativo a 1 e 5% - respectivamente - pelo método de bootstrap com 5000 simulações

As correlações genéticas estimadas entre os 4 caracteres variaram de -0,65 a 1,0. Para o grupo sem espinhos, foram identificadas 4 correlações genotípicas significativas e de alta magnitude nos três períodos de avaliação, e três correlações fenotípicas significativas e de alta magnitude aos 6 e 24 meses e, 1 correlação significativa de média magnitude e negativa aos 18 meses.

Foi observada correlação genotípica alta e positiva identificada entre o comprimento da raiz e todos os demais caracteres, exceto para dias para a emergência. A raiz desempenha um papel fundamental na absorção de nutrientes, e sua mensuração não é fácil pois em muitos casos leva a destruição da planta, ou como nesta pesquisa, foi realizada apenas uma avaliação, durante o plantio em substrato. A correlação positiva entre os caracteres e o comprimento da raiz pode ser uma alternativa prática na tomada de decisão, uma vez que o diâmetro do caule e a altura da planta são caracteres facilmente mensurável. Ao selecionar plantas com maiores diâmetros seleciona-se diretamente plantas com raízes maiores.

Discussão

Em todas as fases de crescimento de plantas de *C. brasiliense* foi possível detectar variação entre grupos de famílias originários de matrizes com e sem espinhos no endocarpo, bem como detectar diferenças entre famílias dentro do grupo. Contudo, a identificação de variabilidade genética quanto aos caracteres foi maior para a avaliação realizada aos 24 meses.

A variabilidade genética existente nas famílias de meio irmãos de *C. brasiliense* é fundamental para o sucesso dos programas de pré-melhoramento. Sendo que a variabilidade pode ser maximizada pelo intercruzamento dos genótipos mais divergentes, associados às características agrônômicas de interesse para a seleção (Ertiro et al., 2013). Além disso, é vantajoso selecionar plantas em estágio inicial de desenvolvimento com base em seus caracteres de crescimento, principalmente quando se estuda espécies perenes. No caso de *C. brasiliense* o longo período para o início da frutificação dificulta a seleção com base na análise de seus frutos, desta forma a seleção precoce se torna aliada na obtenção de genótipos com características desejadas.

Pelas medidas de dissimilaridade estimada a partir da Distância Euclidiana em relação aos caracteres avaliados, pode-se verificar famílias de meio irmãos divergentes entre si, as quais poderão ser utilizadas para possíveis cruzamentos controlados e obtenção de materiais

genéticos promissores (Silva et al., 2012). Essas informações são importantes para programas de melhoramento genético, pois ajudam a identificar quais genótipos são mais similares ou mais divergentes. Permite a seleção de cruzamentos para obter progênies com características desejáveis e contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e produtivas.

A variabilidade genética existente em *C. brasiliense* é importante para a adaptação em diferentes condições climáticas, selecionando indivíduos favoráveis ao ambiente. Durante o processo evolutivo, a variabilidade genética permitiu a seleção natural de espécies típicas de cada ambiente, a saber *C. coriaceum* (preferencialmente na região nordeste), *C. glabrum* e *C. villosum* (região amazônica) e *C. brasiliense* (no Cerrado). Esta última ainda de subdividindo em *C. brasiliense* subsp. *Intermedium* Prance & Silva 1973 (Almeida et al., 2023; Silva et al., 2001). Além disso, uma característica peculiar da espécie *C. brasiliense* encontrada por Kerr et al. (2007) foram plantas que produzem frutos sem espinhos. Ainda não se sabe qual evento genético levou a ocorrência desta característica, no entanto, especula-se que variações epigenéticas possam estar por trás desta variação.

A escolha das matrizes de *C. brasiliense* doadoras de sementes para o desenvolvimento das progênies foram definidas a partir da seleção e análise biométricas de frutos e pirênios em estudos anteriores (Gomes, et al., 2022). Na escolha de genitores para cruzamentos, deve-se considerar os que apresentam alto rendimento em relação às características de maior interesse, que no caso desta espécie é a alta produção de frutos, rendimento de polpa e coloração. Outra característica de interesse são frutos sem espinhos que proporcionam segurança na alimentação, evitando acidentes com os espinhos. Desta forma a seleção acurada permite a escolha de bons materiais para uso em programas de melhoramento, devendo envolver genitores dissimilares e com desempenho superior (Silva et al., 2012; Silva et al., 2015).

A utilização dos valores de dissimilaridades em *C. brasiliense* a partir de caracteres de frutos foram utilizados anteriormente para o agrupamento de genótipos com base na sua proximidade genética (Gomes et al., 2022; Moura et al., 2013; Santos et al., 2018), no entanto a seleção a partir de caracteres juvenis de plantas é incipiente, principalmente devido à dificuldade de obtenção de plantas a partir da germinação das sementes.

As informações obtidas para as progênies de *C. brasiliense* foram utilizadas para a construção do dendrograma a partir da matriz de dissimilaridade. A utilização do dendrograma como um método de agrupamento deve transmitir a confiabilidade dos dados na representação gráfica. A partir do coeficiente de correlação cofenético (CCC) observou-se para o

dendrograma (Figura 1) o CCC acima de 90% em todos os períodos de avaliação, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e a representação no dendrograma gerado pelo UPGMA. De acordo com Rohlf (1970), para que o ajuste do coeficiente de correlação cofenético ser considerado bom, é necessário ser maior ou igual a 0,70. Desta forma a representação dos dados no dendrograma ocorre de maneira satisfatória, ou seja, não distorcendo a informação contida na matriz. Resultados similares também foram obtidos com a utilização do método de UPGMA para o agrupamento de genótipos a partir de caracteres de frutos de *C. brasiliense* (Gomes et al., 2022; Moura et al., 2013) sendo, também, muito utilizado em outras espécies (Correa et al., 2022; Martins Leão et al., 2023; Sant’Anna et al., 2021).

O método de otimização proposto por Tocher (Rao, 1952) é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferiores a qualquer distância intergrupos. De acordo com Benitez et al. (2011), a ocorrência de grupos com apenas um genótipo evidencia ampla divergência, pois os genótipos em grupos unitários são mais dissimilares em relação ao conjunto, conforme observado neste estudo (Tabela 5). A escolha de genótipos em diferentes grupos para cruzamentos são os mais indicados por serem divergentes entre si, ao passo que genótipos dentro de um mesmo grupo apresentam altas taxas de similaridade (Shivani et al., 2011).

Os diferentes métodos de agrupamento devem representar a variabilidade das informações, e não sendo necessário a coincidência de genótipos agrupados juntos ao se comparar mais de um método de agrupamento. As diferenças existentes entre o método UPGMA e Tocher são em função da forma como cada método faz o cálculo da variabilidade genética (Büttow et al., 2010). Segundo Simon et al. (2012), a dissimilaridade entre genótipos estabelecida pelo método UPGMA constitui uma ferramenta que, associada com o método de otimização de Tocher, confere maior segurança em discriminar os diferentes genótipos avaliados em relação a divergência genética. Desta forma, ao utilizar mais de uma metodologia de classificação traz robustez aos resultados, levando a decisões acuradas na seleção de famílias de *C. brasiliense* para programas de melhoramento, conforme observado neste trabalho.

A análise de componentes principais proporcionou uma simplificação dos dados. A dispersão gráfica dos dois primeiros CPs relacionados aos caracteres vegetativos das progênes respondeu por mais de 90% da variação total. Segundo Cruz e Regazzi (2020), esses valores

são suficientes para avaliar efetivamente a diversidade genética. Segundo estes autores quanto maior a capacidade do CP em capturar variação, menor será a distorção das dissimilaridades genéticas e resultará em uma representação gráfica precisa.

Estudos de diversidade genética são úteis em um programa de melhoramento por direcionar os cruzamentos mais promissores, e no caso do pequizeiro, que é uma planta perene e não domesticada, esperar a fase reprodutiva para coletar informações de frutos e pirênios levaria a um período muito longo. Nesse sentido, identificar a diversidade genética a partir de caracteres da fase vegetativa, auxilia o melhorista a avançar nas fases de hibridação, se este for de seu interesse, a partir de informações previamente geradas anterior ao florescimento e produção de frutos e genótipos em desenvolvimento. Como a espécie *C. brasiliense* é uma planta perene com longo período juvenil até o início da frutificação, a avaliação de caracteres em fases iniciais de desenvolvimento pode reduzir o tempo de seleção de genótipos promissores.

Neste estudo, os 4 caracteres avaliados mostraram-se importantes, houve distribuição da importância relativa de forma homogênea conforme observado na Figura 4, sem um predomínio significativamente alto de uma sobre as outras. A distribuição equitativa da importância relativa entre os caracteres pode ser um indicativo de uma boa diversidade genética na população avaliada.

A análise dos coeficientes de correlação foi realizada para verificar se existe inter-relação entre os pares de caracteres estudados. A correlação fenotípica foi estimada a partir de dados medidos diretamente, e pode ser de causa genética ou ambiental (Van Der Sluis et al., 2011). Na presente pesquisa, os resultados sugerem que, para a maioria dos caracteres, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas e tiveram a mesma direção para os caracteres avaliados nos três períodos (Tabela 6). A correlação forte entre variáveis em um conjunto de dados pode trazer diversas vantagens em termos de análise estatística e tomada de decisões. Quando a correlação entre duas variáveis é forte, significa que há uma relação consistente e previsível entre elas (Cooper et al., 2014).

Conclusão

Foi verificada divergência genética e fenotípica entre as famílias de meio irmãos maternos de *C. brasiliense* quando avaliados em estágio juvenil. Os agrupamentos gerados

pelos diferentes métodos multivariados permitiram a classificação das famílias em conjuntos distintos com base na similaridade genética. Também foi possível avaliar a correlação existentes entre os caracteres para fins de seleção.

Disponibilidade de dados

Os conjuntos de dados gerados e/ou analisados durante o presente estudo estão disponíveis mediante solicitação ao autor correspondente.

Agradecimentos

Os autores agradem a Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo suporte financeiro e estrutural.

Financiamento

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo suporte financeiro concedido a A.P.O.N, projeto número APQ-01932-17

Contribuições

Conflitos de interesses: Os autores declaram que a pesquisa foi realizada na ausência de quaisquer relações comerciais ou financeiras que pudessem ser construídas como potencial conflito de interesses.

Referências

- Adu, G. B., Badu-Apraku, B., Akromah, R., Garcia-Oliveira, A. L., Awuku, F. J., & Gedil, M. (2019). Genetic diversity and population structure of early-maturing tropical maize inbred lines using SNP markers. *Plos one*, 14(4), e0214810. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0214810>
- Agre, P., Asibe, F., Darkwa, K., Edemodu, A., Bauchet, G., Asiedu, R., Adebola, P., & Asfaw, A. (2019). Phenotypic and molecular assessment of genetic structure and diversity in a panel of winged yam (*Dioscorea alata*) clones and cultivars. *Scientific Reports* 2019 9:1, 9(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-54761-3>
- Almeida, L. D. S., De Santana, D. G., & Guimarães, E. C. (2023). Spatial characterization of factors inherent in the microendemism of the dwarf pequi tree (*Caryocar brasiliense* subsp. intermedium (Wittm.) PRANCE & M. F. Silva). *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 95(1), e20220128. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202320220128>
- Baldoni, A. B., Botin, A. A., Tardin, F. D., de Barros Marques, J. A., de Oliveira, F. L., Silva, A. J. R., da Silva, E. S., Awabdi, C. P., Filho, E. P., Neves, L. G., de Andrea Pantaleão, A., Teodoro, L. P. R., & Teodoro, P. E. (2020). Early selection strategies in *Schizolobium parahyba* var. amazonicum (huber ex ducke) barneby. *Industrial Crops and Products*, 152, 112538. <https://doi.org/10.1016/J.INDCROP.2020.112538>
- Benitez, L. C., da Silva Rodrigues, I. C., Arge, L. W. P., Ribeiro, M. V., & Braga, E. J. B. (2011). Multivariate analysis of genetic divergence of genotypes of rice under salt stress during the vegetative phase. *Revista Ciência Agronômica*, 42(2), 409–416. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000200021>
- Büttow, M. V., Barbieri, R. L., Neitzkei, R. S., Heiden, G., & de Carvalho, F. I. F. (2010). Genetic diversity in peppers and sweet peppers of Embrapa Clima Temperado genebank. *Ciência Rural*, 40(6), 1264–1269. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782010000600004>
- Colli, G. R., Vieira, C. R., & Dianese, J. C. (2020). Biodiversity and conservation of the Cerrado: recent advances and old challenges. *Biodiversity and Conservation*, 29(5), 1465–1475. <https://doi.org/10.1007/S10531-020-01967-X/FIGURES/3>
- Cooper, M., Messina, C. D., Podlich, D., Totir, L. R., Baumgarten, A., Hausmann, N. J., & Graham, G. (2014). Predicting the future of plant breeding: complementing empirical

- evaluation with genetic prediction. *Crop and Pasture Science*, 65(4), 311-336.
<https://doi.org/10.1071/CP14007>
- Correa, A. J. M., Alves, P. F., Cambuim, J., Andrade, J. A. da C., Freitas, M. L. M., & Moraes, M. L. T. de. (2022). Genetic Variation in Populations and Progenies of Aroeira (*Astronium Urundeuva* (M. Allemão) Engl.) from Cerrado (Savanna) Biome. SSRN Electronic Journal. <https://doi.org/10.2139/SSRN.4059285>
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: UFV, v. 1, 514 p.
- Cruz, C. D. (2016). Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 38(4), 547–552.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>
- Ertiro, B. T., Twumasi-Afriyie, S., Blümmel, M., Friesen, D., Negera, D., Worku, M., Abakemal, D., & Kitenge, K. (2013). Genetic variability of maize stover quality and the potential for genetic improvement of fodder value. *Field Crops Research*, 153, 79–85.
<https://doi.org/10.1016/J.FCR.2012.12.019>
- Gomes, B. H., Faria, M. V., Mendes, M. G., Bonetti, A. M., Júnior, R. J. O., & Nogueira, A. P. O. (2022). Genetic diversity and correlation between morphological traits of pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) with and without thorns at the endocarp. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 94, e20210016. <https://doi.org/10.1590/0001-3765202220210016>
- Gomes, B. H., Mendes, M. G., Faria, M. V. de, Bonetti, A. M., & Nogueira, A. P. O. (2022). Genetic diversity of *Caryocar brasiliense* Cambess. (Caryocaraceae: Malpighiales) among genotypes producing fruits with and without thorns in the endocarp. *Scientia Forestalis*, 50. <https://doi.org/10.18671/scifor.v50.08>
- Hohenlohe, P. A., Funk, W. C., & Rajora, O. P. (2021). Population genomics for wildlife conservation and management. *Molecular Ecology*, 30(1), 62–82.
<https://doi.org/10.1111/MEC.15720>
- Johnson RA & Wichern DW (2007) *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 5ª ed. Upper Saddle River, New Jersey, Prentice Hall. 800p
- Kerr, W. E., Silva, F. R. da, & Tchucarramae, B. (2007). Pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.): informações preliminares sobre um pequi sem espinhos no caroço. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29(1), 169–171. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100035>

- Martins Leão, N. V., Sousa Felipe, S. H., Gallo, R., & Cordeiro Shimizu, E. S. (2023). Genetic variability of *Tachigali vulgaris* trees based on seed morphophysiological traits. *Southern Forests: a Journal of Forest Science*. <https://doi.org/10.2989/20702620.2023.2226335>
- Mojena, R. Hierárquical grouping method and stopping rules: na evaluation. *Computer Journal*, v.20, p.359-363, 1977.
- Moura, N. F., Chaves, L. J., Naves, R. V., Aguiar, A. V. de, & Sobierajski, G. da R. (2013). Variability among provenances and progenies of *Caryocar brasiliense* Camb. *Scientia Forestalis*, 41(97), 103–112.
- Peyre, G. (2021). Terrestrial Biodiversity Hotspots: Challenges and Opportunities. 1–20. https://doi.org/10.1007/978-3-319-71065-5_150-1
- R Core Team (2016). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna.
- Regazzi, A. J., Cruz, C. D. (2020). *Análise multivariada aplicada*. Editora UFV, Viçosa, 401p
- Rao, R. C. *Advanced statistical methods in biometric research* New York: John Wiley & Sons, 1952. 390p.
- Rohlf, F. J. (1970). Adaptive Hierarchical Clustering Schemes. *Systematic Zoology*, 19(1), 58. <https://doi.org/10.2307/2412027>
- Sant’Anna, I. de C., Gouvêa, L. R. L., Martins, M. A., Scaloppi Junior, E. J., de Freitas, R. S., & Gonçalves, P. de S. (2021). Genetic diversity associated with natural rubber quality in elite genotypes of the rubber tree. *Scientific Reports* 2021 11:1, 11(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-80110-w>
- Santos, P. H. R. dos, Giordani, S. C. O., Soares, B. C., Silva, F. H. L. e, Esteves, E. A., & Fernandes, J. S. C. (2018). Genetic divergence in populations of *Caryocar brasiliense* Camb. from the physical characteristics of the fruits. *Revista Árvore*, 42(1). <https://doi.org/10.1590/1806-90882018000100016>
- Shivani, D., Sreelakshmi, C., & Sameer Kumar, C. V. (2011). Canonical variate analysis in safflower (*Carthamus tinctorius* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 2(4), 563–567. <https://ejplantbreeding.org/index.php/EJPB/article/view/573>
- Silva, D. B. Da, Junqueira, N. T. V., Silva, J. A. Da, Pereira, A. V., Salviano, A., & Junqueira, G. D. (2001). Dwarf “pequi” production potential evaluation under natural conditions in

- southern minas gerais state. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23(3), 726–729.
<https://doi.org/10.1590/S0100-29452001000300057>
- Silva, J. M. da, Aguiar, A. V. de, Mori, E. S., & Moraes, M. L. T. de. (2012). Divergência genética entre progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 32(69), 69–78.
<https://doi.org/10.4336/2012.PFB.32.69.69>
- Silva, K. C. L., Silva, K. P. da, Carvalho, E. V. de, Rotilli, E. A., Afférri, F. S., & Peluzio, J. M. (2015). Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura. *Revista Agro@Mambiente On-Line*, 9(2), 102–110.
<https://doi.org/10.18227/1982-8470RAGRO.V9I2.2142>
- Simon, G. A., Kamada, T., & Moiteiro, M. (2012). Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(2), 449–458.
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p449>
- Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41, 237–245.
<https://www.scienceopen.com/document?vid=07d7a918-2261-4070-b6a8-6c87ca365d34>
- Sokal, R. R., & Rohlf, F. J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, 11(2), 33–40. <https://doi.org/10.2307/1217208>
- Van Der Sluis, S., Verhage, M., Posthuma, D., & Dolan, C. V. (2010). Phenotypic complexity, measurement bias, and poor phenotypic resolution contribute to the missing heritability problem in genetic association studies. *PloS one*, 5(11), e13929.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013929>

Capítulo V

Dissimilaridade genética e estrutura populacional em famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* por marcadores microssatélites SSR e ISSR

Bruno Henrique Gomes^{1*} · Tamiris Sabrina Rodrigues¹ · Mariana Gonçalves Mendes¹ · Ana Maria Bonetti¹ · Marcos Vieira de Faria¹ · Polianna Alves Silva Dias² · Ana Paula Oliveira Nogueira¹

* Autor correspondente: b.hgomes@hotmail.com

¹Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Instituto de Biotecnologia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, Campus Umuarama – Bloco 2E – Sala 244, Avenida Amazonas esquina com a Rua Acre, S/N, Bairro Umuarama, CEP: 38405-320, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Urutaí, Rod. Geraldo Silva Nascimento, Km-2,5 - Zona Rural, CEP: 75790-000, Urutaí, Goiás, Brasil

Resumo

O pequi (*Caryocar brasiliense*) é uma importante espécie do Cerrado brasileiro cuja preservação do germoplasma é fundamental, visto que áreas de habitats têm sido reduzidas. Para contribuir com a conservação e o melhoramento genético da espécie é importante compreender a diversidade genética entre os genótipos, a qual pode ser determinada por marcadores moleculares. Objetivou-se neste estudo determinar a diversidade genética e a estrutura populacional de 20 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros originários de matrizes produtoras de frutos com e sem espinhos no endocarpo. Extraíram-se o DNA genômico das 20 famílias (10 progênies originadas de matriz com espinhos e 10 oriundas de matrizes sem espinhos), cujos padrões de polimorfismo foram analisados com 20 marcadores ISSR e 10 microssatélites (SSR). Foi realizada a análise de estrutura populacional por meio do software Structure. Os marcadores ISSR evidenciaram amplificação em 10 das 20 famílias analisadas, enquanto os SSR amplificaram em 18 famílias. Pela análise molecular de variância pode-se observar que a maior diversidade genética está dentro das famílias, indicando um potencial significativo a ser explorado em cada progênie. A estrutura genética das famílias foi delineada em três subpopulações, evidenciando a importância desses estudos moleculares para a conservação e manejo eficiente dos recursos genéticos. Essas informações valiosas proporcionam uma base sólida para futuras iniciativas de preservação e melhoramento genético de *C. brasiliense*.

Palavras-chave: Diversidade genética · Melhoramento vegetal · Pequi · Germoplasma · Molecular · Progênies

Introdução

O Cerrado é um bioma brasileiro com elevada biodiversidade e endemismo de espécies, considerado um dos *hotspots* mundiais para a conservação (Peyre, 2021). Ao longo dos anos tem sido constatado ações de desmatamento e perda da diversidade de espécies. Segundo dados do Ministério do Meio Ambiente (2023) o Cerrado é o segundo maior bioma da América do Sul, ocupando uma área de 2.036.448 km², o que corresponde cerca de 22% do território nacional. Nele encontram-se as nascentes das três maiores bacias hidrográficas da América do Sul (Amazônica/Tocantins, São Francisco e Prata), o que resulta no elevado potencial aquífero e favorecimento da biodiversidade.

O pequi (*Caryocar brasiliense*) é um dos símbolos Cerrado e desempenha um papel significativo na cultura e economia local (Leão et al., 2018; Moura et al., 2013). Esta espécie pode atingir alturas de até 15 metros, com copa ampla e densa que fornece sombra e abrigo para diversas espécies de animais, além de fonte de alimentação e renda para as comunidades que sobrevivem da coleta e comércio dos seus frutos (pequi). Os frutos possuem uma casca grossa (pericarpo) e esponjosa de cor verde, que se torna amarelada quando madura. Seu interior abriga os pirênios que variam de 1 a 4, possuem polpa comestível de coloração amarela e macia (mesocarpo) envolvendo o endocarpo que aloja a semente (Gomes et al., 2022; Moura et al., 2013). O endocarpo pode possuir espinhos ou serem ausentes (Kerr et al., 2007; Kerr, 2007). O pequi é amplamente utilizado na culinária do Cerrado, sendo apreciado por seu sabor característico e aroma marcante. A semente é rica em óleo, que é essencial para a produção de diversos produtos como cosméticos, óleos comestíveis e até mesmo biodiesel (Alves et al., 2014; Cardoso et al., 2013; Geórcze et al., 2013; Macedo et al., 2011; Maia et al., 2008; Palmeira et al., 2016; Almeida et al., 2018).

Tendo em vista que o sucesso de um programa de conservação e melhoramento para o pequi depende principalmente do conhecimento, preservação e utilização da variabilidade genética da espécie, sua determinação torna-se crucial. Atualmente, o uso de marcadores moleculares têm sido a tecnologia promissora para o estudo da divergência genética em plantas (Kumar et al., 2021; Younis et al., 2020; Borém & Caixeta, 2016).

Os marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*) e ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) são ferramentas úteis e amplamente utilizadas em pesquisas genéticas e no melhoramento de plantas (Amiteye, 2021; Barman & Kundu, 2019). Ambos os tipos de

marcadores exploram regiões do DNA que contêm sequências curtas e repetitivas, mas têm características e aplicações distintas. Os marcadores SSR, também conhecidos como microssatélites, consistem em sequências curtas de 1 a 6 nucleotídeos que se repetem em *tandem*. Essas sequências repetitivas são altamente variáveis e exibem polimorfismo em diferentes indivíduos e populações. A análise dos SSR é realizada por meio da amplificação dessas sequências específicas (Hosseinzadeh-Colagar et al., 2016; Oliveira et al., 2006).

Os marcadores ISSR, por outro lado, exploram regiões de DNA entre sequências repetitivas, identificando segmentos que são flanqueados por sequências conservadas, mas com regiões internas altamente variáveis. Esses marcadores não requerem conhecimento prévio de sequências específicas, pois as sequências de iniciadores utilizadas na amplificação são designadas de forma arbitrária (Amiteye, 2021; Reddy et al., 2002). Como os iniciadores são projetados de forma não específica, os marcadores ISSR podem revelar uma grande quantidade de polimorfismo genético, tornando-os uma ferramenta útil para a análise da diversidade genética e a identificação de marcadores associados a características específicas (Raji et al., 2021).

Ambos os marcadores, SSR e ISSR, são importantes aliados nas pesquisas genéticas, ajudando a estimar a diversidade genética, a filogenia, a estrutura populacional e os mecanismos de herança em plantas. O uso de ambos os marcadores moleculares têm se mostrado extremamente úteis no melhoramento de frutíferas, proporcionado avanços significativos no desenvolvimento de variedades melhoradas, mais produtivas, resistentes a doenças e adaptadas a diferentes condições ambientais (Lalrinmawii et al., 2023; Li et al., 2023; Costa et al., 2022; Goswami et al., 2022; Morillo et al., 2022; Bapat et al., 2020; Sarmiento et al., 2017; Costa et al., 2012; Ganopoulos et al., 2011). As combinações de abordagens tradicionais de melhoramento com ferramentas moleculares têm o potencial de impulsionar a fruticultura, contribuir para a segurança alimentar e o desenvolvimento sustentável da agricultura.

Diante do exposto, os objetivos do estudo foram estimar a diversidade genética e estrutura populacional em famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*) utilizando marcadores moleculares SSR e ISSR.

Material e métodos

A análise dos loci ISSR (Tabela 1) e SSR (Tabela 2) envolveu um total de 20 famílias de *Caryocar brasiliense* oriundas de matrizes pertencentes ao Banco de Germoplasma de Pequizeiro da Universidade Federal do Uberlândia (BGPequi-UFU), desenvolvidas a partir de sementes de polinização aberta. As 20 famílias de meio irmãos maternos oriundas de matrizes produtoras de frutos com e sem espinhos (acúleos) no endocarpo (10 com espinhos e 10 espinhos), cujas famílias foram desenvolvidas no ano 2021 e mantidas em casa de vegetação, localizada no Campus Umuarama da UFU. A pesquisa molecular foi realizada no Laboratório de Genética (LABGEN), do Instituto de Biotecnologia da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

Tabela 1. Sequência do iniciador Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) e temperatura de anelamento (T_m)

Primer		Sequência	T _m (°C)
ISSR 2	UBC855	ACACACACACACACACYT	52
ISSR 10	UBC898	CACACACACACARY	50
ISSR 13	MAO	CTCCTCCTCCTCRC	50
ISSR 14	UBC844	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	50
ISSR 15	UBC841	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	52
ISSR 16	UBC840	GAGAGAGAGAGAGAGAYT	52
ISSR 17	OMAR	GAGGAGGAGGAGRC	52
ISSR 22	(GT) ₆ -RC	GTGTGTGTGTGTRC	50

*Y = C ou T; R = A ou G; T_m: Temperatura de Anelamento.

Amostraram-se folhas jovens em 10 indivíduos de cada família, cujas amostras foram acondicionadas em sacos de papel e levados para o LABGEN. O DNA genômico foi extraído utilizando o *Dneasy plant mini kit Qiagen*, com modificações. Aproximadamente 300 mg de tecido foliar do *bulk* de 10 plantas por família foram maceradas em nitrogênio líquido e transferidos para microtubos de 2 mL. Seguidas as etapas de isolamento do DNA, conforme especificações do fabricante. A integridade do DNA extraído foi analisada por eletroforese em gel de agarose 0,8%, com tampão TBE 0,5X (44,5 mM Tris, 44,5 mM ácido bórico e 1 mM EDTA) a 90 Volts com duração de 60 min. O gel foi corado em solução de brometo de etídio

0,5 µg/mL⁻¹ e sua imagem foi capturada em foto documentador Locus Biotecnologia®. Foi realizada a quantificação em espectrofotômetro NanoDrop® para mensuração da concentração e o grau de pureza do DNA, considerando para isso, a relação DNA/Proteínas (A260/280nm) e DNA/Compostos secundários (A260/230nm).

Tabela 2. Sequência dos iniciadores, motivos de repetição e temperatura de anelamento (Ta) para os 10 loci SSR desenvolvidos para *Caryocar brasiliense*

Primer	Repeat motif	Primer pair sequences (5' -> 3')	Ta (°C)
cb1	(AG) ₂₇	ggTgTgAgCTTAgAgCTgAA gTCCAgCTTAATgTCCgACT	52
cb3	(AG) ₂₅	CAGCCATggTTCACgTTAgT CgCACATggAAACgCTTA	52
cb5	(AG) ₁₉	gTCAgAATgAAggCAGCTTg ATAgAATCCAggCCACACCA	52
cb6	(AG) ₁₉	CTACCACAACCTCggAgACAA gACACTCCTgCAACTCCATT	52
cb9	(AG) ₂₁	ATCgAgATgAgCCAACCgAC ggAAggTgTTgCAGCACTgA	52
cb11	(AG) ₂₈	ggTCgTTATTgCTgTggT gTgAACATgAgCATCggT	52
cb12	(AG) ₂₁ (AC) ₉	GACATgTggCAATAggCggT TTgTgTgTgAAggTgTgTTggTT	52
cb13	(AG) ₁₅	AgCAGTTAgATgATgAAgTg CTATTgCCATATgTCgTAgt	52
cb20	(AG) ₂₂	TgACACAACCATCACATTCT gCAACTgTCgCAATAAACAA	52
cb23	(AG) ₁₈	ATACCAgCTCTgACAgAA AAgCCTgAgAgTAgAgAA	52

Para análise com ISSR, foram selecionados 10 primers (Tabela 1) que produziram alelos reproduzíveis após a triagem preliminar de 22 primers ISSR. Para amplificações de SSR (Tabela 2), 10 loci microsatélites desenvolvidos por Collevatti et al. (1999) foram selecionados para a avaliação da diversidade genética entre as famílias de meio irmãos.

Nas etapas de amplificação por PCR (Polimerase Chain Reaction), o mix utilizado para todos os primers teve um volume final de 20 µL, contendo: 3 µL DNA extraído de cada amostra diluído a 10 ng/µl (10%), dNTPs 4%, primer F 5% e primer R 5%, MgCl₂ 10%, tampão de

reação 1X (20 mM de Tris-HCl pH 8,4; 50 mM de KCl) 10% e Taq-DNA Polimerase 1%, água ultrapura qsp. As reações de PCR foram realizadas em Termociclador (BioRad T100 TM), seguindo o programa: desnaturação inicial a 94 °C por 3 min, seguida de 37 ciclos de desnaturação a 94 °C por 1 min, anelamento (52°C para SSR, e 50°C a 54°C para os ISSR) por 1 min e extensão a 72°C por 1 min com extensão final a 72°C por 7 min. Uma vez que os marcadores ISSR possuem apenas 1 sequência o volume do iniciador para cada reação foi de 10%.

Os produtos das PCRs foram separados por eletroforese em gel de agarose (2,5%), em tampão TBE 0,5X, com duração média de 2h30 a 100 volts. Os géis foram corados em solução de Brometo de etídio 0,5 µg/mL⁻¹, tendo a imagem capturada em fotodocumentador Loccus Biotecnologia. O DNA Ladder de 100pb foi utilizado como padrão para comparação dos fragmentos amplificados. Pelo menos duas amplificações de PCR independentes foram realizadas para cada iniciador.

Análise de dados

Coeficientes de similaridade e diversidade genética por marcadores ISSR

Bandas consistentemente reproduzíveis e bem resolvidas foram consideradas para avaliação do padrão de polimorfismo. Para análise de diversidade genética, os perfis de bandas ISSR foram processados como marcadores dominantes e cada locus foi considerado como um locus bialélico com um alelo amplificável e um nulo. Os dados foram pontuados como 1 para a presença e 0 para a ausência de banda de DNA para cada locus. Foram consideradas para análises apenas as amostras que apresentaram número de falhas inferior a 10% do total de bandas polimórficas, como discutido por Warburton et al. (2000).

Onze coeficientes de similaridade foram analisados (Tabela 3). As estimativas de similaridade (sg_{ij}) entre os genótipos foram convertidas em dissimilaridade (dg_{ij}) por meio do complemento aritmético dos coeficientes utilizados, obtidos pela expressão: $dg_{ij} = 1 - sg_{ij}$ (Cruz et al., 2012). Considerando que a confiabilidade da análise de agrupamento pode ser comprometida pela seleção subjetiva dos coeficientes de similaridades faz-se necessário estudá-los melhor, visando recomendar o coeficiente mais adequado (Albuquerque et al., 2016).

Tabela 3. Coeficientes de similaridade utilizados para obtenção da matriz de dissimilaridade (1-s) genética entre 10 famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* a partir de informações de marcadores moleculares ISSR.

Coeficiente	Expressão da similaridade ⁽¹⁾
Baroni	$[a + \sqrt{(ad)}]/[a + b + c + \sqrt{(ad)}]$
Coincidência Simples	$(a + d)/(a + b + c + d)$
Hamann	$[(a + d) - (b + c)]/(a + b + c + d)$
Índice I	$(a - bc)/\sqrt{[(a + b)(a + c)(b + d)(c + d)]}$
Índice III	$0,25[a/(a + b) + a/(a + c) + d/(d + b) + d/(d + c)]$
Jaccard	$a/(a + b + c)$
Nei e Li	$2a/(2a + b + c)$
Ochiai I	$a/\sqrt{[(a + b)(a + c)]}$
Ochiai II	$(ad)/\sqrt{[(a + b)(a + c)(b + d)(c + d)]}$
Rogers e Tanimoto	$(a + d)/[a + 2(b + c) + d]$
Sokal e Sneath	$2(a + d)/[2(a + d) + b + c]$

⁽¹⁾ $a = 1; 1; b = 1; 0; c = 0; 1; d = 0; 0$

Uma vez que foi observado similaridades entre as matrizes dos coeficientes analisados, pelo teste de Mantel com 1.000 permutações (Mantel, 1967), alto coeficiente de correlação cofenético (Sokal & Rohlf, 1962) e, valores satisfatórios de estresse e distorção (Kruskal, 1964), optou-se para a análise multivariada a utilização do coeficiente de Jaccard (Jaccard, 1908), utilizando-se do Índice do complemento aritmético, onde consiste na comparação do número de presenças de bandas comuns e o número total de bandas envolvidas, excluindo o número de ausências (Meyer et al., 2004).

A construção do dendrograma pelo método de agrupamento hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) foi realizado a partir da matriz de dissimilaridade gerada, e a validação da representação gráfica determinada pelo coeficiente de correlação cofenético, cuja significância foi avaliada pelo teste t. Foi realizado o agrupamento de otimização de Tocher visando discriminar melhor os grupos formados pelas famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros.

Os coeficientes de similaridade foram comparados quanto à eficiência de projeção das distâncias originais no espaço bidimensional mediante os parâmetros estresse (S) e distorção

$(1 - \alpha)$, expressos pelas equações: $S = \sqrt{\frac{\sum_{i>j} (d_{oij} - d_{gij})^2}{\sum_{i>j} d_{oij}}}$, em que: d_{gij} , e d_{oij} são as distâncias gráficas (espaço bidimensional) e originais (espaço n dimensional), respectivamente, de todos os pares de genótipos i e j. Sendo α dado por: $\alpha = \frac{\sum_{i>j} d_{gij}}{\sum_{i>j} d_{oij}}$. A representação estatística de estresse (soma de quadrados de resíduos padronizados), proposta por Kruskal (1964), é um parâmetro que determina a qualidade do ajuste da projeção gráfica.

Realizou-se, também, o agrupamento dos acessos pelo método de otimização de Tocher (Rao, 1952) visando analisar o padrão de consistência dos agrupamentos por métodos hierárquicos e não hierárquicos. Para avaliar a variabilidade genética entre e dentro das populações (entre famílias e dentro de famílias) foi realizada Análise de Variância Molecular (AMOVA).

Diversidade genética por marcadores SSR

Para a análise dos SSR foi gerada uma matriz contendo 1, 2 e 3 de acordo com o número de alelos para cada locus, onde as codificações 11, 22 e 33 referem-se aos homozigotos e 12, 13 e 23 aos heterozigotos. A partir da planilha de dados determinou-se o conteúdo de informação polimórfica (PIC). O PIC calculado para cada locus microssatélite foi avaliado por meio da frequência de alelos, pela expressão:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{i \neq j}^a p_i^2 p_j^2$$

Em que: p_i é a frequência do i-ésimo alelo do loco estudado; p_j é a frequência do j-ésimo alelo do loco estudado.

A distância genética entre os pares de genótipos foi estimada utilizando o complemento do índice ponderado pelo número de alelos ($D = 1 - S$) como medida de dissimilaridade, dada por:

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

Em que: P peso associados ao loco j dado por: $p = \frac{a_j}{A}$, a_j : número total de alelos do loco j; A : número total de alelos; c_j : número de alelos comum entre os pares i e i'; sendo

$$\sum_{j=1}^L p_j = 1$$

Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade, foi gerado o dendrograma utilizando a metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA), estabelecido pelos genótipos de maior similaridade, em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos *i* e *j*. O coeficiente de correlação cofenético (CCC) entre a matriz de dissimilaridade genética e a matriz de valores cofenéticos foi estimado para verificar a consistência do agrupamento. Realizou-se, também, o agrupamento dos acessos pelo método de otimização de Tocher (Rao, 1952) visando analisar o padrão de consistência dos agrupamentos por métodos hierárquicos e não hierárquicos. Para avaliar a variabilidade genética entre e dentro das populações (entre famílias e dentro de famílias) foi realizada Análise de Variância Molecular (AMOVA).

Todas as análises foram realizadas pelo Programa computacional em Genética e Estatística GENES (CRUZ, 2006).

Estrutura populacional

Os dados obtidos dos loci SSR e ISSR foram analisados no programa Structure v2.3.4 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2007). Nesta análise existe a possibilidade de optar por um modelo de ancestralidade com mistura, quando os genomas podem apresentar proporção de mais de uma população, e um modelo sem mistura, quando os genomas dos isolados têm origem de populações distintas. Sendo assim, optou-se pelo modelo de ancestralidade com mistura, permitindo que fosse inferido e assumindo frequências alélicas correlacionadas. Para estas análises foram realizadas 20 simulações independentes para valores de *K* que variaram de uma a dez. Em cada simulação, foram feitas 10.000 simulações de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) com um treinamento inicial de 10.000. Todos os dados foram analisados usando o método de Evanno et al. (2005) conforme implementado no software Structure HARVESTER (v0.6.94) (Earl; von Holdt, 2012; Evanno et al., 2005) para determinar o número ideal de grupos (*K*). As distribuições populacionais consensuais foram obtidas com o software CLUMPP (v1.1.2) (Jakobsson; Rosenberg, 2007).

Resultados

Coeficientes de similaridade e diversidade genética por marcadores ISSR

Dos 22 marcadores ISSR utilizados, 8 apresentaram amplificação, entre 10 famílias (UFU_pC6, UFU_pE10, UFU_pB29, UFU_pE8, UFU_pC16, UFU_pB3, UFU_pB29, UFU_pA17, UFU_pE18, UFU_pD14 e UFU_pD8) das 20 analisadas. Diante disso, as amostras que não apresentaram alelos foram excluídas da análise.

As dissimilaridades obtidas pelo complemento das similaridades adotando-se 11 coeficientes distintos foram altamente correlacionadas (superior a 0,96), evidenciando uma forte associação entre elas (Tabela 4). Nesse contexto, evidenciou-se que a escolha de um dos coeficientes levaria a padrões de diversidade genética semelhante, o que justificou a escolha do coeficiente de Jaccard para análise dos padrões de agrupamentos dos genótipos estudados.

Tabela 4. Correlações entre matrizes de dissimilaridade obtidas a partir da utilização dos onze coeficientes de similaridade avaliados.

	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
A	0,99999	0,99039	0,99855	0,99843	0,96033	0,97209	0,97459	0,97992	0,99116	1,000
B		0,99038	0,99854	0,99842	0,96032	0,97212	0,97462	0,97987	0,99116	0,99999
C			0,99466	0,99452	0,98371	0,99519	0,99617	0,98324	0,98375	0,99039
D				0,99992	0,96852	0,98018	0,98277	0,98395	0,99094	0,99855
E					0,96824	0,97986	0,98256	0,98376	0,99079	0,99843
F						0,98994	0,98906	0,98697	0,97419	0,96033
G							0,99979	0,97488	0,96777	0,97209
H								0,97642	0,96986	0,97459
I									0,99565	0,97992
J										0,99116

Correlações significativas a 1% de probabilidade pelo teste de Mantel, baseado em 10.000 simulações. Coincidência Simples (A); Baroni (B); Hamann (C); Índice II (D); Índice III (E); Jaccard (F); Nei e Li (G); Ochiai I (H); Ochiai II (I); Rogers e Tanimoto (J); Sokal e Sneath (K).

Os dendrogramas gerados a partir da matriz de dissimilaridades obtida pelo complemento da similaridade de cada um dos coeficientes analisados apresentaram coeficiente de correlação cofenético (CCC) superior a 0,94 e, a porcentagem de estresse e distorção foram de baixas magnitudes (Tabela 5) indicando boa representação das distâncias nos dendrogramas.

Tabela 5. Coeficiente de correlação cofenético (CCC), estresse e distorção entre a matriz original de distâncias e a matriz resultante do processo de agrupamento

Índices de Similaridade	CCC	Estresse (%)	Distorção (%)
Coincidência simples	0,9502	10,7222	1,1494
Baroni	0,9502	10,722	1,1496
Hamann	0,9507	10,5708	1,1173
Índice I	0,9509	10,5807	1,1193
Índice III	0,9508	10,587	1,1235
Jacard	0,9461	7,9804	0,6365
Nei e Li	0,9427	11,2838	1,2732
Ochiai I	0,9434	11,2477	1,2651
Ochiai II	0,9531	7,8115	0,6102
Rogers e Tanimoto	0,9531	7,7825	0,6055
Sokal e Sneath	0,9502	10,7222	1,1494

CCC: Coeficiente de correlação cofenético

Diante dos resultados obtidos para cada coeficiente, optou-se pelo coeficiente de Jaccard. As estimativas de dissimilaridade obtidas pelo complemento da similaridade de Jaccard constam na Tabela 6, onde pode-se verificar ampla dissimilaridade genética oscilando entre 0,273 (UFU_pB29 e UFU_pC6) a 0,899 (UFU_pC16 e UFU_pD8) (Tabela 6).

Tabela 6. Matriz de dissimilaridade genética entre as 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros calculada com base no complemento do coeficiente de Jaccard, utilizando 83 fragmentos ISSR

	UFU_ pD14	UFU_ pC16	UFU_ pB3	UFU_ pD8*	UFU_ pC6	UFU_ pE10	UFU_ pB29*	UFU_ pA17*	UFU_ pE8
UFU_pE18	0,463	0,625	0,613	0,875	0,673	0,687	0,687	0,785	0,735
UFU_pD14		0,696	0,718	0,750	0,737	0,704	0,654	0,792	0,722
UFU_pC16			0,310	0,899 ⁺⁺	0,603	0,614	0,655	0,759	0,631
UFU_pB3				0,889	0,555	0,514	0,543	0,687	0,588
UFU_pD8*					0,875	0,888	0,889	0,889	0,888
UFU_pC6						0,273 ⁺	0,437	0,638	0,529
UFU_pE10							0,341	0,622	0,413
UFU_pB29*								0,512	0,325
UFU_pA17*									0,547

* Famílias oriundas de matrizes produtoras de frutos sem espinhos, ⁺ Menor distância genética, ⁺⁺ Maior distância genética

O dendrograma gerado a partir da análise de agrupamento UPGMA (Figura 1) com base no índice de similaridade de Jaccard permitiu classificar as 10 famílias de pequizeiros em seis grupos a partir do corte em 50% das distâncias. Deste modo, pode-se observar grupos isolados

constituídos pela família UFU_pD8 e UFU_pA17 (sem espinhos) e as famílias UFU_pD14 e UFU_pE18 (com espinhos).

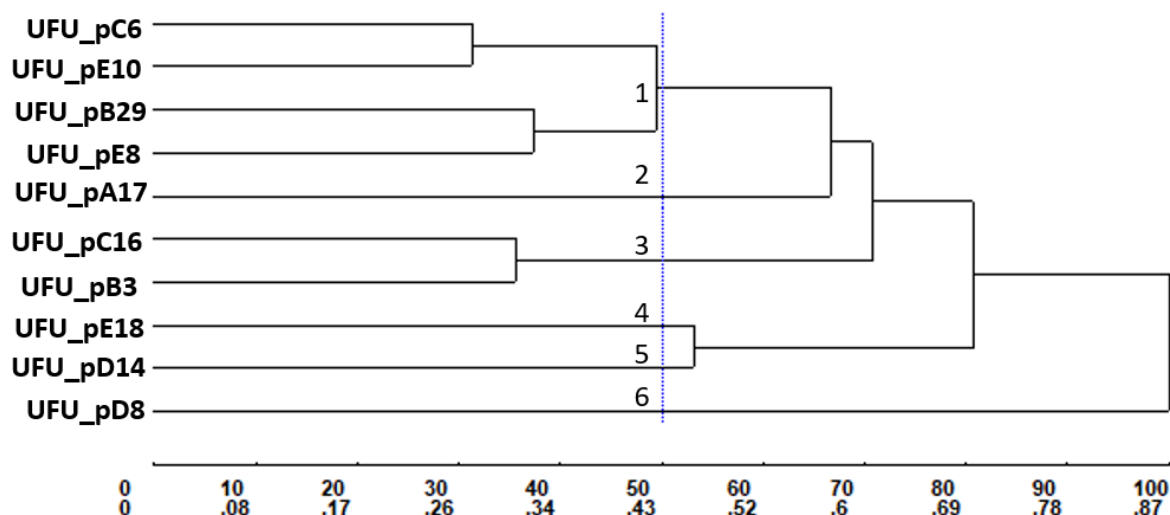


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*), construídos a partir das matrizes de distâncias genéticas obtidas pelo complemento do coeficiente de similaridade de Jaccard

Na tabela 7 encontra-se o agrupamento das 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros pelo método de otimização de Tocher, o qual revelou a formação de 4 grupos. Observa-se que a família UFU_pD8(sem espinhos) foi agrupada individualmente o que indica ser mais divergente quando comparada aos demais. O grupo II e III foram compostos pelas famílias UFU_pB29, UFU_pA17 (sem espinhos no endocarpo) e UFU_pE18 e UFU_pD14 (Com espinhos no endocarpo). O grupo I correspondeu a maior quantidade de famílias, todas oriundas de matrizes produtoras de frutos com espinhos no endocarpo.

Tabela 7. Agrupamento das 10 famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* pelo método de otimização de Tocher, a partir de informações moleculares ISSR

GRUPO	ACESSOS
I	UFU_pC6 UFU_pE10 UFU_pB29 UFU_pE8 UFU_pC16 UFU_pB3
II	UFU_pB29 UFU_pA17
III	UFU_pE18 UFU_pD14
IV	UFU_pD8

Pela Análise Molecular de Variância (AMOVA) foi observada uma diferenciação genética significativa entre as populações, avaliada pela estatística Φ ($\Phi_{st} = 0,285$). O valor de Φ_{st} (Tabela 8) representa a diferenciação genética entre as progênies, sendo classificados como baixa diferenciação (0 a 0,05), moderada diferenciação (> 0,05 a 0,15), grande diferenciação (> 0,15 a 0,25) e alta diferenciação (> 0,25). A análise de variância molecular forneceu uma estimativa que grande parte da variabilidade genética está concentrada dentro das populações (71,52%), com menor porcentagem entre eles (28,48%) (Tabela 8).

Tabela 8. Análise de variância molecular (AMOVA) para 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*)

FV	GL	QM	Variância estimada	Porcentagem da variância
Entre	1	29,94	4,59	28,48
Dentro	7	11,55	11,55	71,52
Total	8	13,85	16,14	100

**Significante a 1%, ϕ ST = 0,285; GL: Graus de liberdade; QM: Quadrado médio

O conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) e heterozigosidade esperada (He) foram gerados para os marcadores que permitiram a genotipagem molecular. O PIC atingiu valores entre 0,0 e 0,20 para os grupos de famílias oriundas de sementes sem espinhos e, de 0,08 a 0,28 para os grupos de famílias oriundas de sementes com espinhos. A He apresentou valores entre 0,0 e 0,24 e de 0,10 a 0,37 para as famílias oriundas de sementes sem e com espinhos, respectivamente (Tabela 9).

Tabela 9. Frequência dos alelos, Heterozigosidade esperada e conteúdo de informação de polimorfismo em 10 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*)

Marcador	População de frutos sem espinhos						
	A-	aa	N	f(A)	f(a)	He	PIC
ISSR17	1,55	1,45	3,00	0,45	0,55	0,14	0,12
ISSR2	0,50	0,50	1,00	0,50	0,50	0,00	0,00
ISSR22	1,25	1,75	3,00	0,30	0,70	0,23	0,19
ISSR14	1,00	2,00	3,00	0,24	0,76	0,19	0,15
ISSR15	1,45	1,55	3,00	0,36	0,64	0,24	0,19
ISSR10	1,64	1,36	3,00	0,44	0,56	0,21	0,17
ISSR13	1,63	1,38	3,00	0,42	0,58	0,23	0,19
ISSR16	1,07	1,93	3,00	0,23	0,77	0,24	0,20
Marcador	População de frutos com espinhos						
	A-	aa	N	f(A)	f(a)	He	PIC
ISSR17	3,18	2,82	6,00	0,48	0,52	0,10	0,08
ISSR2	1,13	3,88	5,00	0,14	0,86	0,17	0,13
ISSR22	2,25	3,75	6,00	0,29	0,71	0,16	0,13
ISSR14	2,36	3,64	6,00	0,27	0,73	0,25	0,20
ISSR15	2,00	3,00	5,00	0,28	0,72	0,24	0,19
ISSR10	2,00	3,00	5,00	0,30	0,70	0,20	0,17
ISSR13	4,13	1,88	6,00	0,51	0,49	0,37	0,28
ISSR16	2,20	3,80	6,00	0,25	0,75	0,23	0,19

ISSR: *Inter Simple Sequence Repeat*; N: número de alelos, f(A): frequência do alelo A; f(a): frequência do alelo a; He: heterozigosidade; PIC: Conteúdo de informações polimórficas

O número efetivo de alelos variou de 1 a 3 nas famílias de frutos sem espinhos e de 5 a 6 nos grupos oriundos de sementes com espinhos (Tabela 8). No presente estudo a heterozigosidade esperada variou de 0 a 0,24 para o grupo sem espinhos, e de 0,10 a 0,37 para o grupo com espinhos.

Diversidade genética por marcadores SSR

As distâncias genéticas entre os pares de famílias estimadas pelo complemento do índice ponderado como medida de dissimilaridade estão na Tabela 10. Pode-se verificar ampla dissimilaridade genética oscilando entre 0,49 (UFU_pA17:UFU_pC6) a 0,99 (UFU_pB6:UFU_pD8, e UFU_pD8:UFU_pE16).

Tabela 10. Distâncias genéticas entre os pares de genótipos estimadas utilizando o complemento (1-s) do índice ponderado

	UFU_ pE9	UFU_ pD14	UFU_ pB6	UFU_ pA8	UFU_ pC2	UFU_ pC16	UFU_ pA2	UFU_ pB25	UFU_ pB3	UFU_ pD8	UFU_ pB26	UFU_ pE16	UFU_ pB16	UFU_ pC6	UFU_ pE10	UFU_ pB29	UFU_ pA17
UFU_pE18	0,66	0,85	0,74	0,69	0,85	0,85	0,80	0,79	0,73	0,91	0,80	0,75	0,80	0,91	0,78	0,84	0,86
UFU_pE9		0,65	0,91	0,68	0,91	0,95	0,56	0,79	0,79	0,79	0,81	0,88	0,67	0,75	0,97	0,81	0,54
UFU_pD14			0,81	0,91	0,86	0,82	0,81	0,85	0,91	0,89	0,73	0,75	0,80	0,75	0,80	0,91	0,79
UFU_pB6				0,85	0,89	0,81	0,87	0,95	0,67	0,99**	0,92	0,61	0,92	0,95	0,75	0,82	0,95
UFU_pA8					0,94	0,75	0,61	0,75	0,68	0,95	0,82	0,66	0,37	0,91	0,84	0,55	0,86
UFU_pC2						0,89	0,74	0,94	0,94	0,99**	0,84	0,89	0,90	0,85	0,90	0,90	0,90
UFU_pC16							0,75	0,74	0,80	0,95	0,66	0,75	0,76	0,77	0,71	0,75	0,84
UFU_pA2								0,73	0,75	0,85	0,65	0,86	0,71	0,74	0,95	0,68	0,84
UFU_pB25									0,68	0,90	0,84	0,91	0,75	0,78	0,74	0,90	0,79
UFU_pB3										0,94	0,96	0,75	0,80	0,75	0,84	0,72	0,85
UFU_pD8											0,94	0,89	0,95	0,89	0,90	0,95	0,90
UFU_pB26												0,73	0,82	0,50	0,70	0,81	0,74
UFU_pE16													0,61	0,76	0,71	0,70	0,80
UFU_pB16														0,75	0,79	0,64	0,71
UFU_pC6															0,74	0,75	0,49*
UFU_pE10																0,63	0,79
UFU_pB29																	0,74

*Menor distância genética; ** Maior distância genética . Famílias oriundas de matrizes sem espinhos no endocarpo: UFU_pD8, UFU_pC6, UFU_pB26, UFU_pB29, UFU_pA17, UFU_pE10, UFU_pE16, UFU_pB3; Famílias oriundas de matrizes com espinhos no endocarpo: UFU_pA2, UFU_pB16, UFU_pC2, UFU_pB6, UFU_pE9, UFU_pA8, UFU_pE18, UFU_pD14, UFU_pC16, UFU_pB25

Visando estabelecer um padrão de agrupamentos para as famílias de meio irmãos de pequiizeiros foi construído um dendrograma a partir da matriz de dissimilaridade utilizando como método de agrupamento a ligação média entre grupos (Figura 2). Pode-se verificar a formação de 9 grupos distintos.

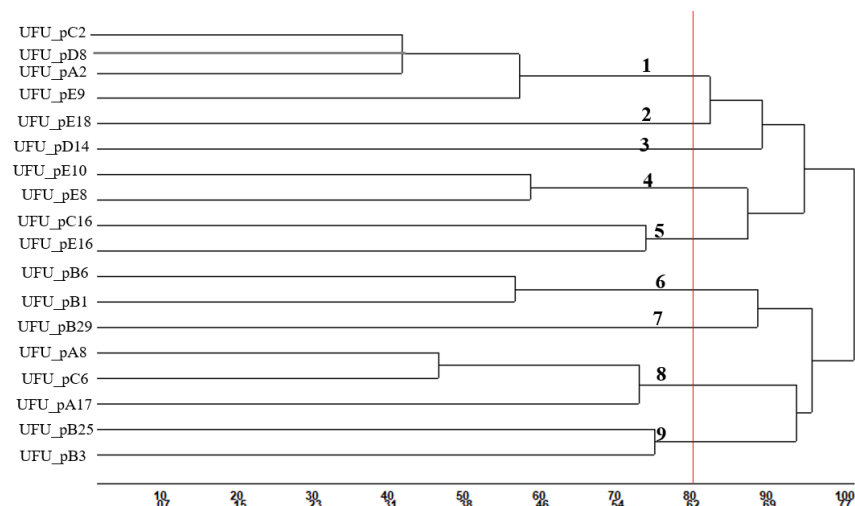


Figura 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre famílias de meio irmãos maternos de pequiizeiros a partir de 10 loci SSR.

Na tabela 11 encontra-se o agrupamento das 18 famílias de famílias de meio irmãos maternos de pequiizeiros pelo método de otimização de Tocher, o qual revelou a formação de 10 grupos. Observa-se que as famílias UFU_pE18, UFU_pC6, UFU_pB16, UFU_pA2 e UFU_pD14 foram agrupadas individualmente o que indica serem mais divergentes quando comparados aos demais.

Tabela 11. Agrupamento das 18 famílias de meio irmãos maternos de *Caryocar brasiliense* pelo método de otimização de Tocher, a partir de informações moleculares SSR

GRUPO	ACESSOS			
I	UFU_pC2	UFU_pB3		
II	UFU_pA8	UFU_pE16	UFU_pE10	UFU_pB26
II	UFU_pB1	UFU_pB29	UFU_pD8	
IV	UFU_pE9	UFU_pC16		
V	UFU_pB6	UFU_pB25		
VI	UFU_pE18			
VII	UFU_pC6			
VII	UFU_pB16			
IX	UFU_pA2			
X	UFU_pD14			

Dos 10 pares de marcadores utilizados todos apresentaram amplificação em 18 das 20 famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros. O resultado da AMOVA mostrou que a maior diversidade genética ocorre dentro das famílias (97,38%) (Tabela 12), sugerindo que há variabilidade a ser explorada em cada uma das progênes.

Tabela 12. Análise de variância molecular (AMOVA) das famílias de meio irmãos de *Caryocar brasiliense*, estudadas a partir de 10 marcadores de SSR

Fonte de variação	Graus de liberdade	Quadrados médios	Va (%)
Entre populações	1	1,09	2,62
Dentro de populações	16	0,88	97,38
Total	17		

SSR: Simple sequence repeat, Va(%): porcentagem da variância

A heterozigosidade esperada e observada para as famílias de meio irmãos de pequizeiros estão representadas da tabela 13. Para avaliar o polimorfismo dentro da população SSR, foi calculado o conteúdo de informação do polimorfismo (PIC), que representa a informatividade de um marcador, com valores mais elevados indicando maior polimorfismo e diversidade dentro da população.

Tabela 13. Nível de polimorfismo das 18 famílias de meio irmãos de *Caryocar brasiliense* com base nos dez loci microssatélites

Primers	Nº alelos		PIC		Hesp		Hobs	
	P1	P2	P1	P2	P1	P2	P1	P2
cb11	4	6	0,408	0,590	0,444	0,6296	0,444	0,444
cb1	2	2	0,375	0,365	0,5	0,48	1,0	0,800
cb23	5	6	0,684	0,686	0,728	0,7222	0,778	0,222
cb13	4	5	0,667	0,726	0,719	0,7653	0,0	0,143
cb3	3	2	0,437	0,178	0,494	0,1975	0,222	0,0
cb9	5	3	0,722	0,453	0,758	0,5408	0,062	0,143
cb6	4	4	0,585	0,647	0,643	0,7245	0,428	0,428
cb5	3	4	0,505	0,531	0,592	0,595	0,889	0,70
cb20	5	4	0,749	0,692	0,784	0,7400	1,0	0,90
cb12	4	2	0,476	0,124	0,514	0,1327	0,333	0,143
Média			0,561	0,5018	0,6177	0,5528	0,572	0,3924

PIC: conteúdo de informação de polimorfismo; Hesp e Hobs: Heterozigosidade esperada e observada, respectivamente. P1 e P2: População de pequizeiros com e sem espinhos, respectivamente

Estrutura populacional

Marcadores moleculares são imprescindíveis no estudo da estrutura genética das populações. Loci polimórficos e reprodutíveis acessados por marcadores SSR e ISSR em famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros estão representados na figura 3.

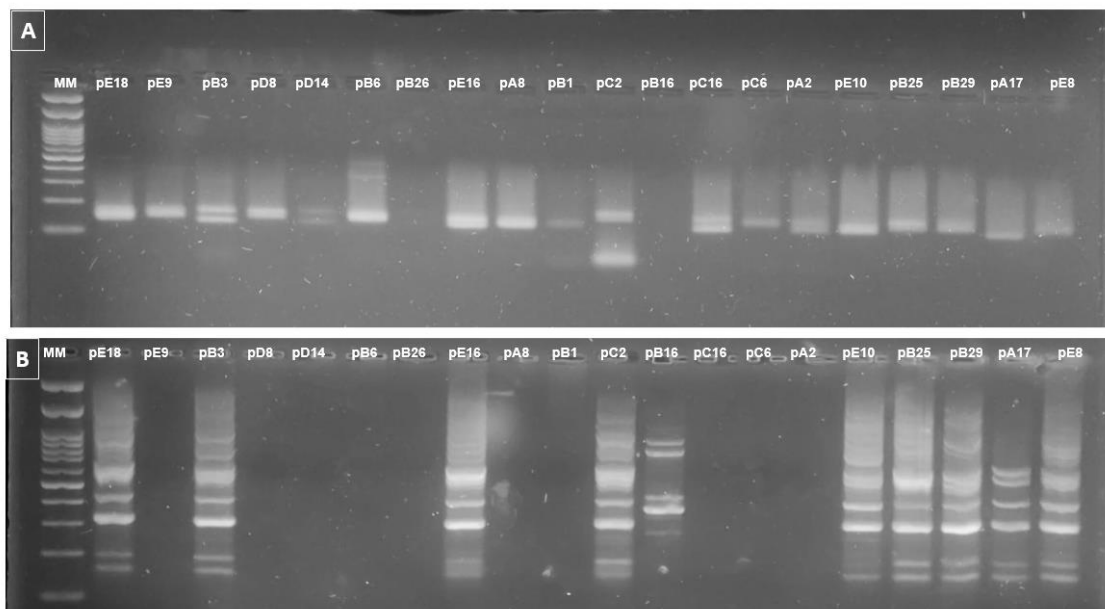


Figura 3. Perfil de amplificação de marcadores SSR_cb20 (A) e ISSR_17 (B) em 20 progênes de *Caryocar brasiliense*. Eletroforese em gel de agarose 1,5%, 100 volts por 2:00 horas Marcador de peso molecular: 100 pb.

A análise da estrutura genética populacional foi realizada utilizando dados de loci SSR e ISSR no programa Structure. O número ideal de subpopulações (K) foi determinado utilizando o algoritmo Structure Harvester, e os resultados foram apresentados na Figura 4. O valor mais adequado para K foi 3 para os dois tipos de marcadores. Desta forma, os resultados a subpopulação de K = 3 foram selecionados (Figura 5).

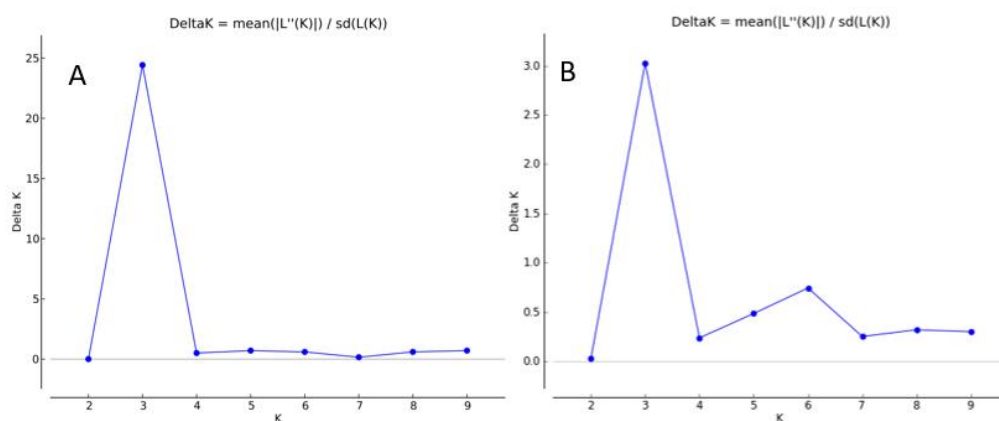


Figura 4. Distribuição de delta K (ΔK) para diferentes números de subpopulações para determinar o verdadeiro número de subpopulações (K). O pico acentuado de ΔK em $K = 3$ sugere três subpopulações para marcadores SSR (A) e ISSR (B)

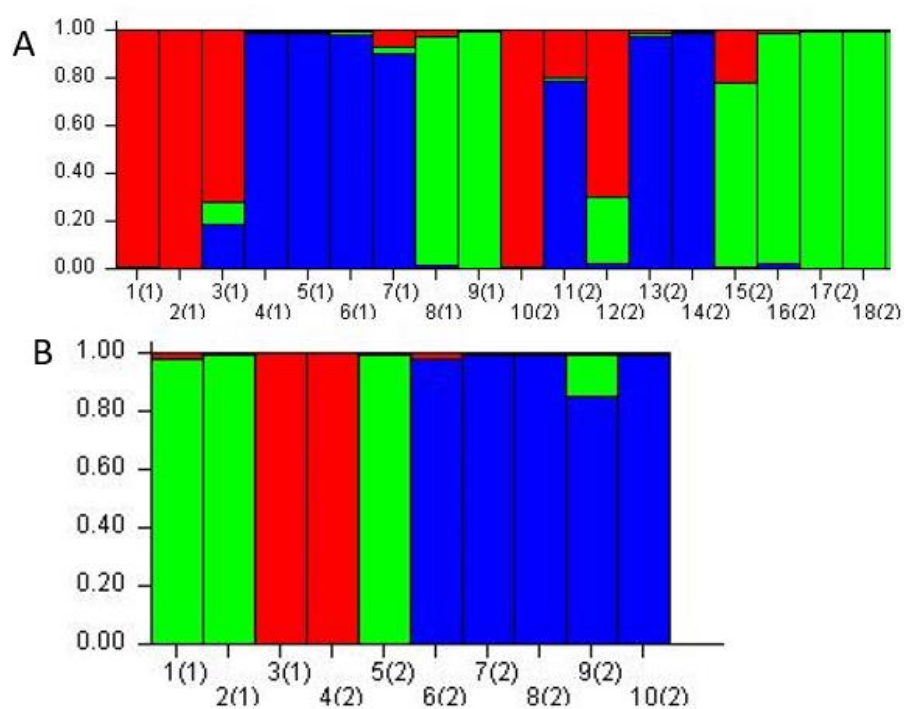


Figura 5. Estimativas da estrutura populacional para as famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros (*Caryocar brasiliense*) usando marcadores SSR (A) e marcadores ISSR (B). As cores azul, vermelho e verde representam grupos genéticos designados pelo Structure Harvester.

O valor ideal de K indicou que três subpopulações (SP1, SP2, SP3) apresentaram a maior probabilidade de agrupamento populacional das famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros. Ao analisar a estrutura populacional (Figura 6A e 6B) pode-se verificar a influência da relação de parentesco na estrutura genética das famílias de meio irmãos. Além disso, houve mistura genética entre as famílias devido ao fluxo gênico durante o processo de polinização.

Discussão

Nos estudos de diversidade genética de plantas, utilizando marcadores moleculares, podem ser empregadas diferentes coeficientes para obtenção da similaridade genética. Neste estudo analisou-se 11 coeficientes distintos, dos quais considerou-se para as análises de agrupamento o coeficiente de Jaccard, que tem sido amplamente adotado em estudos de diversidade genética de diferentes espécies vegetais (Houmanat et al., 2021; Darkwa et al., 2020; Gogoi et al., 2023).

Estudos sobre diversidade genética são essenciais para a conservação e manejo dos recursos genéticos em programas de melhoramento (Tian-Ming et al., 2007). Em estudos de pré-melhoramento de *C. brasiliense* a diversidade genética existente na população permite compreender o parentesco entre genótipos a partir de estudos moleculares de famílias de meio irmãos maternos, principalmente sem espinhos no endocarpo, para os quais há pouca informação disponível.

Para estabelecer uma estratégia e manejo de recursos fitogenéticos para *C. brasiliense* é necessário estudos de caracterizações morfológicas, agrônômicas, fisiológicas e moleculares. Neste sentido, das 20 famílias avaliadas com o uso de marcadores ISSR, 10 famílias apresentaram bandas consistentes e reprodutíveis. Diante desses dados foi possível utilizar as informações geradas para classificação das progênies em grupos divergentes bem como a caracterização da estrutura populacional.

Os loci SSR e ISSR gerados a partir das famílias de meio irmãos maternos de *C. brasiliense* foram analisados para prever as propriedades polimórficas e aplicação na diferenciação genotípica das famílias, bem como determinar a estrutura genética. Os marcadores moleculares ideais devem ter propriedades codominantes e polimórficas (Kumar et al., 2019), como os SSR. No entanto, por não possuir o genoma completamente

sequenciado, o uso dos ISSR se torna uma alternativa para estudos de divergência genética de populações de *C. brasiliense*. A combinação dos dois tipos de marcadores potencializa e trazem informações a serem utilizadas na análise de diversidade. O número e os tipos de amostras podem fornecer diferentes números de alelos mesmo quando se utiliza o mesmo marcador, conforme observado na presente pesquisa, principalmente ao utilizar os marcadores ISSR, que foram capazes de amplificar um pequeno grupo de famílias.

O valor PIC evidencia o nível de variação para cada loci. O maior valor de PIC foi encontrado no loco ISSR16 (0,20) para as famílias provenientes de frutos sem espinhos no endocarpo, e no loco ISSR 13 (0,28) para as famílias provenientes de frutos com endocarpo espinhoso. Em relação aos marcadores SSR, o maior valor de PIC foi encontrado no loco cb20 (0,749) para as famílias provenientes de frutos sem espinhos no endocarpo, e no loco cb13 (0,726) para as famílias provenientes de frutos com endocarpo espinhoso. Estes valores para os marcadores SSR são considerados muito informativos, e os valores para os ISSR pouco informativos com base no agrupamento dos escores do PIC de Mateescu et al (2005), que classifica valores de PIC > 0,60 como muito informativos, 0,30–0,59 bastante informativos e < 0,30 pouco informativos.

Pela definição de Ott (1992), que considera o marcador como polimórfico, se a heterozigiosidade for maior ou igual a 0,1 e altamente polimórfico se for maior ou igual a 0,7. Diante disso, os ISSR são marcadores polimórficos que servem para discriminação de indivíduos intimamente relacionados (Abirami et al., 2021; Coronado et al., 2017), podendo ser aplicados, também, nas espécies nativas como *C. brasiliense*. Os marcadores ISSR têm sido amplamente utilizados para definir a extensão das variações genéticas em indivíduos ou populações, representando-os como um dos potenciais indicadores genéticos utilizados com sucesso em estudos genéticos populacionais de diversas plantas do cerrado (Damazio-Domingues, 2023; Sayd et al., 2022; Costa et al., 2020; Felix et al., 2020; Santos et al., 2019).

A utilização de marcadores SSR é amplamente utilizada devido à sua herança codominante e alto polimorfismo. Possuem aplicação na análise de diversidade genética, determinação de relações genéticas, identificação de variedades, seleção de germoplasma e identificação molecular (Zhang et al., 2021; Wu et al., 2014). Os SSR foram desenvolvidos e empregados pela primeira vez na pesquisa com *C. brasiliense* por Collevatti et al. (1999, 2001). Estes pesquisadores desenvolveram 10 loci microssatélites para a espécie, os quais foram utilizados nesta pesquisa. De acordo com os estudos de Collevatti et al. (1999), a

herança e segregação mendeliana foram confirmadas para todos os 10 loci, além da transferibilidade do loci para cinco outras espécies do mesmo gênero. Segundo a autora, o número de alelos por loci variou de 10 a 22, com valor médio de 16 e heterozigosidade esperada variando de 0,84 a 0,94, valores superiores ao encontrado na presente pesquisa.

Além disso, as informações sobre a diversidade genética fornecem uma extensão das variações genéticas presentes nas populações devido ao ambiente em rápida mudança (Sandeep et al., 2020), e a ampla extensão territorial do Cerrado. Em geral, as espécies com uma ampla distribuição possuem um alto nível de variação genética em comparação com populações endêmicas ou de faixa estreita (Gokul et al., 2020).

Compreender a estrutura genética das populações é crucial para a utilização eficiente dos recursos genéticos. A estrutura genética foi distinguida através da análise Bayesiana, que separou os indivíduos em três grupos e atribuiu o número ($K=3$) de subpopulações conforme observados nas figuras 5 e 6. A análise permitiu inferir que as populações eram do tipo mistura, possivelmente devido à heterozigosidade (Chaudhary et al., 2018).

O estudo com famílias de meio irmãos maternos de *C. brasiliense* forneceu informações valiosas sobre a diversidade genética, estrutura populacional e parentesco entre genótipos da espécie. Os resultados contribuem para a conservação e manejo eficiente dos recursos genéticos, essenciais para a segurança alimentar e o desenvolvimento sustentável na região do Cerrado. Essas observações destacam a importância do estudo na compreensão da diversidade genética de *C. brasiliense*, que possam contribuir com práticas de conservação, melhoramento genético e plantio comercial para garantir a sustentabilidade da espécie no Cerrado brasileiro.

Conclusão

Os marcadores moleculares ISSR e SSR permitiu analisar a diversidade genética entre famílias de meio irmãos maternos de *C. brasiliense*. Existe ampla variação genética entre famílias obtidas pelo padrão de agrupamentos UPGMA e Tocher, que permitiu detectar os genótipos mais divergente e mais similares. As famílias menos divergentes foi o par UFU_pB29:UFU_pC6 (0,273) e o mais divergente o par UFU_pC16:UFU_pD8 (0,899) utilizando marcadores ISSR. Com o uso dos microssatélites as famílias menos divergentes foi

o par UFU_pA17:UFU_pC6 e os mais divergentes os pares UFU_pB6:UFU_pD8, e UFU_pD8:UFU_pE8 (0,99).

Pela análise molecular de variância pode-se observar que a maior diversidade genética está dentro das famílias, indicando um potencial significativo a ser explorado em cada progênie. A estrutura genética das famílias foi delineada em três subpopulações, evidenciando a importância desses estudos moleculares para a conservação e manejo eficiente dos recursos genéticos de *C. brasiliense*.

Agradecimentos Os autores agradem a Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo suporte financeiro e estrutural.

Contribuições dos autores Todos os autores contribuíram igualmente.

Financiamento Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo suporte financeiro concedido a A.P.O.N, projeto número CAG - APQ-01932-17.

Disponibilidade de dados Todos os dados necessários para conduzir este estudo serão fornecidos mediante solicitação ao autor correspondente

Declarações Conflito de interesses Os autores declaram não haver interesses concorrentes.

Consentimento para publicação Os autores leram o manuscrito e manifestaram seu desejo de publicar este estudo.

Referências

- Abirami, K., Swain, S., Baskaran, V., Venkatesan, K., Sakthivel, K., & Bommayasamy, N. (2021). Distinguishing three Dragon fruit (*Hylocereus* spp.) species grown in Andaman and Nicobar Islands of India using morphological, biochemical and molecular traits. *Scientific Reports* 2021 11:1, 11(1), 1–14. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-81682-x>
- Albuquerque, M. A., Silva, E. L., Barros, K. N. N. O., & Junior, S. F. A. X. (2016). Comparação entre coeficientes similaridade uma aplicação em ciências florestais. *Matemática e Estatística Em Foco*, 4(2), 102–114.
- Almeida, A. S., da Silva Macedo, E., da Silva, D. C. G., da Silva, I. J. M., de Farias, E., & de Oliveira Santos, C. R. (2018). Óleo de pequi (*Caryocar brasiliense* Camb) métodos de extração, constituição química e propriedades medicinais. *Diversitas Journal*, 3(3), 557–563. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v3i3.581>
- Alves, A. M., Fernandes, D. C., Sousa, A. G. de O., Naves, R. V., & Naves, M. M. V. (2014). Características físicas e nutricionais de pequis oriundos dos estados de Tocantins, Goiás e Minas Gerais. *Brazilian Journal of Food Technology*, 17(3), 198–203. <https://doi.org/10.1590/1981-6723.6013>
- Amiteye, S. (2021). Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *Heliyon*, 7(10). <https://doi.org/10.1016/J.HELIYON.2021.E08093>
- Bapat, V. A., Jagtap, U. B., Ghag, S. B., & Ganapathi, T. R. (2020). Molecular approaches for the improvement of under-researched tropical fruit trees: jackfruit, guava, and custard apple. *International Journal of Fruit Science*, 20(3), 233–281. <https://doi.org/10.1080/15538362.2019.1621236>
- Barman, M., & Kundu, S. (2019). Molecular markers and a new vista in plant breeding: a review. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8(12), 1921–1929. <https://doi.org/10.20546/IJCMAS.2019.812.230>
- Cardoso, L. D. M., De Lazzari Reis, B., Hamacek, F. R., & Sant’Ana, H. M. P. (2013). Chemical characteristics and bioactive compounds of cooked pequi fruits (*Caryocar brasiliense* Camb.) from the Brazilian Savannah. *Fruits*, 68(1), 3–14. <https://doi.org/10.1051/FRUITS/2012047>

- Chaudhary, V., Kumar, M., Sharma, S., Kumar, N., Kumar, V., Yadav, H. K., Sharma, S., & Sirohi, U. (2018). Assessment of genetic diversity and population structure in gladiolus (*Gladiolus hybridus* Hort.) by ISSR markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 24(3), 493–501. <https://doi.org/10.1007/S12298-018-0519-2/FIGURES/4>
- Collevatti, R. G., Brondani, R. V., & Grattapaglia, D. (1999). Development and characterization of microsatellite markers for genetic analysis of a Brazilian endangered tree species *Caryocar brasiliense*. *Heredity*, 83 (Pt 6), 748–756. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10651920>
- Collevatti, R. G., Grattapaglia, D., & Hay, J. D. (2001). Population genetic structure of the endangered tropical tree species *Caryocar brasiliense*, based on variability at microsatellite loci. *Molecular Ecology*, 10(2), 349–356. <https://doi.org/10.1046/J.1365-294X.2001.01226.X>
- Coronado, A. C. M., Leon, Y. P. T., & Coronado, Y. M. (2017). Caracterización molecular de la pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus* haw.) en la provincia de lengupá, Boyaca-Colombia. *Biotecnología En El Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 15(1), 11–18. [https://doi.org/10.18684/BSAA\(15\)11-18](https://doi.org/10.18684/BSAA(15)11-18)
- Costa, G. F. D., Cabral, P. D. S., Silva, F. G., Neto, R., Mendonça, A., Fidelity, M. A. C. C., Ferreira Da Costa, G., Diego, P., Cabral, S., Silva, G., Andréia, M., & Mendonça, C. (2022). Clonal fidelity and genetic diversity of *Micropropagated Hancornia speciosa* Gomes (Apocynaceae) as evaluated by molecular markers. *Forests* 2022, Vol. 13, Page 1645, 13(10), 1645. <https://doi.org/10.3390/F13101645>
- Costa, J. L., de Jesus, O. N., Fachardo Oliveira, G. A., & de Oliveira, E. J. (2012). Effect of selection on genetic variability in yellow passion fruit. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12(4), 253–260. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000400004>
- Costa, R. B., de Moraes, P. M., Skowronski, L., de Oliveira, C. E., Nogueira, M. L., dos Santos Yui, R. M., Lorenz, A. P., & Fava, W. S. (2020). Genetic diversity and population structure of *Croton urucurana* Baill. (Euphorbiaceae) in Central Brazil by ISSR markers. *Revista Brasileira de Botanica*, 43(4), 831–838. <https://doi.org/10.1007/S40415-020-00657-W/TABLES/2>
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p

- Damazio Domingues, S. (2023). Species diversity of the *Cereus* genus (Cactaceae) in Brazilian biomes evaluated by molecular marker with reproducibility and speed in carrying out experiments. <https://doi.org/10.21203/RS.3.RS-2494009/V1>
- Darkwa, K., Agre, P., Olanmi, B., Iseki, K., Matsumoto, R., Powell, A., ... & Asfaw, A. (2020). Comparative assessment of genetic diversity matrices and clustering methods in white Guinea yam (*Dioscorea rotundata*) based on morphological and molecular markers. Scientific reports, 10(1), 13191. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69925-9>
- Earl, D. A., & VonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation genetics resources, 4, 359-361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular ecology, 14(8), 2611-2620.
- Felix, F. C., Chagas, K. P. T. Das, Ferrari, C. D. S., Vieira, F. D. A., & Pacheco, M. V. (2020). Applications of issr markers in studies of genetic diversity of *Pityrocarpa moniliformis*. Revista Caatinga, 33(4), 1017–1024. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020V33N417RC>
- Falush, D., Stephens, M., & Pritchard, J. K. (2007). Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. Molecular ecology notes, 7(4), 574-578.
- Ganga, R. M. D., Ruggiero, C., Lemos, E. G. de M., Grili, G. V. G., Gonçalves, M. M., Chagas, E. A., & Wickert, E. (2004). Genetic diversity in yellow passion fruit utilizing fAFLP molecular markers. Revista Brasileira de Fruticultura, 26(3), 494–498. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452004000300029>
- Ganopoulos, I. V., Kazantzis, K., Chatzicharisis, I., Karayiannis, I., & Tsaftaris, A. S. (2011). Genetic diversity, structure and fruit trait associations in Greek sweet cherry cultivars using microsatellite based (SSR/ISSR) and morpho-physiological markers. Euphytica, 181(2), 237–251. <https://doi.org/10.1007/S10681-011-0416-Z/FIGURES/4>
- Geórcze, K. C., Barbosa, L. C. A., Fidêncio, P. H., Silvério, F. O., Lima, C. F., Barbosa, M. C. A., & Ismail, F. M. D. (2013). Essential oils from pequi fruits from the Brazilian Cerrado

- ecosystem. Food Research International, 54(1), 1–8.
<https://doi.org/10.1016/J.FOODRES.2013.06.005>
- Gogoi, A., Munda, S., Paw, M., Begum, T., Siddiqui, M. H., Gaafar, A. R. Z., ... & Lal, M. (2023). Molecular genetic divergence analysis amongst high curcumin lines of Golden Crop (*Curcuma longa* L.) using SSR marker and use in trait-specific breeding. Scientific Reports, 13(1), 19690. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-46779-5>
- Gokul, S., Rodrigues, V., Kumar, A., Verma, R. S., Shukla, A. K., & Sundaresan, V. (2020). Population Genetics Coupled Chemical Profiling for Conservation Implications of *Decalepis salicifolia* (Bedd. ex-Hook.f.) Venter, an Endemic and Critically Endangered Species of Western Ghats, India. Biochemical Genetics, 58(3), 452–472.
<https://doi.org/10.1007/S10528-020-09958-X/FIGURES/5>
- Gomes, B. H., Mendes, M. G., Faria, M. V. de, Bonetti, A. M., & Nogueira, A. P. O. (2022). Genetic diversity of *Caryocar brasiliense* Cambess. (Caryocaraceae: Malpighiales) among genotypes producing fruits with and without thorns in the endocarp. Scientia Forestalis, 50. <https://doi.org/10.18671/scifor.v50.08>
- Goswami, M., Attri, K., & Goswami, I. (2022). Applications of molecular markers in fruit crops: a review. International Journal of Economic Plants, 9(2), 121–126.
<https://doi.org/10.23910/2/2022.0459>
- Hosseinzadeh-Colagar, A., Haghighatnia, M. J., Amiri, Z., Mohadjerani, M., & Tafrihi, M. (2016). Microsatellite (SSR) amplification by PCR usually led to polymorphic bands: Evidence which shows replication slippage occurs in extend or nascent DNA strands. Molecular Biology Research Communications, 5(3), 167. /pmc/articles/PMC5219911/
- Houmanat, K., Douaik, A., Charafi, J., Hssaini, L., El Fechtali, M., & Nabloussi, A. (2021). Appropriate statistical methods for analysis of safflower genetic diversity using agglomerative hierarchical cluster analysis through combination of phenotypic traits and molecular markers. Crop Science, 61(6), 4164–4180. <https://doi.org/10.1002/csc2.20598>
- Jakobsson, M., & Rosenberg, N. A. (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. Bioinformatics, 23(14), 1801–1806.
- Kerr, W. E., Silva, F. R. D., & Tchucarramae, B. (2007). Pequi (*Caryocar Brasiliense* Camb.): informações preliminares sobre um pequi sem espinhos no caroço. Revista Brasileira de Fruticultura, 29, 169–171. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100035>

- Kerr, W. E. (2007). Descoberta para a ciência do pequi sem espinhos no caroço. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 29. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452007000100001>
- Kruskal, J. B. (1964). Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis. *Psychometrika*, 29(1), 1–27. <https://doi.org/10.1007/BF02289565/METRICS>
- Kumar, P., Gupta, V., Misra, A., Modi, D., & Pandey, B. (2019). Potential of Molecular Markers in Plant Biotechnology. *Plant Omics*, 2(4), 141–162. <https://search.informit.org/doi/abs/10.3316/INFORMIT.090706285698938>
- Kumar, S., Kumar, M., Mir, R. R., Kumar, R., & Kumar, S. (2021). Advances in molecular markers and their use in genetic improvement of wheat. *Physiological, molecular, and genetic perspectives of wheat improvement*, 139-174. https://doi.org/10.1007/978-3-030-59577-7_8
- Lalrinmawii, Mir, H., & Perveen, N. (2023). Recent advances in the use of molecular markers for fruit crop improvement. *Molecular Marker Techniques*, 339–355. https://doi.org/10.1007/978-981-99-1612-2_16
- Leão, D. P., Botelho, B. G., Oliveira, L. S., & Franca, A. S. (2018). Potential of pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) peels as sources of highly esterified pectins obtained by microwave assisted extraction. *LWT*, 87, 575–580. <https://doi.org/10.1016/J.LWT.2017.09.037>
- Li, B., Muhammad, N., Zhang, S., Lan, Y., Yang, Y., Han, S., Liu, M., & Yang, M. (2023). Multiple-Genome-Based Simple Sequence Repeat is an efficient and successful method in genotyping and classifying different jujube germplasm resources. *Plants*, 12(15). <https://doi.org/10.3390/PLANTS12152885/S1>
- Macedo, A. L., Santos, R. S., Pantoja, L., & Santos, A. S. (2011). Pequi cake composition, hydrolysis and fermentation to bioethanol. *Brazilian Journal of Chemical Engineering*, 28(1), 9–15. <https://doi.org/10.1590/S0104-66322011000100002>
- Maia, J. G. S., Andrade, E. H. A., & da Silva, M. H. L. (2008). Aroma volatiles of pequi fruit (*Caryocar brasiliense* Camb.). *Journal of Food Composition and Analysis*, 21(7), 574–576. <https://doi.org/10.1016/J.JFCA.2008.05.006>
- Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer research*, 27(2_Part_1), 209-220.

- Mateescu, R. G., Zhang, Z., Tsai, K., Phavaphutanon, J., Burton-Wurster, N. I., Lust, G., Quaas, R., Murphy, K., Acland, G. M., & Todhunter, R. J. (2005). Analysis of allele fidelity, polymorphic information content, and density of microsatellites in a genome-wide screening for hip dysplasia in a crossbreed pedigree. *The Journal of Heredity*, 96(7), 847–853. <https://doi.org/10.1093/JHERED/ESI109>
- Morillo, A. C., Mora, M. S., & Morillo, Y. (2022). Analysis of the genetic diversity of Dragon fruit based on ISSR markers in Colombia. *Brazilian Journal of Biology*, 82, e256451. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.256451>
- Moura, N. F., Chaves, L. J., & Naves, R. V. (2013). Caracterização física de frutos de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb) do cerrado. *Revista Árvore*, 37(5), 905–912. <https://doi.org/10.1590/S0100-67622013000500013>
- Oliveira, E. J., Pádua, J. G., Zucchi, M. I., Vencovsky, R., & Vieira, M. L. C. (2006). Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology*, 29(2), 294–307. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000200018>
- Ott, J. (1992). Strategies for characterizing highly polymorphic markers in human gene mapping. *American Journal of Human Genetics*, 51(2), 283. [/pmc/articles/PMC1682689/?report=abstract](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1682689/)
- Palmeira, S. M., Silva, P. R. P., Ferrão, J. S. P., Ladd, A. A. B. L., Dagli, M. L. Z., Grisolia, C. K., & Hernandez-Blazquez, F. J. (2016). Chemopreventive effects of pequi oil (*Caryocar brasiliense* Camb.) on preneoplastic lesions in a mouse model of hepatocarcinogenesis. *European Journal of Cancer Prevention: The Official Journal of the European Cancer Prevention Organisation (ECP)*, 25(4), 299–305. <https://doi.org/10.1097/CEJ.0000000000000187>
- Peyre, G. (2021). Terrestrial Biodiversity Hotspots: Challenges and Opportunities. 1–20. https://doi.org/10.1007/978-3-319-71065-5_150-1
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959.
- Raji, R., & Siril, E. A. (2021). Genetic diversity analysis of promising Ceylon olive (*Elaeocarpus serratus* L.) genotypes using morphological traits and ISSR markers. *Current Plant Biology*, 26, 100201. <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2021.100201>

- Reddy, M. P., Sarla, N., & Siddiq, E. A. (2002). Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*, 128(1), 9–17. <https://doi.org/10.1023/A:1020691618797>
- Sandeep, C., Kumar, A., Rodrigues, V., Viswanath, S., Shukla, A. K., & Sundaresan, V. (2020). Morpho-genetic divergence and population structure in Indian *Santalum album* L. *Trees - Structure and Function*, 34(5), 1113–1129. <https://doi.org/10.1007/S00468-020-01963-2/FIGURES/4>
- Santos, J. O., Mayo, S. J., Bittencourt, C. B., & de Andrade, I. M. (2019). Genetic diversity in wild populations of the restinga ecotype of the cashew (*Anacardium occidentale*) in coastal Piauí, Brazil. *Plant Systematics and Evolution*, 305(10), 913–924. <https://doi.org/10.1007/S00606-019-01611-4/FIGURES/4>
- Sarmiento, L., Pérez-Almeida, I., Díaz, B., Álvarez, H., & Viera, W. (2017). Molecular marker-based characterization of ecuadorian dry forest tamarind plus trees. *Bioagro*, 29(3), 153–162. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-33612017000300001&lng=es&nrm=iso&tlng=en
- Sayd, R. M., Amabile, R. F., Faleiro, F. G., Brige, F. A. A., & Melo, J. V. P. (2022). Molecular and agronomic genetic diversity between barley genotypes under irrigation in the Brazilian Cerrado. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 57, e02731. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.PAB2022.V57.02731>
- Silva Meyer, A., Garcia, A. A. F., Pereira de Souza, A., & Lopes de Souza, C. (2004). Comparison of similarity coefficients used for cluster analysis with dominant markers in maize (*Zea mays* L). *Genetics and Molecular Biology*, 27(1), 83–91. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572004000100014>
- Sokal, R. R., & Rohlf, F. J. (1962). The Comparison of Dendrograms by Objective Methods. *Taxon*, 11(2), 33–40. <https://doi.org/10.2307/1217208>
- Tian-Ming, H., Xue-Sen, C., Zheng, X., Jiang-Sheng, G., Pei-Jun, L., Wen, L., Qing, L., & Yan, W. (2007). Using SSR markers to determine the population genetic structure of wild apricot (*Prunus armeniaca* L.) in the Ily Valley of West China. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54(3), 563–572. <https://doi.org/10.1007/S10722-006-0013-5/METRICS>
- Viana, A. P., Pereira, T. N. S., Pereira, M. G., Souza, M. M. de, Maldonado, J. F. M., & Amaral-Júnior, A. T. do. (2003). Genetic diversity among yellow passion fruit

- commercial genotypes and among passiflora species using rapd. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 25(3), 489–493. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452003000300032>
- Warburton, M. L., Xianchun, X., Crossa, J., Franco, J., Melchinger, A. E., Frisch, M., & Hoisington, D. (2002). Genetic characterization of CIMMYT inbred maize lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Science*, 42(6), 1832-1840.
- Wu, J., Cai, C., Cheng, F., Cui, H., & Zhou, H. (2014). Characterisation and development of EST-SSR markers in tree peony using transcriptome sequences. *Molecular Breeding*, 34(4), 1853–1866. <https://doi.org/10.1007/S11032-014-0144-X/FIGURES/2>
- Younis, A., Ramzan, F., Ramzan, Y., Zulfiqar, F., Ahsan, M., & Lim, K. B. (2020). Molecular markers improve abiotic stress tolerance in crops: a review. *Plants*, 9(10), 1374. <https://doi.org/10.3390/plants9101374>
- Zhang, C., Wu, Z., Jiang, X., Li, W., Lu, Y., & Wang, K. (2021). De novo transcriptomic analysis and identification of EST-SSR markers in *Stephanandra incisa*. *Scientific Reports* 2021 11:1, 11(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-80329-7>

Considerações finais

O pequi (*Caryocar brasiliense*) é uma espécie frutífera e nativa do Cerrado com diversas aplicações. No primeiro capítulo foi apresentada uma revisão bibliométrica, pela qual foi possível verificar a existência de lacunas no desenvolvimento científico da espécie a serem exploradas, principalmente relacionadas ao melhoramento genético e à caracterização da diversidade genética por meio do uso de marcadores moleculares. Essas lacunas merecem destaque e incentivo para novas pesquisas, pois podem fornecer contribuições importantes para programas de conservação e melhoramento da espécie.

O melhoramento genético pode contribuir para o desenvolvimento de variedades com características desejáveis, como maior produtividade, resistência a doenças e melhor qualidade dos frutos. Além disso, a caracterização da diversidade genética utilizando marcadores moleculares pode facilitar a identificação de germoplasma e a seleção de genótipos para programas de melhoramento. A pesquisa contínua nessas áreas, juntamente com a colaboração entre cientistas, agricultores e formuladores de políticas públicas, é essencial para promover a conservação, o uso sustentável e o desenvolvimento econômico do pequi como recurso natural importante no contexto socioeconômico e ambiental brasileiro.

No capítulo 2, foi explorada a variabilidade genética a partir de caracteres mensurados em frutos e pirênios. Verificou-se a existência de agrupamentos e variabilidade entre os genótipos de *C. brasiliense*, indicando potenciais genótipos para programas de melhoramento genético e conservação. Os padrões de agrupamento têm implicações práticas significativas, pois podem ser usados para identificar grupos de indivíduos com características genéticas semelhantes.

Os resultados obtidos por diferentes métodos de análise como Tocher, UPGMA e componentes principais, foram consistentes na identificação da diversidade genética entre os genótipos. Ao agrupar os genótipos de pequizeiros com base em sua variabilidade fenotípica, foi possível selecionar genitores que apresentaram características desejáveis para a produção

e qualidade dos frutos. A alta correlação entre alguns caracteres identificados no estudo pode ser aproveitada para reduzir o número de caracteres a serem mensurados, tornando o processo de seleção mais eficiente e orientado para as características mais relevantes.

No capítulo 3, a abordagem por modelos mistos, utilizando a metodologia REML/BLUP, demonstrou ser uma ferramenta eficaz na estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos em famílias de meio irmãos maternos de pequizeiros, possibilitando a predição dos valores genéticos e a maximização da acurácia seletiva. A observação da variação entre as melhores progênies ao longo de 24 meses ressalta a importância contínua da estimação dos parâmetros genéticos nestas famílias e em outras a serem desenvolvidas.

No capítulo 4, a avaliação da divergência genética, fenotípica e as correlações entre os caracteres para fins de seleção entre as famílias de meio irmãos maternos em estágio juvenil demonstraram que os agrupamentos gerados pelos métodos multivariados permitiram o agrupamento das famílias em grupos distintos, evidenciando a diversidade genética presente na população estudada. Os resultados obtidos podem fornecer subsídios para programas de melhoramento genético da espécie, permitindo a seleção de genótipos com características desejáveis para cultivo comercial. Ademais, as correlações identificadas entre os caracteres fenotípicos contribuem para a otimização dos processos de seleção, visando o desenvolvimento de variedades mais produtivas e adaptadas às condições de cultivo.

No capítulo 5, a utilização de marcadores moleculares ISSR e SSR, permitiu uma avaliação precisa da diversidade genética nas famílias de meio irmãos maternos, destacando a utilidade dessas ferramentas na identificação de famílias divergentes e similares. Essas informações são fundamentais para programas de melhoramento genético e conservação do pequizeiro, possibilitando a seleção de genótipos com características desejáveis. A constatação de divergência genética e fenotípica dentro das famílias, especialmente durante o estágio juvenil, revela a existência de uma ampla variabilidade genética.

Ao entender melhor a estrutura genética das populações de pequizeiros, os programas de melhoramento podem ser direcionados de forma mais precisa, visando à seleção de genitores que possuam características desejáveis para a produção de frutos de alta qualidade, resistência a estresses ambientais e outras características agronomicamente importantes.

A integração de dados genotípicos e fenotípicos pode fornecer uma compreensão mais acurada dos mecanismos genéticos relacionados com as características de interesse. Essas

descobertas podem orientar estratégias de conservação, melhoramento genético e o desenvolvimento de variedades mais adaptadas e produtivas. Por meio dessa pesquisa fica evidenciado a importância da espécie tanto em termos de sua ecologia, usos populares e comerciais, quanto em relação à sua variabilidade genética, evidenciando oportunidades significativas para a conservação, manejo eficiente e melhoramento genético.

Diante dos resultados observados é possível que esses estudos possam ser expandidos para incluir análises mais abrangentes da variabilidade genética em diferentes estágios de desenvolvimento da planta e em diferentes condições ambientais. Pode-se esperar que novas pesquisas sejam direcionadas para o melhoramento genético do pequizeiro, oferecendo oportunidades para o desenvolvimento de variedades mais produtivas, adaptadas, e que possam contribuir para a sustentabilidade e preservação da espécie.