

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA TROPICAL

JUAN DANIEL VILLACIS FAJARDO

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE PROGÊNIES DE
GUARANAZEIRO.



MANAUS

2016

JUAN DANIEL VILLACIS FAJARDO

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE PROGÊNIES DE
GUARANAZEIRO.

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia Tropical da Universidade Federal do Amazonas, como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia Tropical, área de concentração em Produção Vegetal.

ORIENTADOR: Prof. Dr. André Luiz Atroch

MANAUS

2016

F175c Fajardo, Juan Daniel Villacis
Características Morfoagronômicas de 36 Progenies de
Guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart) Ducke)
Cultivadas em Condições da Amazônia Central. / Juan Daniel
Villacis Fajardo. 2016
55 f.: il.; 31 cm.

Orientador: André Luiz Atroch
Tese (Doutorado em Agronomia Tropical) - Universidade Federal
do Amazonas.

1. Melhoramento genético. 2. Divergência genética. 3.
Similaridade genética. 4. Correlação genética. I. Atroch, André Luiz
II. Universidade Federal do Amazonas III. Título

JUAN DANIEL VILLACIS FAJARDO

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE PROGÊNIES DE
GUARANAZEIRO.

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia Tropical da Universidade Federal do Amazonas, como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia Tropical, área de concentração em Produção Vegetal.

Aprovado em 26 de Fevereiro de 2016.

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. André Luiz Atroch
(Embrapa Amazônia Ocidental / PGATR)



Dr. Firmino José do Nascimento Filho
(Embrapa Amazônia Ocidental)



Dr. Inocêncio Júnior de Oliveira
(Embrapa Amazônia Ocidental)



Prof. Dr. Fábio Medeiros Ferreira
(Universidade Federal do Amazonas UFAM)



Prof. Dr. Silfran Rogério Marialva Alves
(Universidade Federal do Amazonas UFAM)

DEDICATORIA

À minha amada esposa
Claudia, com todo amor e
admiração e a meus filhos
Thiago & Joana pela
compreensão, e carinho.

À minha mãe Elina, com todo
amor e exemplo de vida. *In
memóriam do meu pai César,*
que teria orgulho de ter assistido
a cada momento especial da
minha vida.

AGRADECIMENTO

A Deus

Minha gratidão ao Dr. André Luiz Atroch, por ter me orientado nessa importante etapa profissional, pela paciência e inestimável ajuda mostrada a meu trabalho.

A Coordenação e aos professores da Universidade Federal do Amazonas (UFAM), do curso de Pós Graduação em Agronomia Tropical, produção vegetal.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), pelo apoio logístico no Campo Experimental EMBRAPA Maués/AM, pelo acesso ao experimento de avaliação de progênies de guaraná para a coleta de dados.

Aos funcionários da Estação Experimental EMBRAPA Maués-AM, em nome do funcionário José de Ribamar Cavalcante Ribeiro pelo grande apoio.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida, que disponibilizou e viabilizou a condução e conclusão desta pesquisa.

Aos queridos amigos, Graciete, Alexis pela república, Daniel López, Milagros e Rodrigo, pela amizade e que nesses quatro anos, nos ajudaram a matar a saudade da terrinha

RESUMO

O guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke) é uma planta nativa valorizada pelos povos Amazônicos, especialmente pela tribo Sateré-Maué no norte da região Amazônica, na fronteira com o estado do Pará. As pesquisas mostram que o guaraná tem propriedades estimulantes e terapêuticas o que o tornam um importante insumo para as indústrias químicas de refrigerantes, farmacêuticas, e cosméticos. O objetivo do estudo foi avaliar valores genéticos, estimar componentes de variância para caracteres morfoagronômicos, e da produção de progênies de guaranazeiro. No experimento conduzido na cidade de Maués-Am/EMBRAPA, foram avaliadas 36 progênies de meios irmãos de guaranazeiro em delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições e seis plantas por parcela para os caracteres agrônômicos e produção de frutos ($\text{g.planta}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) dispostas em duas fileiras de três plantas, no espaçamento de 5 m x 5 m. A análise do caráter quantitativo Produção ($\text{g.planta}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) foi baseado na média da produção ao longo de seis anos. A média da produção do melhor indivíduo foi de 28.355 $\text{g.planta}^{-1}.\text{ano}^{-1}$, que é dez vezes maior do que a produtividade média estadual. As progênies apresentam diversidade genética suficiente para a seleção de progênies e de indivíduos superiores que com cruzamentos controlados ou intercruzamentos poderiam gerar uma população base com alta produtividade e diversidade genética suficiente aumentando a probabilidade de recuperação de genótipos superiores.

Palavras-chave: melhoramento genético, divergência genética, similaridade genética.

ABSTRACT

The guaraná (*Paullinia cupana* var. *Sorbilis* (Mart.) Ducke) is a native plant valued by Amazonian peoples, especially by Sateré-Maue tribe in northern Amazon region on the border with the state of Pará. Research shows that guaraná has stimulating and therapeutic properties that make it an important input for chemical refrigerants, pharmaceutical, and cosmetics. The aim of the study was to evaluate genetic, estimate variance components for morphological characteristics, and production of guaraná progenies. In the experiment conducted in the city of Maués-Am / EMBRAPA were evaluated 36 progenies brothers guaraná means in experimental design of randomized blocks with two replications and six plants per plot for agronomic characters and fruit yield ($\text{g}\cdot\text{plant}^{-1}\cdot\text{year}^{-1}$) arranged in two rows of three plants, spaced 5 m x 5 m. The analysis of quantitative character production ($\text{g}\cdot\text{plant}^{-1}\cdot\text{year}^{-1}$) was based on the average production over six years. The average of the best individual production was $28,355 \text{ g}\cdot\text{plant}^{-1}\cdot\text{year}^{-1}$, which is ten times higher than the state average productivity. Progenies have enough genetic diversity for selection of progeny and senior individuals with controlled crossings or intercross could generate a base population with high productivity and sufficient genetic diversity increases the likelihood of recovery of superior genotypes.

Keywords: breeding, genetic divergence, genetic similarity.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Imagem em satélite, da calha principal do rio Amazonas, demonstrando a localização do município de Maués-Am visitado para coleta de dados, na Amazônia Central 25
- Figura 2 - Dendrograma entre 36 progênies de guaranazeiro utilizando a distância genética euclidiana e o método de agrupamento-UPGMA para a variável produção 39

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Descrição dos caracteres morfoagronômicos de Guaraná (<i>Paullinia cupana</i> var. <i>sorbilis</i> (Mart.) Ducke)	26
Tabela 2- Parâmetros genéticos e componentes de variância para a variável produção obtidos em 36 progênies de guaranazeiro	32
Tabela 3- Quadro resumo da análise de variância para a variável produção	33
Tabela 4- Seleção dos 20 melhores indivíduos dentro das 36 progênies de guaranazeiro quanto a produção ($\text{g.planta}^{-1}.\text{ano}^{-1}$)	34
Tabela 5- Similaridade genética entre pares de progênies considerando 19 variáveis qualitativas multicategóricas	36

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	12
2.	OBJETIVO	14
2.1	Objetivos específicos	14
3.	REVISÃO DE LITERATURA	15
3.1	Botânica	15
3.2	Uso Tradicional	18
3.3	Valor Econômico da Espécie	19
3.4	Divergência Genética	20
4.	MATERIAL E MÉTODOS	26
4.1	Área de estudo	26
4.2	Caracteres Avaliados	27
4.3	Análises genético-estatísticas	29
4.3.1	Análises de Variância	29
4.3.2	Análise dos parâmetros genéticos e componentes de variância	30
4.3.3	Análise da distância genética	30
4.3.4	Análise do agrupamento para a variável produção	31
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
6.	CONCLUSÕES	41
7.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	42

1. INTRODUÇÃO

O guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbibilis* (Mart.) Ducke) é uma planta nativa valorizada pelos povos Amazônicos, especialmente pela tribo Sateré-Maué no norte da região Amazônica entre os Rios Madeira e Tapajós, na fronteira dos estados do Amazonas e Pará (PEREIRA, 1954). As pesquisas mostram que o guaraná tem propriedades estimulantes e terapêuticas o que o tornam um importante insumo para as indústrias de refrigerantes, farmacêuticas, químicas e de cosméticos (EMBRAPA, 2011).

No Amazonas, os maiores produtores de guaraná no ano 2014, foram os municípios de Maués, e Presidente Figueiredo, com áreas plantadas/colhidas de 2610 e 419 hectares respectivamente. A produção estadual foi de 855 toneladas com uma produtividade de 206 kg/ha de semente seca, considerada baixa em relação ao Estado da Bahia, o maior produtor brasileiro, com produtividade de 408 kg/ha (IBGE, 2014).

No guaranazeiro o ciclo de melhoramento compreende as fases de seleção de matrizes, testes de progênies, experimentos de competição de clones e posterior lançamento de materiais para plantio em escala comercial. Devido ao longo ciclo da cultura, da fase inicial até o lançamento dos materiais genéticos pode-se levar de 20 a 30 anos. Desse modo, é de grande importância o conhecimento da variabilidade genética de caracteres de interesse para o melhorista, para a escolha dos métodos mais adequados na seleção de plantas tanto na fase jovem quanto na fase adulta (ATROCH, 2009).

A caracterização por descritores morfoagronômicos em guaranazeiro foi realizada inicialmente em cultivares clonais com a finalidade de conhecer a diversidade genética existente dentro desse grupo de materiais que já estão disponíveis para plantio em áreas comerciais identificando os mais divergentes para futuros programas de cruzamentos controlados (OZORIO, 2013). Em progênies de guaranazeiro os descritores estão sendo utilizados nesse trabalho pela primeira vez, com o mesmo objetivo.

Nesse aspecto o uso da caracterização morfoagronômica deve considerar descritores botânicos de alta herdabilidade, fácil mensuração e pouca interação genótipo x ambiente (VALLS, 1988). Para avaliação da divergência genética entre acessos de germoplasma diversas técnicas multivariadas podem ser utilizadas, porém a maioria dessas metodologias é indicada para variáveis quantitativas ou para caracteres binários. Entretanto, a caracterização de germoplasma de guaranazeiro utiliza caracteres multicategóricos, ou seja, descritores qualitativos que apresentam várias classes, como exemplo, a cor da casca dos frutos e a cor das folhas jovens.

2. OBJETIVOS

Geral :

Investigar a diversidade genética entre 36 progênies de meios irmãos de guaranazeiro

Específico:

- Caracterizar morfoagronômicamente 36 progênies de meios irmãos de guaranazeiro.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Botânica

O guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke) é uma dicotiledônea, pertencente à família Sapindaceae, composta por cerca de 130 gêneros reconhecidos (TRÓPICOS, 2008), número que tem sofrido revisões recentes. Embora exista divergência quanto à circunscrição desta família botânica, são reconhecidas pelo menos três subfamílias, ficando o guaranazeiro incluído na subfamília Sapindoideae (TRÓPICOS, 2008). Dentro dessa subfamília, HARRINGTON et al. (2005) recomendam a manutenção do gênero *Paullinia* na tribo Paullinieae, originalmente definida por RADLKOFER, em 1933.

A classificação botânica segundo o sistema de Classificação de (RADLKOFER, 1931).

Divisão : Magnoliophyta
Classe : Magnoliopsida
Ordem : Sapindales
Família : Sapindaceae
Gênero : *Paullinia*
Espécie : *Paullinia cupana*

O gênero *Paullinia* está distribuído pela América tropical e subtropical, com uma única espécie, *P. pinnata*, na África tropical. RADLKOFER (1931) reconheceu 147 espécies no gênero *Paullinia*, distribuídas em 13 seções. A

espécie *Paullinia cupana* foi classificada na seção *Pleurotoechus*, que possuía 28 espécies, com distribuição desde o México até o Estado do Rio de Janeiro, no Brasil, ocorrendo na Amazônia brasileira nove espécies. Atualmente, são aceitas 195 espécies no gênero *Paullinia* (RADLKOFER, 1934) e pelo menos quatro das divisões de Radlkofer, incluindo *Pleurotoechus*, ainda constam no material disponível no *site* do International Plant Names Index (IPNI, 2008).

Em 1810, Humboldt e Bonpland foram os primeiros naturalistas europeus a observar o guaraná, quando viajavam pelo sul da Venezuela. Este material foi descrito e classificado por Kunth como *Paullinia cupana* e tem procedência conhecida apenas da área ao sul das cachoeiras Atures e Maipures, no rio Orenoco, e na região do alto rio Negro e seus afluentes, região das fronteiras entre Brasil, Venezuela e Colômbia. Vinte anos mais tarde, Martius, viajando pelo rio Amazonas, coletou um material botânico que classificou como *Paullinia sorbilis*. Esse guaranazeiro já era cultivado e subespontâneo na região de Maués e raramente em Parintins, além de ser cultivado nas proximidades da cidade de Manaus (DUCKE, 1937). Face à semelhança entre as duas plantas, *sorbilis* e *cupana* foram considerados sinônimos, em 1897, época da publicação da “Flora Brasiliensis de Martius”, e *cupana* foi mantido por anterioridade (DUCKE, 1937; FLORABRASILIENSIS, 2008). DUCKE (1937) percebeu que existiam diferenças morfológicas suficientes para distinguir as plantas das populações encontradas por Humboldt e Bonpland e por Martius e complementou a descrição feita por Martius do guaranazeiro de Maués, tratando-o como uma variedade, denominada *Paullinia cupana* Kunth var. *sorbilis* (Mart.) Ducke (IPNI, 2008).

Para distinguir o guaraná observado por Humboldt e Bonpland e descrito por Kunth, Ducke criou a forma *typica* (o tipo da espécie). Pelas regras atuais da nomenclatura taxonômica, esse tipo de distinção é desnecessário, sendo a denominação *Paullinia cupana* a mais apropriada. A denominação *P. cupana* var. *cupana* ainda é encontrada na literatura em substituição de *P. cupana* forma *typica*, mas deveria ser desconsiderada.

Segundo DUCKE (1937), a *Paullinia cupana* observada por Humboldt e Bonpland apresenta folíolos fortemente serrado-lobados nas plantas jovens e é desprovida de gavinhas em qualquer idade. As flores e os frutos são maiores que os da variedade *sorbilis*, e os frutos são acentuadamente obovado-piriformes, de cor vermelha bastante escura e com pouco brilho. As plantas da variedade *sorbilis* possuem folíolos menos profundamente lobados quando jovens e são providas de gavinhas quando adultas. As flores da variedade *sorbilis* são ligeiramente menores, os frutos também têm metade ou um terço do volume e cor vermelho-vivo e bastante brilhantes. A inflorescência é um cacho, com tamanho variável, chegando a ultrapassar 25 cm, e ocorre, geralmente, na axila das folhas ou na base de uma gavinha. As flores são dispostas no eixo principal da inflorescência, organizadas em fascículos de três a sete, e são funcionalmente unissexuais. As femininas apresentam estames rudimentares, com anteras indeiscentes e são tricarpelares, com estigmas trifidos. As flores masculinas possuem ovários atrofiados, com óvulos, estilete e estigmas pouco desenvolvidos. Há oito estames, com filetes de três tamanhos distintos e dotados de pêlos longos, sendo as anteras glabras. Os grãos de pólen têm formato triangular. O cálice é composto de cinco sépalas, das quais

duas são menores e externas, enquanto as outras três são mais estreitas e semelhantes às pétalas (SOUZA et al., 1996).

O fruto é uma cápsula deiscente e, quando maduro, tem coloração que vai desde amarelo, amarelo-alaranjada, passando por vermelho-amarelada até vermelho-vivo e brilhante. Quando abre, deixa aparecer a semente castanho-escura envolta parcialmente por um arilo branco (SOUZA et al., 1996). A maioria das sementes tem forma arredondada, mas essa característica pode variar conforme sejam oriundas de cápsulas obovadas ou oblatas, com uma, duas, três ou mais sementes (CORRÊA, 1989). Frutos com um, dois ou três óvulos fecundados são comuns.

3.2 *Uso tradicional*

O guaraná de Maués é muito valorizado no mercado nacional e principalmente no mercado europeu, pois é considerado com maior teor de cafeína do que o guaraná produzido em outras regiões, mesmo dentro do Amazonas. Em parte esse diferencial é devido à atuação das tribos dos Sateré-Maué, que, além de poder usar a marca Amazônia, podem beneficiar-se dos mercados de produtos indígenas e socialmente justos.

O município de Maués foi o maior produtor de guaraná do Brasil ao longo da maior parte do século XX. Entretanto, problemas fitossanitários e o envelhecimento dos guaranazeiros fizeram com que a produção diminuísse, ano após ano, até perder o posto para a Bahia, no final da década de 80. Hoje, a produção de guaraná no Amazonas mostra sinais de recuperação como resultado da disponibilidade de materiais genéticos melhorados pela Embrapa,

que estão sendo adotados pelos produtores de guaraná das principais regiões produtoras do Amazonas, principalmente Maués e Presidente Figueiredo. A procura de outros diferenciais também está estimulando o mercado, e uma grande empresa nacional pretende lançar um novo refrigerante de guaraná no mercado mundial (ATROCH, 2005).

3.3 Valor Econômico da Espécie

O Brasil possui 11.767 ha de área plantada com guaraná e área colhida de 10.691 ha, com uma produção de 3.465 toneladas de semente seca e uma produtividade média de 311 kg/ha, em 2015. A Bahia é o maior produtor de guaraná no Brasil (46,9% da produção nacional), seguido por: Amazonas (38,6%), Mato Grosso (9,7%), Acre (2%), Rondônia (1,6%) e Pará (1,2%) (IBGE,2015).

Atualmente, a maior parte da produção de guaraná do país é consumida no mercado interno, porém a quantidade exportada, principalmente em forma de extrato concentrado seco e em forma de pó, está aumentando anualmente. Estima-se que, da oferta nacional de sementes de guaraná, cerca de 70 % seja absorvida pelos fabricantes de refrigerantes, enquanto os 30% restantes são comercializados em forma de xarope, bastão, pó e extrato para o consumo interno e para exportação (ATROCH, 2001, 2002).

As oscilações dos preços pagos ao produtor, aliadas às dificuldades na colheita e no armazenamento do produto, são os principais entraves ao processo de comercialização do guaraná (ATROCH, 2001, 2002). Porém, de

um modo geral, não existem problemas na comercialização dos produtos do guaraná, especialmente os refrigerantes.

3.4 Divergência Genética

O sucesso de um programa de melhoramento depende da variabilidade da população a ser trabalhada. Melhoristas têm recomendado, para a formação de população-base, o inter cruzamento entre cultivares superiores e divergentes. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras, resultando informações múltiplas de cada cultivar expressas em medidas de dissimilaridade, representando a diversidade existente no conjunto de acessos estudados (CRUZ; CARNEIRO, 2003). As medidas de dissimilaridade são de grande importância em estudos de diversidade genética a qual tem sido avaliada com objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose, de tal forma que, em suas gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores, podendo resultar em híbridos superiores (CRUZ; REGAZZI, 1994).

No gênero *Paullinia*, a existência de diversidade genética entre espécies e entre procedências dentro de espécies e a manifestação de heterose em algumas características têm incentivado a realização de programas de melhoramento (RESENDE et al, 2000). A viabilidade do aproveitamento comercial, verificada em vários cruzamentos, bem como da perpetuação e multiplicação de combinações híbridas superiores, por intermédio da propagação clonal, possibilitou a adoção da hibridação como ferramenta importante na produção de florestas de qualidade superior (ASSIS et al., 1993).

Segundo CRUZ et al. (1994), a predição do comportamento dos híbridos, fundamentada na diversidade de seus genitores, pode envolver, entre outros, o tipo e o número de características usadas na estimação da diversidade genética, sendo que a avaliação da divergência genética, com base em evidências científicas, também é de grande importância no contexto da evolução das espécies, uma vez que provê informações sobre recursos disponíveis e auxilia na localização e no intercâmbio dos mesmos (CRUZ; REGAZZI, 1994).

A divergência pode ser avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, como por exemplo, as análises dialélicas, que avaliam tanto a capacidade específica quanto a heterose manifestada nos híbridos, ou por processos preditivos (CRUZ; REGAZZI, 1994), muito utilizados, sobretudo pelo fato de que, ao se basearem em diferenças morfológicas e fisiológicas, dispensam a obtenção das combinações híbridas entre eles, o que é vantajoso, especialmente quando o número de genitores cuja diversidade se deseja conhecer é elevado (CARVALHO et al., 2003).

Por se tratar de uma análise que permite integrar as múltiplas informações, de um conjunto de caracteres, extraídas das unidades experimentais, a estatística multivariada tem sido amplamente usada para quantificar a divergência genética, oferecendo maior oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento (FONSECA et al., 2006), de modo que as inferências sejam fundamentadas em um complexo de variáveis (FERRÃO et al., 2002). O estudo da diversidade genética além dos

objetivos já mencionados possibilita o conhecimento da base genética da população (FERRÃO et al., 2002; ARRIEL et al., 2004) na condução dos programas de melhoramento.

A quantificação da dissimilaridade genética é um dos mais importantes parâmetros estimados pelos melhoristas de plantas (BENIN et al., 2003), pois quanto mais divergentes forem os genitores, maior a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI et al., 2005). No estudo da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados. As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem e informar sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. No entanto, o número de estimativas é grande, $n(n-1)/2$, em que n é o número de acessos considerados no estudo, tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos. Para realizar esta tarefa, faz-se uso de métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, em que cada coordenada é obtida a partir da medida de dissimilaridade escolhida (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (CRUZ, 1990; LÚCIO et al., 2006).

O melhoramento de plantas é a mais valiosa estratégia para o aumento da produtividade de forma sustentável e ecologicamente equilibrada (BORÉM, 1998). Nos programas de melhoramento, a busca por genótipos superiores tem sido o principal objetivo. Estes genótipos são obtidos por técnicas que

permitem ao melhorista selecionar por meio do fenótipo as melhores constituições genóticas que podem resultar na obtenção de uma nova cultivar (CARVALHO et al., 2001). Sendo assim, a existência de variabilidade na população de trabalho é que vai garantir o sucesso de um programa de melhoramento, por meio do intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes para a formação de população-base. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agronômicas, morfológicas, moleculares, entre outras (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Uma população originada do cruzamento entre indivíduos superiores e geneticamente dissimilares terá grande probabilidade de originar populações com ampla variabilidade genética e com maior possibilidade de seleção de transgressivos para o caráter de interesse (BERTAN et al., 2006).

As informações múltiplas de cada cultivar são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade existente no conjunto de acessos estudados (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Entre as medidas de dissimilaridade que podem evidenciar a intensidade de variabilidade genética, as mais utilizadas são a distância Euclidiana e a distância de Mahalanobis (MARCHIORO et al., 2003). A distância generalizada de Mahalanobis é a mais utilizada, no entanto, só é possível de ser estimada quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais obtida a partir de ensaios experimentais com repetições (CRUZ et al., 2004; LORENCETTI et al., 2006). As estimativas de dissimilaridade atendem os objetivos do melhorista, por quantificarem e informar sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. Entretanto, o número de estimativas obtidas é

relativamente grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual daquelas estimativas. Assim, para realizar esta tarefa faz-se uso de métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, em que cada coordenada é obtida a partir da medida de dissimilaridade escolhida (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos de agrupamento são utilizados para reunir acessos, por meio de algum critério, que apresentam similaridade no padrão de comportamento em relação a um conjunto de caracteres (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Dentre os métodos de agrupamento, os mais utilizados são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Nos métodos de otimização os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento de forma que os grupos formados sejam mutuamente exclusivos. Um dos métodos de otimização mais comumente utilizados no melhoramento é o proposto por Tocher, citado por RAO (1952), onde se adota o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias entre quaisquer grupos (CRUZ et al., 2004; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Já nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Neste caso, não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na árvore e nas ramificações que são obtidas. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (CRUZ et al., 2004; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Dentre os

métodos hierárquicos, o método de UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) tem sido utilizado com maior frequência por ser um método não ponderado de agrupamento aos pares, utilizando as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade do grupo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Área de estudo

O experimento de avaliação das progênes de guaraná foi implantado em março de 2003 no município de Maués localizado a 312 Km da cidade de Manaus. A Estação Experimental da EMBRAPA em Maués se situa a 85 km a Sul-Leste de Itacoatiara. Situado a 20 metros de altitude, as coordenadas geográficas Latitude: 3° 22' 54" Sul, Longitude: 57° 42' 55" Oeste, compreendendo a área territorial do município.

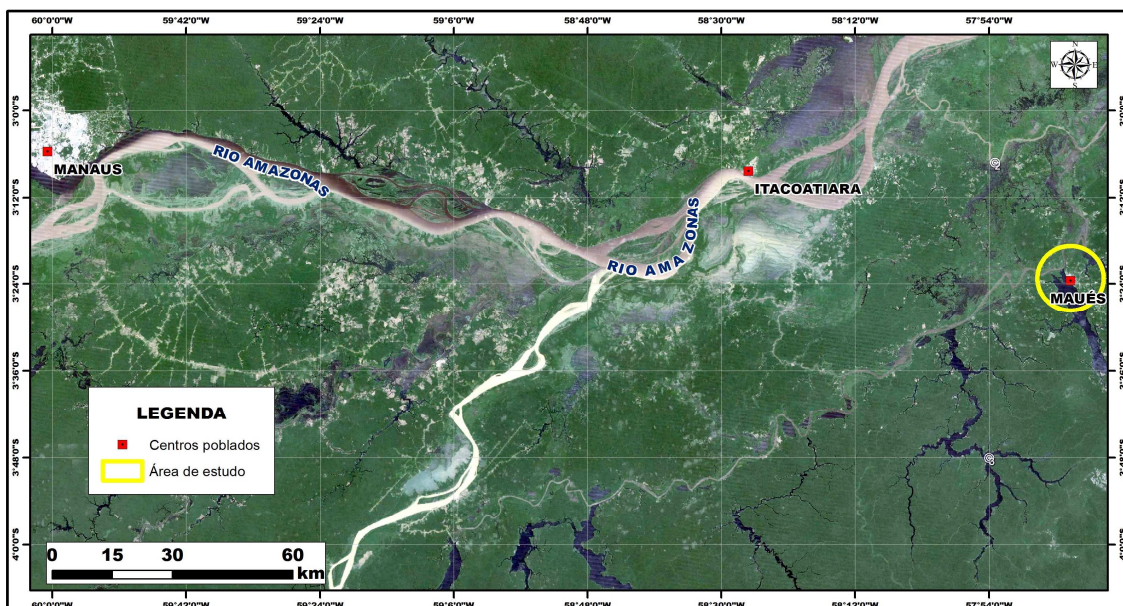


Figura 1. Imagem em satélite, da calha principal do rio Amazonas, demonstrando a localização do município de Maués-Am visitado para coleta de dados, na Amazônia Central. Fonte: <https://earth.google.com>

O clima da área é do tipo Afi, de acordo com a classificação climatológica de Köppen. A temperatura média para o mês mais frio nunca inferior a 18°C, a precipitação média anual é de 2200 e 2700mm. A média de umidade relativa anual é de 83 % (INMET, 2012). A distribuição mensal de chuvas forma duas épocas distintas no ano: a estação seca, que ocorre entre junho e outubro, sendo agosto o mês com o menor índice pluviométrico; a estação chuvosa, que ocorre entre novembro e maio, sendo que o mês de março é o que apresenta o maior índice pluviométrico (ARAUJO *et al.*, 2013; CPTEC, 2014).

4.2 Caracteres avaliados

Os caracteres aferidos estão representados na tabela 1.

Tabela 1- Descrição dos caracteres morfoagronômicos de Guaraná (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke).

Características		Identificação	Codigo
1	Planta: Comprimento dos ramos	PLCR	curto 3
			médio 5
			longo 7
2	Planta: Arquitetura	PLAR	ereta 3
			semi ereta 5
			decumbente 7
3	Folha: Forma	FOFM	oval 1
			elíptica 2
			oblonga 3
4	Folha: Cor da folha jovem	FOCJ	verde clara 1
			verde escura 2
			verde arroxeada 3
			marrom 4
			púrpura 5
5	Folha: Pigmentação antocianínica	FOPA	Ausente 1
			Presente 2
6	Folha: Coloração verde da folha	FOVF	clara 1
			média 2
			escura 3
			amarelada 4
7	Folha: Intensidade da pigmentação antocianínica	FOIP	baixa 3
			média 5
			alta 7
8	Folha: Bulado da superfície da face superior do limbo foliar	FOBL	fraco 3
			médio 5
9	Folha: Brilho da face superior	FOBS	forte 7
			fraco 3
10	Folha: Rudimentos foliares na raquis	FORF	médio 5
			forte 7
			ausente 1
			presente 2

Cont...

			alada	1
11	Folha: Forma dos rudimentos foliares na raquis	FOFR	marginada	2
			exalada	3
12	Racemo: Densidade de frutos	RADF	baixa	1
			média	2
			alta	3
13	Racemo: Comprimento	RACO	curto	3
			médio	5
			longo	7
14	Fruto: Forma	FRFO	elíptica	1
			obovada	2
			globosa	3
15	Fruto: Coloração	FRCO	amarela	1
			alaranjada	2
			amarela	3
			avermelhada	3
			vermelha amarelada	4
			vermelha alaranjada	5
			vermelha	6
			amarela	7
			avermelhada	7
16	Fruto: Superfície do pericarpo	FRSP	lisa	1
			rugosa	2
17	Fruto: Tamanho	FRTM	pequeno	3
			médio	5
			grande	7
18	Fruto: Intensidade do brilho	FRIN	fraca	3
			média	5
			forte	7
19	Época de maturação dos frutos	EPMF	precoce	3
			médio	5
			tardio	7
20	Produção	PROD		

Fonte: Publicado no D.O.U., seção 1, nº251, 31.12.2010.

4.3 Análises genético-estatísticas

4.3.1 Análise de variância

Foram avaliadas 36 progênies de meios irmãos de guaranazeiro, em delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições e seis plantas por parcela, dispostas em duas fileiras de três plantas, no espaçamento de 5 m x 5 m.

A análise de variância foi realizada seguindo o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

Em que,

Y_{ij} : é o valor observado para a variável em estudo referente ao tratamento i no bloco j

m : é a média de todas as unidades experimentais para a variável em estudo

t_i : é o efeito aleatório da progênie i no valor observado Y_{ij}

b_j : é o efeito fixo do bloco j no valor observado Y_{ij}

e_{ij} : é o erro associado a observação Y_{ij}

A variável produção de cada progênie em $g.planta^{-1}.ano^{-1}$ foi baseado na média da produção ao longo de seis anos de 2005 a 2010.

4.3.2 Análise dos parâmetros genéticos e componentes de variância

Foram estimados componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos utilizando o modelo 93 pelo procedimento REML/BLUP utilizando o programa Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007) para a varável Produção em gramas/planta/ano.

4.3.3 Análise da Distância Genética

Os dados dos descritores qualitativos utilizados para cálculo do coeficiente de similaridade foram obtidos por meio da moda de cada descritor, considerando-se 12 plantas por progênie, sendo avaliado o total de 432 plantas.

A análise do descritor quantitativo Produção ($\text{g.planta}^{-1}.\text{ano}^{-1}$) foibaseado na produção ao longo de seis anos de 2005 a 2010. A análise da distância genética foi realizada pela distância Euclidiana.

A distância Euclidiana é calculada por meio da expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

Onde:

$d_{ii'}$ = Distância euclidiana entre a progênie i e i' ;

x_{ij} = é o valor obtido na progênie i ou i' .

Para as variáveis qualitativas foi calculado o coeficiente de similaridade pela expressão:

$d_{ii}' = C/(C+D)$, em que,

C: Concordância de valores;

D: Discordância de valores.

4.3.4 Análise do agrupamento para a variável produção

As progênes avaliadas foram agrupadas seguindo os critérios de dissimilaridade pelo método hierárquico das médias aritméticas das medidas de dissimilaridades (UPGMA). O método UPGMA agrupa as progênes aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados. Neste método, o dendrograma foi estabelecido pelos genótipos com maior similaridade (CRUZ et al., 2003).

$$d_{(ij)k} = \text{média} (d_{ik}; d_{jk} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2})$$

em que:

$d_{(ij)k}$ = distância média entre o grupo ij e o acesso k;

d_{ik} = distância entre os acessos i e k; e

d_{jk} = distância entre os acessos j e k.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela tabela 2 observa-se os parâmetros genéticos e os componentes de variância entre as progênies para a variável produção. A baixa herdabilidade individual entre plantas (h^2a) equivaleu a 0,33 e encontra-se dentro do esperado para o caráter em questão, corroborando os resultados obtidos por ATROCH et al. (2010, 2011). O coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas (c^2_{parc}) sobre a produtividade foi de baixa magnitude, indicando uma baixa variação ambiental entre parcelas dentro do bloco.

Segundo FERRÃO (2008), a estimativa do coeficiente de variação genética é de suma importância para a estrutura genética de populações, por expressar a quantidade de variação existente entre os materiais genéticos. O valor do coeficiente de variação residual (CVe%) obtido (40,55%), pode ser considerado como baixo, segundo ATROCH (2005). Esse valor indica boa precisão experimental, que se traduz em confiabilidade nos resultados apresentados. A estimativa da acurácia da seleção de progênies foi de 0,69 indicando boa confiabilidade das estimativas. O coeficiente de variação relativo (CVr) foi de 0,68 indicando uma situação favorável à seleção para produção.

A herdabilidade é um parâmetro de grande utilidade para os melhoristas, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção (RAMALHO et al., 2000). As herdabilidades individuais no sentido restrito ajustada (h^2aj), de 0,34, e no sentido restrito (h^2a), de 0,33, são consideradas de magnitude medianas para o caráter. A estimativa de herdabilidade ao nível de progênies (h^2mp), de 0,48, foi superior à obtida por ATROCH (2013) evidenciando que a estratégia de selecionar entre progênies será mais efetiva do que a seleção de

Tabela 2- Parâmetros genéticos e componentes de variância para a variável produção obtidos em 36 progênies de guaranazeiro.

Parâmetros genéticos	Produção
Variância genética aditiva (V_a)	17611494,43
Variância ambiental entre parcelas (V_{parc})	1623439,15
Variância residual (V_e)	34655060,33
Variância fenotípica individual (V_f)	53889993,91
Herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a)	0,33
Herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela (h^2_{aj})	0,34
Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc})	0,03
Herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp})	0,48
Acurácia da seleção de progênies (Ac_{prog})	0,69
Herdabilidade aditiva dentro de progênies (h^2_{ad})	0,28
Coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}\%$)	54,92
Coeficiente de variação genética entre progênies ($CV_{gp}\%$)	27,46
Coeficiente de variação residual ($CV_e\%$)	40,55
Coeficiente de variação relativa (CV_r)	0,68
Média Geral do experimento	7641,46

indivíduos dentro de progênes como indica a herdabilidade aditiva dentro deprogênes (h^2_{ad}), de 0,28.

Na tabela 3 são mostrados os resultados de análise de variância para o caráter produção e as estimativas não detectaram diferenças significativas entre as progênes.

Tabela 3 – Quadro resumo da análise de variância para a variável produção.

F.V.	GL	Valor de F
Blocos	1	0,02ns
Progênes	35	1,92ns
Resíduo	35	-

ns= Não-significativo.

Desse modo, os indivíduos foram classificados para seleção pelo efeito genético aditivo predito “a” (Tabela 4). A maior produção foi obtida pelo indivíduo 1-22-1 (28.355 g.planta⁻¹.ano⁻¹), com um efeito genético aditivo predito de 8.520 g.planta⁻¹.ano⁻¹. Com a seleção de somente este indivíduo a produtividade média das progênes passaria de 7.641,46 g.planta⁻¹.ano⁻¹ (Tabela 2) para 16.162,3 g.planta⁻¹.ano⁻¹ (Tabela 4). E com a seleção dos 20 melhores indivíduos, a produção média das progênes, de 7.641,46 g.planta⁻¹.ano⁻¹ (Tabela 2), aumentaria para 13.464,60 g.planta⁻¹.ano⁻¹ (Tabela 4). Essas produções são dez vezes maiores do que a produtividade média estadual (1.200 g.planta⁻¹.ano⁻¹) e iguais à dos melhores clones de guaranazeiro recomendados pela Embrapa Amazônia Ocidental.

Tabela 4 – Seleção dos 20 melhores indivíduos dentro das 36 progênes de guaranazeiro quanto a produção (g.planta⁻¹.ano⁻¹).

Ordem	Bloco	Progênes	Plantas	f	a	u+a	Ganho	Média	Ne	D	g
1	1	22	1	28355	8520,8	16162,3	8520,8	16162,3	1,00	2958,7	11479,5
2	2	22	1	26955	8021,8	15663,3	8271,3	15912,8	1,60	2626,0	10647,8
3	2	22	2	23225	6992,5	14633,9	7845,0	15486,5	2,00	1939,8	8932,3
4	2	2	6	28170	6876,4	14517,9	7602,9	15244,3	2,67	3274,4	10150,8
5	2	16	5	28755	6698,8	14340,3	7422,1	15063,5	3,66	3434,6	10133,4
6	1	2	4	24565	6104,3	13745,7	7202,4	14843,9	4,36	2759,6	8863,9
7	1	32	4	29680	6038,1	13679,5	7036,1	14677,6	5,31	3952,5	9990,5
8	2	16	4	25565	5818,5	13460,0	6883,9	14525,4	6,00	2847,7	8666,2
9	2	2	5	23525	5594,6	13236,1	6740,6	14382,1	6,36	2419,8	8014,4
10	2	30	4	23690	5569,2	13210,7	6623,5	14265,0	7,27	2754,5	8323,7
11	1	17	5	26511	5494,6	13136,1	6520,9	14162,3	8,21	3338,2	8832,8
12	2	20	3	22845	5367,5	13009,0	6424,8	14066,2	9,16	2505,4	7872,9
13	2	22	6	17320	5362,9	13004,4	6343,1	13984,5	9,20	853,4	6216,3
14	2	19	1	27960	5246,1	12887,5	6264,7	13906,2	10,13	3755,2	9001,3
15	2	21	3	27155	5183,8	12825,3	6192,7	13834,1	11,08	3525,3	8709,1
16	1	3	2	23045	5070,3	12711,8	6122,5	13764,0	12,03	2570,9	7641,3
17	2	16	1	22040	4845,7	12487,2	6047,4	13688,9	12,38	2199,2	7044,9
18	1	30	5	21435	4601,3	12242,7	5967,1	13608,5	13,05	2109,3	6710,5
19	2	3	2	21225	4563,4	12204,8	5893,2	13534,6	13,72	2232,9	6796,3
20	2	22	4	14165	4492,2	12133,7	5823,1	13464,6	13,58	273,0	4765,2

f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito; Ne: tamanho efetivo populacional; d: efeito genético de dominância predito (supondo determinado grau médio de dominância no caso de progênes de meios irmãos); g = a + d: efeito genotípico predito.

A análise da similaridade genética entre os pares de progênies considerando 19 descritores qualitativos encontra-se na tabela 5. As progênies 25 e 31 (0,895) e 16 e 3 (0,842) foram as mais similares geneticamente, não sendo interessante utilizá-las para gerar populações segregantes a partir de cruzamentos controlados ou por intercruzamentos aleatórios, pois devido à similaridade genética para muitos caracteres o sucesso de obter maior diversidade genética é pequeno.

Por outro lado, as progênies 6 e 20 (0,211) e 5 e 12 (0,263) gerariam a maior diversidade genética possível quanto a caracteres qualitativos se forem cruzadas controlada ou aleatoriamente.

Tabela 5 – Similaridade genética entre pares de progênies considerando 19 variáveis qualitativas multicategóricas.

Progênies	CP	D	Valor
(25;31)	17	2	0,895
(3;29), (8;9)	16	3	0,842
(1;3), (4;13), (7;23), (8;22), (8;24), (9;18), (11;14), (11;27), (17;34), (25;29), (28;34), (29;31)	15	4	0,789
(1;35), (2;11), (2;14), (2;27), (3;8), (3;11), (3;19), (3;21), (3;35), (6;36), (8;18), (8;25), (8;29), (9;24), (9;25), (9;29), (10;14), (10;19), (11;26), (11;35), (12;36), (13;23), (14;35), (17;28), (17;30), (18;24), (18;30), (19;21)	14	5	0,737
(1;10), (1;33), (3;6), (3;32), (5;10), (5;21), (5;28), (5;32), (5;34), (5;36), (8;32), (10;17), (11;15), (12;15), (12;20), (15;19), (16;32), (17;23), (19;32), (19;33), (22;36), (23;27), (27;33), (30;32), 32;34)	7	12	0,368
(1;6), (1;16), (1;24), (2;28), (5;16), (10;15), (10;25), (15;16), (15;21), (15;26), (15;27), (17;32), (20;24), (20;36), (28;32), (29;32)	6	13	0,316
(5;12)	5	14	0,263
(6;20)	4	15	0,211
Média			0,553

As técnicas multivariadas são usadas amplamente com sucesso para medir a diversidade genética entre materiais genéticos, assim como, para conhecer os caracteres que mais influenciam nesta divergência (ALVES et al., 2003). Desse modo, a análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por um critério qualquer de classificação, os genitores em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

O agrupamento pelo método do UPGMA (*Unweighted Pair Group Using na Arithmetic Average*), baseado na Distância Euclidiana, para a variável produção (grama/planta) produziu o dendrograma apresentado na Figura 2. A análise deste tipo de diagrama geralmente é subjetiva, podendo gerar algumas dificuldades na determinação do número de grupos formados, por não haver um critério estatístico definido para determiná-los, um ponto de corte pode ser utilizado de acordo com (MOJEMA, 1977), no entanto muitas vezes é difícil de ser estipulado. Por outro lado, a fácil interpretação e simplicidade são importantes nas análises dos dados (MARDIA et al., 1997).

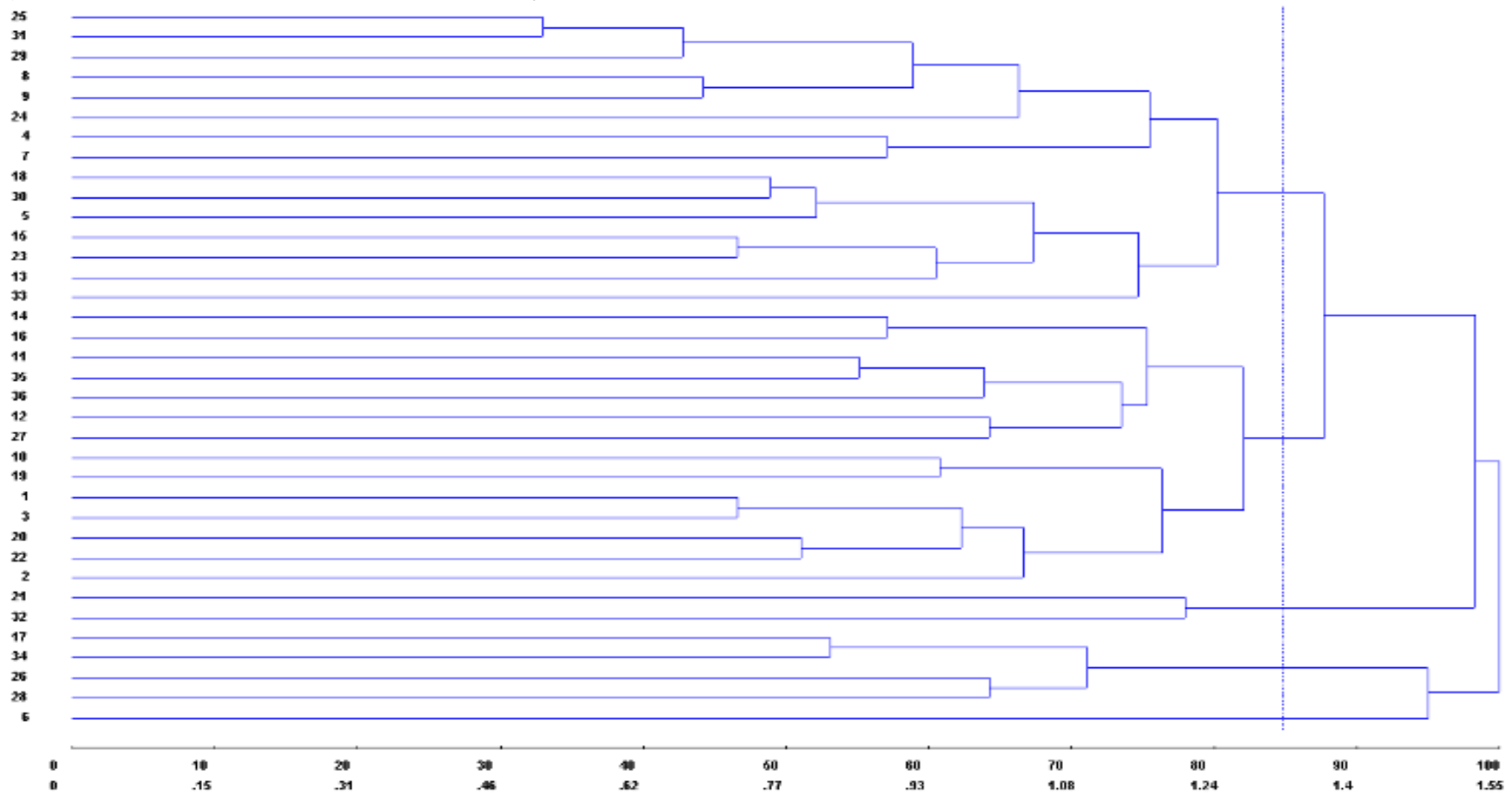
CRUZ et al. (2004) sugerem o estabelecimento de um exame visual de pontos onde ocorrem grandes mudanças de níveis possibilitando a delimitação dos grupos, sendo este parâmetro bastante utilizado. Contudo, ARRIEL et al. (2004), afirmam que não é possível determinar qual método é mais preciso sem informações sobre a relação genética das progênies.

Observa-se que é difícil avaliar o comportamento dos coeficientes de similaridade diretamente nas progênies ou usando estatística como a média, o que por si já justifica o uso de técnicas de agrupamentos, principalmente para verificar quais progênies são mais parecidas entre si. No dendrograma para as

progênies (Figura 2) verificou-se a formação de cinco grupos de diversidade, com base nas mudanças de níveis observadas no diagrama no ponto de corte.

Pelos resultados obtidos podemos concluir que as progênies apresentam diversidade genética suficiente para a seleção de progênies e de indivíduos superiores que com cruzamentos controlados ou intercruzamentos poderiam gerar uma população base com alta produtividade e diversidade genética suficiente para enfrentar futuros problemas bióticos ou abióticos. E de acordo com os resultados é possível verificar que os cruzamentos entre os indivíduos das progênies 22 com os das progênies 2 e 16 produziriam uma maior diversidade genética e são materiais produtivos que poderiam formar uma população base para fins de melhoramento genético com maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores.

Figura 2 – Dendrograma entre 36 progênies de guaranazeiro utilizando a distância genética euclidiana e o método de agrupamento UPGMA para a variável produção.



6. CONCLUSÕES

- As progênies apresentam diversidade genética suficiente para a seleção que com cruzamentos controlados ou intercruzamentos poderiam gerar uma população base com alta produtividade e diversidade genética suficiente, aumentando a probabilidade de recuperação de genótipos superiores;
- As progênies 22, 16 e 2 podem ser intercruzadas com a finalidade de produzir a população base para fins de melhoramento genético.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. G. F.; CRUZ, E. D.; FILGUEIRA, A. 2003. **Seleção de descritores botânico-agronômicos para a caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro**, Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 38, n. 7, p. 807-818.

ARRIEL, E. F.; PAULA, R. C.; BAKKE, O. A.; SANTOS, D. R.; ARRIEL, N. H. C. 2004. **Divergência genética entre matrizes de faveleira usando caracteres biométricos de frutos e sementes**. Caatinga, Mossoró, v. 18, n. 4, p. 219-225.

ASSIS, T.F.; BAUER, J.F.S.; TAFAREL, G. 1993. **Sintetização de híbridos de *Eucalyptus* por cruzamentos controlados**. Ci. Flor., Santa Maria, v.3, n.1, p. 161-170.

ATROCH, A. L. 2001. **Situação da cultura do guaraná no Estado do Amazonas**. In: ATROCH, A. L. (Ed). REUNIÃO TÉCNICA DA CULTURA DO GUARANÁ, 1. Manaus, AM, 6 a 9 de novembro, 2000. **Anais**. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental. (Embrapa Amazônia Ocidental. Documentos, 16).

ATROCH, A.L. 2002. **Aspectos gerais da cultura do guaraná**. Foods and Food Ingredients Journal of Japan (204): 53-59.

ATROCH, A.L.; NASCIMENTO FILHO, F.J. 2005. **Classificação do coeficiente de variação na cultura do guaranazeiro**. Revista de Ciências Agrárias, n43. Belém, PA. p.43-48.

ATROCH, A.L. 2009. **Avaliação e seleção de progênies de meios irmãos de guaranazeiro (*paullinia cupana* var. *sorbilis* (mart.) ducke) utilizando caracteres morfo-agronômicos.** p.72 Tese (Doutorado em Genética de Plantas) – Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia(INPA),Universidade Federal do Amazonas(UFAM). Manaus.

ATROCH, A. L.; NASCIMENTO FILHO, F. J.; ATROCH, E.M.A.C. 2010. **Diagnose precoce sobre produtividade do guaranazeiro (*Paullinia cupana* var. *sorbilis*) por meio de caracteres de crescimento.** Boletim de pesquisa e desenvolvimento. ISSN 1517-2457. Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, Am. Dezembro.

ATROCH, A. L.; NASCIMENTO FILHO, F. J.; RESENDE, M. D. V.; LOPES, R.; CLEMENT, C. R. 2011. **Predição de valores genéticos na fase juvenil de progênies de meios irmãos de guaranazeiro.** *Revista de Ciências Agrárias*, v. 54, n. 1, p. 73-79. <http://dx.doi.org/10.4322/rca.2011.040>

ATROCH, A.L.; NASCIMENTO FILHO, F.J.; RESENDE, M.D.V. 2013. **Seleção genética simultânea de progênies de guaranazeiro para produção, adaptabilidade e estabilidade temporal.** *Revista Ciência Agrárias*, v. 56, n. 4, p. 347-352, out./dez.

BARBIERI, R. L.; LEITE, D. L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. 2005. **Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos.** *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 35, n. 2, p. 303-308.

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I.;

SCHMIDT, D. A. M. 2003. **Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariada como critérios no direcionamento de hibridações em aveia.** Ciência Rural, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 657-662.

BERTAN, I. et al. 2006. **Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio.** Bragantia, v.65, n.1, p. 55-63.

BORÉM, A. 1998. **Melhoramento de plantas.** 2. ed. Viçosa: UFV-Universidade Federal de Viçosa, 453 p.

CARVALHO, F.I.F. 2001. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção.** Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 2001. 99 p.75

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. 2003. **Análise da divergência genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155.

CPTEC – 2014. Centro de Previsão de Tempo e Estudos Climáticos. **El Niño e La Niña** [online]. [citado jun. 21]. Disponível em: <http://enos.cptec.inpe.br/>

CRUZ, C. D. 1990. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** 187 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de agricultura Luis de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. 1994. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 390 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. 2003. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. 2004. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa, MG, UFV, v. 1, 480 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. 2006. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. rev. Viçosa: Ed. UFV.

CORRÊA, M.P.F. 1989. **Caracteres quantitativos e qualitativos para descrição morfológica do guaraná (*Paullinia cupana* var. *sorbilis* (Mart.) Ducke)**. 186p. Tese de Doutorado, Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Fundação Universidade do Amazonas. Manaus, Amazonas.

DUCKE, A. 1937. **Diversidade dos guaranás**. Rodriguésia, v.3, n.10, p.155-156.

EMBRAPA. 2011. Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Ocidental. **Guia das novas cultivares de guaranzeiro para o Estado do Amazonas**. Transferência de Tecnologia. Manaus, 16p.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. 2002. **Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 37, n. 8, p. 1089-1098.

FERRÃO, R.G. et al. 2008. **Parâmetros genéticos em café conilon**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.43, p.61-9.

FONSECA, A. F. A. et al. 2006. **Divergência genética em café conilon**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 41, p. 599-605.

FLORABRASILIENSIS. 2008. Centro de Referência em Informação Ambiental, CRIA. **Sistema hospedado no Internet Data Center da Rede Nacional de Ensino e Pesquisa, RNP**.
http://florabrasiliensis.cria.org.br/search?taxon_id=2008

HARRINGTON, M.G.; EDWARDS, K.J.; JOHNSON, S.A.; CHASE, M.W.; GADEK., P.A. 2005. **Phylogenetic inference in Sapindaceae *sensu lato* using plastid matK and rbcL DNA sequences**. Systematic Botany 30: 366-382.

INMET – 2012. Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de dados meteorológicos para ensino e pesquisa [online]**. [citado 2012 out. 22]. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>

IPNI. 2008. The International Plant Names Index. **Query: family = Sapindaceae; genus = Paullinia**. Consultado em 22 de junho de 2008. www.ipni.org/ipni/query_ipni.html.

KÖEPPEN, W. 1948. **Climatologia: con um estúdio de los climas de la Tierra**. México:Fondo de Cultura Econômica, 478p.

LORENCETTI, C. et al. 2006. **Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos em aveia**. Pesquisa agropecuária Brasileira, v. 41, n. 4, p. 591-598.

- LÚCIO, A. D.; FORTES, F. O.; STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A. 2006. **Abordagem multivariada em análise de sementes florestais exóticas.** Revista Cerne, Lavras, v. 12, n. 1, p. 27-37.
- MARDIA, A. K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. 1997. **Multivariate analysis,** London, Academic Press, 518
- MARCHIORO, V.S. et al. 2003. **Dissimilaridade genética entre genótipos de aveia.** Ciência agrotecnica, v. 27, n. 2, p. 285-294.
- MOJEMA, R. 1977. **Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation.** The Computer Journal, v.20, n.4: 359-363.
- PEREIRA, N. 1954. **Os índios maués.** 1 ed. Rio de Janeiro: Organização Simões, 1954. 171 p.
- RADLKOFER, L. 1931–1934. **Sapindaceae.** In: A. Engler (ed.), Das Pflanzenreich IV, 165 (Heft 98a-h). Verlag von Wilhelm Engelmann, Leipzig. 219 - 352.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P. 2000. **Genética na Agropecuária,** Lavras, MG, UFLA, 472 p.
- RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. 2000. **Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas.** Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v. 22, n. 1, p. 44-52.
- RESENDE, M.D.V. **O Software SELEGEN-REML/BLUP.** Campo Grande: Embrapa Pantanal, 2007. 305p. (Embrapa, Documentos).
- RAO, C. R. 1952. **Advanced Statistical Methods in Biometric Research.** Ed.

J. Wiley. New York, NY. 390p.

SOUZA, A. G. C. et al. 1996. **Fruteiras da Amazônia**. Brasília: EMBRAPA-SPI; Manaus: EMBRAPA-CPAA. 204p. (Biblioteca Botânica Brasileira, 1).