

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CAMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

VARIABILIDADE GENÉTICA DE GUARIROBA (*Syagrus oleracea* Becc.) DETERMINADAS POR DESCRITORES MORFOLÓGICOS E MARCADORES RAPD

Jefferson Fernando Naves Pinto
Biólogo

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL
Julho de 2009

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CAMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

VARIABILIDADE GENÉTICA DE GUARIROBA (*Syagrus oleracea* Becc.) DETERMINADAS POR DESCRITORES MORFOLÓGICOS E MARCADORES RAPD

Jefferson Fernando Naves Pinto

Biólogo

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientador: Dr. Fábio Gelape Faleiro

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Goiás (UFG), Campus Jataí, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Produção Vegetal).

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL
Julho de 2009

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
(GPT/BC/UFG)

Pinto, Jefferson Fernando Naves.
**P659v Variabilidade genética de guariroba (*Syagrus oleracea* Becc.)
determinadas por descritores morfológicos e marcadores RAPD
[manuscrito] / Jefferson Fernando Naves Pinto. – 2009.
xii, 81 f. : il., color., figs.**

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis; Co-Orientador:
Prof. Dr. Fábio Gelape Faleiro.

**Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás,
Campus Jataí, Programa de Pós-Graduação em Agronomia,
2009.**

Bibliografia: f. 70-81.

Inclui lista de quadros, figuras e tabelas.

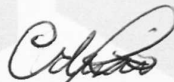
**1. Guariroba – Variabilidade Genética – Estado de Goiás
2. Marcadores Moleculares RAPD 3. *Syagrus oleracea* Becc I.
Reis, Edésio Fialho dos II. Faleiro, Fábio Gelape. III.
Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí, Programa de Pós-
Graduação em Agronomia IV. Título.**

CDU: 582.545(817.3)

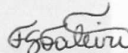
JEFFERSON FERNANDO NAVES PINTO

**TÍTULO: “VARIABILIDADE GENÉTICA DE GUARIROBA
[*Syagrus oleracea* BECC.] DETERMINADAS POR
DESCRITORES MORFOLOGICOS E MARCADORES RAPD”**

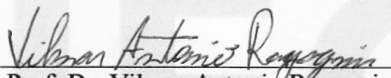
Dissertação DEFENDIDA e APROVADA em 14 de julho de 2009, pela
Banca Examinadora constituída pelos membros:



Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
Presidente – CAJ/UFG



Prof. Dr. Fábio Gelape Faleiro
Membro Externo – EMBRAPA/CERRADOS



Prof. Dr. Vilmar Antonio Ragagnin
Membro – CAJ/UFG

Jataí - Goiás
Brasil

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

JEFFERSON FERNANDO NAVES PINTO, filho de Luiz Fernando Alves Pinto e Stael Naves Ferreira Pinto, nascido em Jataí - Goiás a 22 de janeiro de 1982. Graduou-se em Ciências Biológicas na UFG em dezembro de 2004. Iniciou o curso Pós-graduação strictu-sensu em nível de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Fitotecnia/Produção Vegetal, na Universidade Federal de Goiás (UFG), em março de 2007, concluindo-a em julho de 2009.

*Tudo na vida é possível, basta
saber como, e o que fazemos
nela ecoa na eternidade.*

Autor desconhecido

Aos meus amados Pais e queridos irmãos.
Os quais sem eles, nada seria.

À minha namorada Eliane Alves dos Santos pelo amor,
carinho, companheirismo, incentivo e principalmente pela
enorme compreensão em todos momentos de nossa jornada.

Ofereço e Dedico

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Goiás (UFG) pela oportunidade de realização do curso.

Ao Dr. Edésio Fialho dos Reis a quem devo a orientação desta dissertação e, particularmente pela confiança, pelo estímulo e pela grande atenção amiga sempre oferecida.

Ao Dr. Fábio Gelape Faleiro, da Embrapa Cerrados, por ter-me co-orientado e ajudado em todos os momentos com apoio científico, tecnológico e, sempre que necessário, com palavras de incentivo.

Ao Dr. Marco Aurelio Carbone Carneiro, Coordenador do Curso de Pós Graduação em Agronomia da UFG – CAJ, pelo constante incentivo durante todo o curso.

A meus pais Luiz Fernando Alves Pinto e Stael Ferreira Naves Pinto pelo o amor, a confiança, o estímulo e apoio durante a minha vida.

Aos meus irmãos Jenniffer Fernanda Naves Pinto e Jeeder Fernando Naves Pinto pelo companheirismo em todos os momentos de minha jornada.

Às minhas avós pelo constante incentivo para continuar sempre a estudar.

A todos os colegas de curso que juntos superamos várias dificuldades.

E a minha namorada, Eliane Alves dos Santos, por ser o meu ponto de apoio.

Muito obrigado a todos!!!!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1 – INTRODUÇÃO	11
2 – REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1 – Aspectos gerais das palmeiras	13
2.2 – Gênero <i>Syagrus</i>	14
2.2.1 – <i>Syagrus oleracea</i> (Mart.) Becc.	15
2.2.1.1 – Taxonomia	15
2.2.1.2 – Distribuição geográfica	16
2.2.1.3. – Características morfológicas	17
2.2.1.4 – Características do palmito	19
2.2.1.5 – Importância econômica	20
2.2.1.6 – Características genéticas	21
2.3 – Marcadores moleculares	23
2.3.1 – Marcadores moleculares em <i>Arecaceas</i>	24
2.3.2 – RAPD (<i>Random Amplified Polymorphic DNA</i>).....	26
2.4 – Divergência genética por análise multivariada	28
2.4.1 – Análise de agrupamento.....	29
3 – MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1 – Coletas dos acessos	33
3.2 – Análise de variância univariada.....	34
3.3 – Análise multivariada	34
3.3.1 – Distância de Mahalanobis	34
3.3.2 – Variáveis canônicas e descarte de variáveis.....	35
3.3.3 – Análise de agrupamento.....	35

3.3.4 – Correlação fenotípica entre os caracteres estudados	36
3.4 – Caracterização molecular	36
3.4.1 – Material utilizado	36
3.4.2 – Extração do DNA	37
3.4.3 – Quantificação do DNA	37
3.4.4 – Reação de RAPD	38
3.4.5 – Análise estatística dos dados moleculares.....	39
3.4.5.1 – Análises moleculares	39
3.4.5.2 – Porcentagem de polimorfismo.....	40
3.4.5.3 – Coeficiente de similaridade (Sij).....	40
3.4.5.4 – Coeficiente de dissimilaridade	41
3.4.5.5 – BOOTSTRAP	41
4 - RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4.1 – Análise morfológica	42
4.1.1 – Estatística univariada	42
4.1.2 – Herdabilidade	47
4.1.3 – Correlações fenotípicas	48
4.2 – Análise multivariada	52
4.2.1 – Seleção de descritores.....	52
4.2.2 – Divergência fenotípica.....	57
4.2.3 – Análise de agrupamento.....	58
4.2.3.1 Método de Otimização de Tocher	58
4.2.3.2 – Método UPGMA	60
4.2.3.3 – Variáveis canônicas.....	61
4.3 – Análise molecular	62
4.3.1 – Ensaio de RAPD	62
4.3.1.1 – BOOTSTRAP	64
4.3.2 – Diversidade genética.....	65
4.3.3 – Análise de agrupamento pelos métodos de Tocher e UPGMA.....	67
5 – CONCLUSÕES	69
BIBLIOGRAFIA	70

LISTA DE QUADROS

	Página
Quadro 1: Número de cromossomos e fórmulas cariotípicas dos parentais e de seus respectivos híbridos dentro do gênero <i>Syagrus</i> segundo Lam (1998).....	22
Quadro 2: Matriz de Distâncias Euclidianas obtidas por Lam (1998).....	22
Quadro 3: Descrição dos pontos de coleta dos acessos de guariroba.	32
Quadro 4: Descritores morfológicos utilizados na caracterização da guariroba.....	33
Quadro 5: <i>Primers</i> (Operon Technologies Inc.) testados nas ampliações de DNA de <i>Syagrus oleracea</i>	38

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1: Resumo das análises de variância obtidas para os 18 descritores morfológicos avaliados em 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.....	43
Tabela 2: Comparação de médias entre as 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.	45
Tabela 3: Coeficiente de variação genético (CVg), razão coeficiente de variação genético por coeficiente de variação experimental (CVg/Cve) e herdabilidade em sentido amplo (h^2) entre os 36 acessos de guariroba no Estado de Goiás.....	47
Tabela 4: Correlação linear simples ente os dezoito descritores morfológicos avaliados em 108 acessos de guariroba no Estado de Goiás.....	51
Tabela 5: Autovalores, Variância, Variância Acumulada obtidas a partir dos dezoito descritores morfológicos avaliados em 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.....	53
Tabela 6: Autovalores, Variância, Variância Acumulada obtidas a partir dos oito descritores morfológicos selecionados.....	54
Tabela 7: Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os descritores morfológicos selecionados e os descartados avaliados em 108 acessos de guariroba no Estado de Goiás.....	55

Tabela 8: Teste de multicolinearidade entre os descritores morfológicos selecionados e os descartados.	56
Tabela 9: Contribuição relativa dos descritores morfológicos selecionados.	57
Tabela 10: Formação de grupos das 36 procedências de <i>Syagrus oleracea</i> Becc. estabelecidos pelo método de Tocher com base na distância Mahalanobis.	59
Tabela 11: Relação dos 16 <i>Primers</i> utilizados nas análises moleculares de <i>Syagrus oleracea</i> com os números de bandas amplificadas (NBA), número de bandas polimórficas (NBP) e a porcentagem de polimorfismo (%P).	63
Tabela 12: Matriz de distâncias entre os oito acessos de guariroba baseada em 116 marcadores RAPD.	66
Tabela 13: Agrupamento dos acessos de guariroba pelo método de Tocher utilizando o complemento aritmético de Nei & Li em marcadores RAPD.	67

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1: Primeiro registro visual da <i>Syagrus oleracea</i> (Mart.) Becc., a qual foi denominada de <i>Cocos oleracea</i> (Mart.): (A) <i>Syagrus oleracea</i> (Mart.) Becc. em seu ambiente natural; (B) Estrutura reprodutiva e folha (MARTIUS, 1826).	15
Figura 2: Guariroba (A) com ± 20 anos de idade; (B) com ± 2 anos de idade.....	17
Figura 3: (A) Inflorescências de guariroba; (B) Flores masculinas.	18
Figura 4: Variação do tamanho e forma das sementes de guariroba obtidas no município de Jataí – GO; (A) sementes com epicarpo e (B) sementes sem epicarpo e mesocarpo.	19
Figura 5: Mapa do Estado de Goiás indicando a área territorial e os grupos de municípios onde foram realizadas as coletas dos acessos de guariroba.	31
Figura 6: Distribuição de frequência das estimativas de dissimilaridades expressas pela distância de Mahalanobis com base nos oito descritores morfológicos avaliados nas 36 procedências de guariroba.	58

- Figura 7:** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Mahalanobis entre as 36 procedências de guariroba obtidas a partir dos oito descritores morfológicos selecionados. A linha pontilhada indica o ponto de corte.61
- Figura 8:** Dispersão gráfica em três dimensões (3D) relativa as três primeiras variáveis canônicas que juntas explicam 63,80% da variação total das 36 procedências de guariroba.62
- Figura 9:** Valores observados e estimados do coeficiente de variação (CV%)(y) em função do número de marcadores (x) obtidos no ensaio RAPD com o DNA de guariroba.64
- Figura 10:** Produtos de amplificação de DNA genômico de oito acessos de guariroba gerados com a utilização dos *primers* (A) OPA-01, (B) OPJ-19 e (C) OPN-02.66
- Figura 11:** Dendrograma de divergência genética entre os oito acessos de guariroba obtido pelo método UPGMA com base em marcadores RAPD. O ponto de corte foi determinado a uma similaridade relativa a 65% (linha pontilhada).68

VARIABILIDADE GENÉTICA DE GUARIROBA (*Syagrus oleracea* Becc.) DETERMINADAS POR DESCRITORES MORFOLÓGICOS E MARCADORES RAPD

RESUMO: Neste trabalho, objetivou-se caracterizar a variabilidade genética de guariroba proveniente de quatro regiões do estado de Goiás por meio de descritores morfológicos e moleculares, com o intuito de fornecer informações sobre a diversidade genética da espécie e sua utilização em futuros trabalhos de melhoramento genético. Na análise morfológica foram avaliados 18 descritores em 36 procedências de guariroba oriundas de quatro regiões do Estado de Goiás. A caracterização molecular foi realizada por meio de marcadores moleculares do tipo RAPD (*Random Amplified Polimorphic DNA*) gerados por 16 *primers* decâmeros em 8 acessos de guariroba provenientes das quatro regiões de estudo. Os dados morfológicos foram submetidos a análise estatística uni e multivariada, sendo descartados os descritores que apresentaram autovalores inferior a 0,70. Os marcadores moleculares obtidos foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram estimadas as distâncias genéticas entre os acessos. Após as análises morfológicas e moleculares procedeu-se a análise de agrupamento e de dispersão gráfica. Verificou-se que 55% dos descritores analisados são desnecessários para a caracterização morfológica da guariroba. Este descarte não ocasionou perda de informações. No agrupamento das procedências não foi evidenciado agrupamento por região de coleta, indicando que mesmo sendo procedências geograficamente próximas, elas são geneticamente divergentes. Com base nos dados moleculares obteve-se um total de 116 marcadores, sendo 20,69% deles monomórficos. As distâncias genéticas entre os acessos variaram de 0,27 a 0,48. Estes marcadores moleculares demonstraram a alta variabilidade genética dos

acessos, os quais não foram agrupados por região de coleta. Com base em todas as análises, conclui-se que não é necessário coletar acessos de guariroba em uma grande quantidade de regiões. A coleta em regiões próximas é suficiente, pois existe boa representatividade da variabilidade genética entre acessos coletados em regiões geograficamente próximas.

Termos para indexação: Variáveis Canônicas, marcadores moleculares RAPD, descarte de descritores, Gueroba.

GENETIC VARIABILITY OF GUARIROBA (*Syagrus oleracea* Becc.) DETERMINED BY MORPHOLOGIC DESCRIBERS AND RAPD MARKERS

ABSTRACT: This work proposed to characterize the genetic variability of guariroba from four areas of Goiás State using morphologic and molecular describers, with the intention to provide information about the genetic variety of this specie and its application in future works about genetic breeding. In the morphologic analysis, 18 describers have been evaluated, in 36 provenances of guariroba, derived of four areas of Goiás State. The molecular characterization has been performed by RAPD markers generated by 16 decamer-primers, in 8 accesses of guariroba, from these four study areas. The morphologic data has been submitted to a multivariate and univariate statistic analysis. Describers that presented self-values lower than 0,70 has been rejected. The molecular markers obtained have been converted into a binary data matrix, from which genetic distances between the accesses has been estimated. After the morphologic and molecular analysis, graphic dispersion and grouping analysis has been made. It has been verified that 55% of analyzed describers are unnecessary to morphologic characterization of guariroba. This discard didn't cause lost information. In the provenances' grouping, grouping by collecting area hasn't been observed, which indicates that even being from a close geographic origin, they're genetically divergent. Based in molecular data, it has been obtained 116 markers and 20,69% of them are monomorphic. The genetic distances between accesses ranged from 0,27 to 0,48. These markers demonstrated the large genetic variability of accesses, which haven't been grouped by collecting area. It has been followed that it's not necessary to collect accesses of guariroba in a vast area, because there is a good representation of genetic variability between accesses collected at near extensions.

Index Terms: Canonic Variables, RAPD molecular markers, disposal of describers, Gueroba.

1 – INTRODUÇÃO

A *Syagrus oleracea* Becc. popularmente conhecida como guariroba, é a única palmeira que possui palmito de sabor amargo entre as exploradas comercialmente no Brasil. A espécie é nativa do Cerrado e responsável por boa parte do palmito consumido nesta região.

Dentre as opções de cultivo agrícola, esta espécie é uma alternativa de renda familiar e um agronegócio interessante e promissor que tem público consumidor garantido. Segundo Aguiar *et al.* (1996), a sua exploração apresenta elevada relação de Custo/benefício.

A exploração comercial da guariroba é vista como atividade extrativista (TEIXEIRA, 1996) e vem sendo feita de maneira irracional, sem controle e preocupação com sua regeneração natural. Dessa maneira, as reservas naturais de guariroba vêm diminuindo drasticamente, o que poderá acarretar em grandes dificuldades para a exploração devido ao seu uso indiscriminado e até mesmo levá-la a extinção. O agravante é que para a extração do palmito, faz-se necessário realizar o corte do estipe, o que ocasiona a morte da palmeira (PADILHA *et al.* 2001). O uso racional e sua caracterização é uma necessidade, entretanto, a carência de estudos constitui um “gargalo” em sua cadeia produtiva.

Um dos principais motivos que reduzem a expansão da cadeia produtiva da guariroba, segundo Nascente (2003), é a grande desuniformidade no desenvolvimento da planta o que ocasiona um maior tempo de colheita refletindo em maior espaço de tempo na ocupação do solo, contribuindo para a menor atração de produtores para seu uso correto. Outro motivo é a variabilidade no sabor amargo do palmito que segundo Nunes (2007), vai desde o levemente amargo até o amargo bem acentuado. Este fato dificulta a padronização do palmito tornando-o menos atrativo em relação aos demais para a indústria de conservas.

A guariroba é uma espécie incipientemente domesticada (CLEMENT, 2001) e, por isso, informações sobre a caracterização morfológica e molecular de acessos

que possam ser utilizados em programas de melhoramento são escassos, além do conhecimento sobre características importantes na discriminação da variabilidade existente entre acessos.

A caracterização de plantas perenes, como as palmeiras, tem sido realizada com o auxílio de uma lista de descritores botânicos, morfológicos e agrônômicos (OLIVEIRA *et al.* 2006) e por técnicas moleculares. A coleta de acessos “germoplasma” de espécies nativas e sua manutenção em coleções garantem a base genética para a seleção e o melhoramento. Logo, o estudo da variabilidade genética de guariroba, fornece subsídios para futuros trabalhos de melhoramento genético, além de compreender os aspectos agrônômicos de interesse para o agricultor.

A variabilidade genética de um banco de germoplasma só pode ser eficientemente utilizada se for minuciosamente avaliada e quantificada. A devida descrição das introduções ou acessos em um banco de germoplasma é uma necessidade para a manutenção e o potencial de exploração das futuras coleções, além de ser importante para conhecer a sua estrutura genética e quantificar aquelas características que sejam ligadas ao processo produtivo.

Neste trabalho, objetivou-se caracterizar a variabilidade genética de guariroba proveniente de quatro regiões do Estado de Goiás por meio de descritores morfológicos e moleculares, com o intuito de fornecer informações sobre a diversidade genética da espécie e sua utilização em futuros trabalhos de melhoramento genético.

2 – REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 – Aspectos gerais das palmeiras

As palmeiras são plantas monocotiledôneas, da família Arecaceae, a qual é representada por cerca de 2.600 espécies distribuídas em mais de 240 gêneros (LORENZI *et al.* 2004). A subfamília Cocosideae se divide em dois grupos: um com espécies com $n = 15$ e outro com espécies com $n = 16$ cromossomos, sendo todas diplóides (NUCCI, 2007).

Historicamente, as palmeiras estão entre as primeiras Angiospermas e são as primeiras monocotiledôneas que se possuem registros fósseis que datam de mais de 120 milhões de anos (LAM, 1998). Apresentam ampla ocorrência geográfica, o que explica as grandes variações genéticas encontradas. Este fato está relacionado ao seu surgimento o que pode ter ocorrido concomitantemente com o processo de deriva continental (LAM, 1998), distribuindo-as de forma geral pelas regiões tropicais e subtropicais e proporcionando formas de seleção diferenciadas que resultaram em diferentes especiações. As regiões Tropicais e Subtropicais são os habitats que apresentam uma maior representatividade da grande variabilidade genética das palmeiras.

As principais palmeiras que movimentam o mercado internacional em conformidade com o que é produzido economicamente são: Dendezeiros (*Elaeis guineensis* Jacq.), fonte de óleo comestível; Coqueiro (*Cocos nucifera* L.), óleo comestível, coco ralado, água *in natura*; Tamareira (*Phoenix dactylifera* L.) passa; Pupunheira (*Bactris gasipaes* H. B. K.) palmito doce; Juçara (*Euterpe edulis* (Mart.)) palmito doce; Açaizeiro (*Euterpe oleracea* (Mart.)) palmito doce; Palmeira Australiana (*Archontophoenix alexandrae* (F. Muell.) H. Wendl. & Drude.) palmito doce; e Guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.) palmito amargo (MELO, 2000).

As palmeiras, sendo plantas de propagação sexuada, necessitam de seis a nove anos para estarem aptas à produção de sementes (ANDRADE & PEREIRA, 1997; BOVI, 1993), já o início da produção de palmito varia de acordo com a espécie, sendo que a variação é de 2 a 12 anos (GISLENE & BOVI, 1991; BOVI, 1993; DINIZ & SÁ, 1995; STEGEMANN & RAMOS, 1997; LORENZI *et al.* 2004).

2.2 – Gênero *Syagrus*

A denominação *Syagrus* é uma derivação do *latim* que quer dizer “um tipo de palmeira”.

O gênero *Syagrus* é restrito à América do Sul (CLEMENT *et al.* 2005) sendo representado por 36 espécies, das quais 30 ocorrem no Brasil que é considerado o seu centro de dispersão (LORENZI *et al.* 2004).

Todas as espécies estudadas do gênero *Syagrus* apresentaram número diplóide de cromossomos, correspondendo a $2n = 32$, sendo que somente a *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. e a *Syagrus quinquifaria* (Barb. – Rodr.) Becc. possuem os quatro tipos de cromossomos com base na posição do centrômero: metacêntrico (m), submetacêntrico (sm), subtelocêntrico (st) e telocêntrico (T) (LAM, 1998).

Podem-se encontrar híbridos interespecíficos naturais entre algumas espécies do gênero *Syagrus*, que geralmente são férteis e estão presentes onde se encontra a sobreposição de populações de espécies distintas. Os exemplos de híbridos comumente encontrados na literatura são o *Syagrus costae* Glassman (*S. oleracea* x *S. coronata*), o *Syagrus teixeriana* Glassman (*S. oleracea* x *S. romanzoffiana*) (LAM, 1998) e o híbrido entre o *Syagrus romanzoffiana* e a *Butia capitata* (*Butyagrus nabonnandi*) (ROSSATO, 2007).

Dentro do gênero *Syagrus* encontra-se somente três espécies que possuem estipes do tipo cespitoso: o Acumã (*Syagrus flexuosa* (Mart.) Becc.); o Catolé (*Syagrus cearensis* Noblick) e o Coco-da-pedra (*Syagrus ruschiana* (Bondar) Glassman), sendo formados através de perfilhamento, tendo sua brotação subterrânea a partir de gemas no estipe formando, assim, caules múltiplos (LORENZI *et al.* 2004; SODRÉ, 2005). Neste gênero estão as únicas palmáceas que

apresentam palmito de sabor amargo: a guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.) e o Jerivá (*Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassman) (FERREIRA, 1982).

Nos últimos anos, as espécies do gênero *Syagrus* passaram por várias mudanças de classificação as quais eram incluídas dentro de outros gêneros, como o *Cocos*, *Glaziova* e *Arecastrum* (NEGRÃO, 1999).

2.2.1 – *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.

2.2.1.1 - Taxonomia

A guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.) pertence à família Arecaceae, sub-família Coccoideae e ao gênero *Syagrus*. Foi inicialmente descrita por Carol Frid Phil Martius, em meados de 1820, que publicou a sua descrição morfológica completa (Figura 1) em seu trabalho “Historia Naturalis Palmaum” (MARTIUS, 1826), enquadrando erroneamente dentro do gênero *Cocos*, recebendo a denominação de *Cocos oleracea* (Mart.) (MARTIUS, 1826).

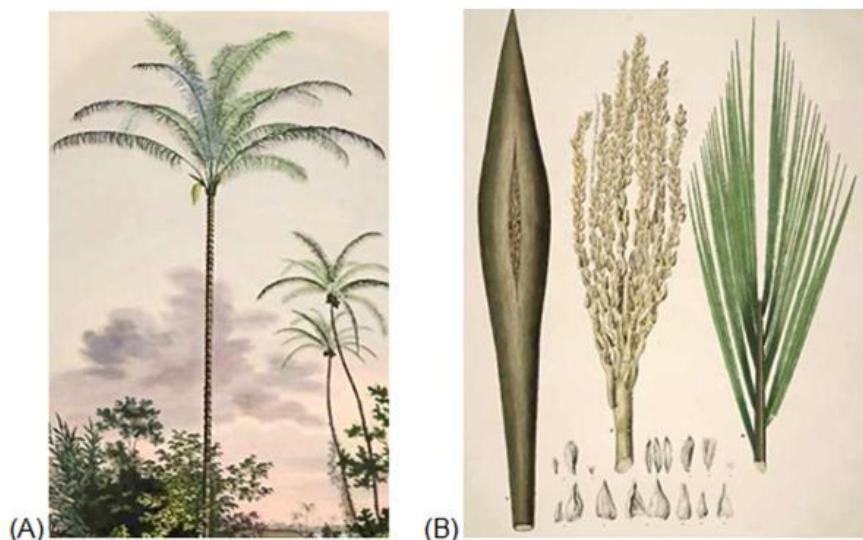


Figura 1: Primeiro registro visual da *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc., a qual foi denominada de *Cocos oleracea* (Mart.): (A) *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. em seu ambiente natural; (B) Estrutura reprodutiva e folha (MARTIUS, 1826).

Posteriormente, em 1916, a guariroba sofreu uma revisão taxonômica sendo inserida no gênero *Syagrus*, como *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. alterando ainda uma possível variedade descrita em 1881 (*Cocos oleracea* var *platyphylla* Drude), passando a se chamar *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. var. *platyphylla* (Drude) Becc. (MOBOT, 2007). Glassman e Gomes, realizando coletas em São Paulo, no ano de 1965, descreveram a guariroba com o nome de (*Syagrus gomesii* Glassman); quatro anos mais tarde, Glassman e Costa descreveram-na no estado do Pernambuco; já em 1988 e 1991, Noblick descreveu a espécie no estado da Bahia (MOBOT, 2007).

A nomenclatura vulgar (popular) recebida pela *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. varia de acordo com a região onde está inserida, recebendo os seguintes nomes: Guariroba, Gueroba, Gueiroba, Palmito-amargoso, Catolé, Coco-babão, Pati-amargoso, Coco-amargoso (LORENZI *et al.* 2004).

2.2.1.2 - Distribuição geográfica

A guariroba é considerada uma palmeira natural do Brasil possuindo seu centro de dispersão no Brasil Central e leste brasileiro (LORENZI *et al.* 2004), podendo ser encontrada mais frequentemente na região sul do Cerrado e na transição Cerrado – Mata Atlântica (CLEMENT *et al.* 2005).

O Cerrado vem passando por um avançado processo de fragmentação desde o lançamento do programa “marcha para o oeste” do governo federal, caracterizado por ocupações humanas desorganizadas associadas à expansão agrícola no Cerrado, fazendo com que pequenos e isolados fragmentos sejam os únicos representantes remanescentes da abundante diversidade vegetal nativa do Cerrado (TELLES *et al.* 2001; TELLES, 2005).

Esse processo desorganizado de fragmentação reduz tanto o tamanho das subpopulações de guariroba, quanto dos seus agentes polinizadores (responsáveis pelo aumento na intensidade da deriva genética), a qual deve estar contribuindo para a redução do alcance do fluxo gênico entre as subpopulações. A preocupação com esse processo é que quanto maiores os danos à paisagem natural do Cerrado,

maiores serão os recursos despendidos para a conservação da variabilidade genética da espécie.

2.2.1.3. – Características morfológicas

A população da guariroba (Figura 2) no Estado de Goiás apresenta uma grande variabilidade com relação às características morfológicas (NASCENTE, 2003). De uma forma geral, a guariroba possui caule solitário do tipo característico de palmeiras (estipe) que pode alcançar uma altura de 5 a 20 metros e diâmetro aproximado de 15 a 30 cm (LORENZI *et al.* 2004), sendo resistente, apresentando medula central esponjosa envolta por um anel de proteção fibroso que se liga ao tecido vascular, não possuindo o câmbio (MELO, 2000).

As folhas são verde-escuras variando em número de 15 a 20 que podem atingir 3 metros de comprimento, apresentando de 100 a 200 folíolos (LORENZI *et al.* 2004).

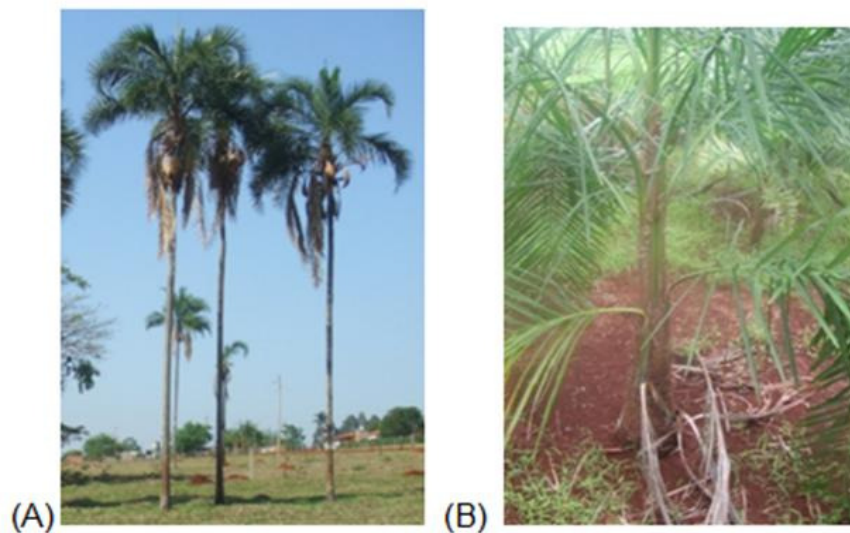


Figura 2: Guariroba (A) com \pm 20 anos de idade; (B) com \pm 2 anos de idade.

As inflorescências (Figura 3) são do tipo paniculado ou racemo axilar, sendo as brácteas denominadas de espádice, apresentando ráquis, ráquila. A flor é

pequena unissexuada e em grande quantidade (MELO, 2000). Os cachos apresentam comprimento de 20 a 40 cm, com produção variando entre 60 a 120 frutos por cacho.

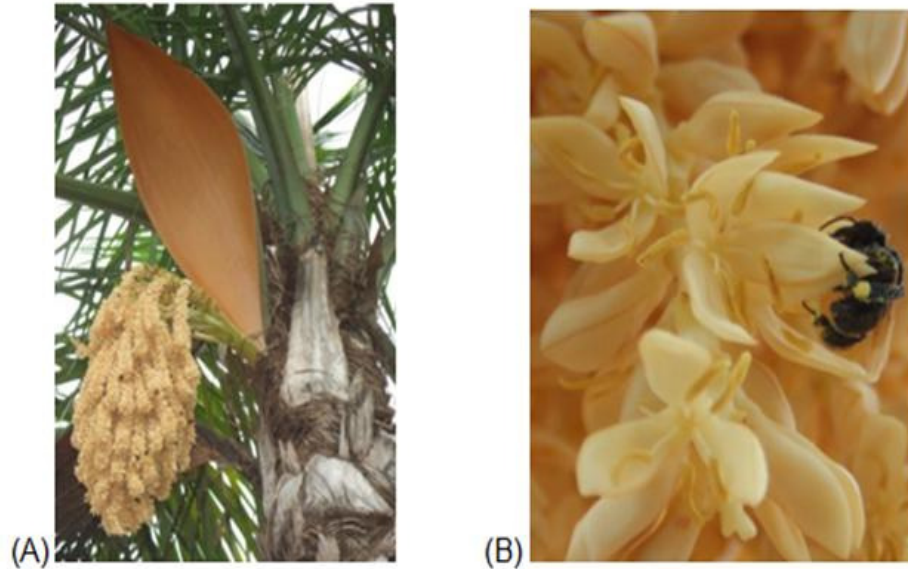


Figura 3: (A) Inflorescências de guariroba; (B) Flores masculinas.

Segundo Melo (2000), o fruto é uma drupa constituída por: epicarpo (casca verde amarelada); mesocarpo (carnoso, amarelado, fibroso); endocarpo (espesso, lignificado, celulósico, muito duro, de formato ovóide, impermeável, de cor marrom, com três poros tendo somente um funcional, com diâmetro variando entre 0,5 a 2,0 mm, que é utilizado para trocas gasosas, entrada de água e saída do embrião).

A semente (coquinho ou amêndoa) da guariroba está inserida dentro do fruto que apresenta um tegumento amarronzado. Este envolve o endosperma sólido, branco, oleoso, carnoso, com cavidade interna, onde o embrião está inserido. O embrião é de coloração branca, cilíndrico, com comprimento e diâmetro médios de 2,5 e 1,2 mm, respectivamente, e uma extremidade direcionada para o poro funcional de germinação (MELO, 2000).

A massa e o tamanho das sementes são variados (Figura 4). A massa varia de 10,1 a 60g apresentando em média $33,81 \pm 3,2g$, sendo de 19 a 62 sementes por quilograma (NASCENTE *et al.* 2000).



Figura 4: Variação do tamanho e forma das sementes de guariroba obtidas no município de Jataí – GO; (A) sementes com epicarpo e (B) sementes sem epicarpo e mesocarpo.

A propagação da guariroba é realizada por meio de sementes (coquinhos) que devem ser colhidas maduras, o que, segundo Bovi (1998), ocorre durante os meses de agosto a fevereiro tendo uma melhor viabilidade entre os meses de setembro a outubro. Para Santelli (2005), a coleta dos coquinhos deve ser realizada quando estes apresentam em sua coloração pequenas rajadas amarelas. As sementes apresentam curvas de concentração de CO_2 e O_2 na atmosfera interna indicando que é um fruto climatérico e, apresentam condutividade ao vapor d'água semelhante à superfície de folhas de árvores (SANTELLI, 2005).

A raiz origina-se na base do estipe que é do tipo fasciculada, tendo ramificações primárias e secundárias, sendo cilíndrica e espessada (ALVES & DEMATTÊ, 1987).

2.2.1.4 – Características do palmito

O palmito é constituído basicamente pelo meristema apical. Sua estrutura corresponde a um número variável de folhas internas, parcialmente desenvolvidas. O coração é constituído pela região tenra situada abaixo do meristema apical. Tanto o palmito quanto o coração são envolvidos e protegidos pela bainha das folhas externas (FERREIRA, 1982; DINIZ & SÁ, 1995; ANDRADE & PEREIRA, 1997; LIMA *et al.* 1999; VEJA *et al.* 2004).

A porção denominada de coração não existe no palmito do gênero *Euterpe* (Açaí e Jussara), mas é encontrado no gênero *Bactris* (Pupunha) e no gênero *Syagrus* (Guariroba) (CARNEIRO *et al.* 2003; YUYAMA *et al.* 2005).

O palmito da guariroba é caracterizado principalmente pelo seu sabor amargo que é obtido pela ação de compostos fenólicos e por apresentar teores de vitamina “C” superiores aos encontrados no gênero *Euterpe* (Açaí e Juçara) (FERREIRA, 1982). Com relação à textura, é menos firme que os palmitos do gênero *Euterpe* (Açaizeiro e Juçara) e *Bactris* (Pupunha) (MELO, 2000).

Energeticamente, o palmito e o coração apresentam valores alimentícios baixos que variam de 3,437 a 3,664 Kcal/g, respectivamente (FERREIRA, 1982; MONTEIRO *et al.* 2001;). A composição mineral contida em 100 g de guariroba é de: 5,56 g de proteínas; 0,04 mg de cálcio; 0,19 mg de fósforo e 0,19 mg de ferro (DINIZ & SÁ, 1995).

2.2.1.5 – Importância econômica

O palmito é uma iguaria fina, valiosa e de grande aceitação no mercado tanto no Brasil como no exterior (LIMA *et al.* 1999). Varias espécies de arecaceas podem fornecer palmito de boa qualidade que se diferenciam pela precocidade, cor e pelos sabores distintos.

A guariroba sendo a única com palmito de sabor amargo entre as arecaceas cultivadas (MELO, 2000) possui mercado garantido na região central do Brasil.

O cultivo da guariroba oferece boas perspectivas para a melhoria da renda dos pequenos produtores, permitindo o estabelecimento de pequenas agroindústrias nas propriedades (MELO & GUIMARÃES, 2003; FERNANDES *et al.* [s.d]) e disponibilizando os seus subprodutos (folhas, bainhas, estipe) para serem utilizados na alimentação animal, reduzindo os gastos com ração no período da seca (OLIVEIRA *et al.* 2004; FERNANDES *et al.* [s.d]).

O sistema de produção da guariroba apresenta elevada relação de custo/benefício, sendo que na aplicação de cada real obtém-se em média um retorno de R\$ 8,33 reais (AGUIAR *et al.* 1996; AGUIAR & ALMEIDA, 2000;).

O cultivo desta arececea vem ganhado espaço na agricultura goiana: em 1996, possuía uma área plantada de 2.000 ha passando para 4.500 ha em 1999 (NASCENTE *et al.* 2000). As principais cidades goianas produtoras de palmito proveniente da guariroba, com suas respectivas produções e áreas plantadas são: Goiás com 180 ha, 4.500 t; Aurilândia com 120 ha, 1.200 t e Rio Verde com 70 ha, 270 t (IBGE, 2005).

De acordo com os estudos de Nunes *et al.* (2007), há uma tendência ao regionalismo em relação as preferências para as características de tamanho, coloração e teor de amargo do palmito proveniente da guariroba. No município de Jataí – GO, os consumidores preferem a parte comestível do palmito também denominada de cabeça, com tamanho variando entre 50 a 80 cm, de coloração branca e com sabor bem amargo; já para o município de Ribeirão Cascaleira – MT, os consumidores preferem uma cabeça com tamanho variando entre 30 a 50 cm, apresentando coloração amarelada e com sabor meio amargo.

2.2.1.6 – Características genéticas

O número de cromossomos que o material genético da guariroba e de outras arececeas pertencentes ao gênero *Syagrus* possuem é de 32 ($2n = 32$) (LAM *et al.* 1997), sendo o mesmo número cromossômico do Coqueiro (*Cocos nucifera* L.) (DAHER *et al.* 2002) e diferente das espécies *Euterpe edulis* (Mart.) e *Bactris gasipaes* (Kunth) que apresentam $2n = 36$ e $2n = 30$ cromossomos respectivamente (LAM *et al.* 1998).

A guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.) pode cruzar com o Licuri (*Syagrus coronata* (Mart.) Becc.) gerando o híbrido *Syagrus costae* Glassman e, também pode cruzar com o Jerivá (*Syagrus romanzoffiana* (Chama.) Glassman) formando o híbrido *Syagrus teixeriana* Glassman (LAM,1998). O número de cromossomos e a fórmula cariotípica dos parentais e dos respectivos híbridos estão contidos no Quadro 1.

Com relação a fórmula cariotípica tanto a *Syagrus costae* quanto a *Syagrus teixeriana* apresentam-se diferentes das de seus parentais, sendo a *Syagrus*

teixeriana a mais contrastante por não apresentar cromossomos telocêntricos como as demais espécies do gênero *Syagrus* (LAM, 1998).

Quadro 1: Número de cromossomos e fórmulas cariotípicas dos parentais e de seus respectivos híbridos dentro do gênero *Syagrus* segundo Lam (1998).

N. Popular	Nome Científico	2n	Fórmula Cariotípica*
Guariroba	<i>Syagrus oleracea</i> (Mart.) Becc.	32	7m + 7sm + 1st + 1T
Jerivá	<i>Syagrus romanzoffiana</i> (Cham.)	32	11m + 2st + 3T
Licuri	<i>Syagrus coronata</i> (Mart.) Becc.	32	10m + 5sm + 1T
-	<i>Syagrus teixeriana</i> (Guariroba x Jerivá)	32	11m + 5sm
-	<i>Syagrus costae</i> (Guariroba x Licuri)	32	12m + 1sm + 3T

*: Metacêntrico (m), Submetacêntrico (sm), Subtelocêntrico (st), Telocêntrico (T).

Com base na matriz de distâncias euclidianas obtidas por Lam (1998) em estudos dos cariótipos (Quadro 2), pode-se concluir que a guariroba está situada mais próxima do *Syagrus romanzoffiana* e mais distante do híbrido *Syagrus teixeriana*.

Quadro 2: Matriz de Distâncias Euclidianas obtidas por Lam (1998).

	<i>S. romanzoffiana</i>	<i>S. coronata</i>	<i>S. teixeriana</i>	<i>S. costae</i>
<i>S. oleracea</i>	1,86	2,21	3,24	2,48
<i>S. romanzoffiana</i>	-	2,63	2,21	2,23
<i>S. coronata</i>	-	-	4,09	3,27
<i>S. teixeriana</i>	-	-	-	2,16

De acordo com os estudos realizados por Sawazaki *et al.* (1998) utilizando marcadores moleculares RAPD, concluiu-se que a guariroba está mais ligada geneticamente ao gênero *Euterpe* apresentando coeficientes de similaridade que variam de 0,11 a 0,34; enquanto o gênero *Bactris* está mais distante por apresentar coeficientes menores de similaridade 0,07.

2.3 – Marcadores moleculares

Marcador molecular é definido por Ferreira & Grattapaglia (1998) como sendo todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso, como isoenzimas, ou de um segmento específico de DNA que pode ser ou não uma região expressa do genoma.

Os marcadores moleculares dão acesso ao genótipo e a variabilidade do DNA nas plantas, apresentando a vantagem de identificar o polimorfismo em qualquer estágio de desenvolvimento (BICALHO, 2006) e não serem influenciados pelas condições ambientais.

Atualmente, são muitos os tipos de marcadores moleculares utilizados, podendo citar: Proteínas, Isoenzimas, RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), SCAR (Sequences Characterized Amplified Regions), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), microssatélites e muitos outros (FALEIRO, 2007).

A síntese enzimática de milhões de cópias de um segmento específico de DNA só foi possível com o surgimento da técnica da Reação em Cadeia da DNA Polimerase (PCR), criada em meados da década de 80 promovendo uma verdadeira revolução nas técnicas de biologia molecular (SILVA, 2006). A automatização da PCR só foi possível graças a Saiki *et al.* (1988) que realizou o isolamento da enzima DNA polimerase (*Taq* polimerase) proveniente da bactéria termofílica *Termus aquaticus* que vive em fontes termais.

A DNA polimerase é uma enzima termoestável encontrada sob a forma modificada geneticamente denominada AmpliTaqTM. Esta enzima tem função polimerásica no sentido 5`- 3` a uma temperatura que varia de 70 a 80 °C e apresenta uma alta taxa de processamento que pode atingir até 150 bases/segundo/mol, possuindo vida média de 40 minutos a uma temperatura de 95 °C sem ser desnaturada (SAWAZAKI, 1995).

A PCR consiste na síntese enzimática “*in vitro*” de cópias de um segmento específico de DNA utilizando um par de inicializadores (*primers*) na presença da enzima DNA polimerase (SOUSA, 2004). Basicamente, um ciclo de PCR envolve três etapas: desnaturação, anelamento e extensão, que apresentam,

respectivamente, as seguintes variações de temperatura: 92 °C a 95 °C, 35° a 60 °C e 75 °C (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

De acordo com Schuster (2004), são produzidos três tipos de fragmentos durante a amplificação do DNA: 01 – fragmentos que contém uma fita original do genoma completo e outra fita que tem seu início no sítio de anelamento do primer, ultrapassando o de outro primer; 02 – fragmentos que iniciam no sítio de anelamento do primer e ultrapassa o sítio de anelamento de outro primer; e 03 – fragmento-alvo. Expressando de forma matemática, pode-se concluir que após o terceiro ciclo da PCR obtém-se a produção de: 2 fragmentos do tipo 01; $2(n-1)$ fragmentos do tipo 02; e $2^n - [2 + 2(n-1)]$ fragmentos do tipo 03, para cada molécula original, sendo que (n) é o número de ciclos da PCR. Após 20 ciclos da PCR é produzido mais de um milhão de cópias da sequência alvo.

Os *primers* são sequências curtas de DNA (oligonucleotídeos de 10 a 30 pb) que possuem capacidade de parearem com o DNA-molde e conterem uma extremidade 3`- OH livre, que possibilita a síntese da sequência complementar ao DNA-molde, que é realizada através da ação da enzima DNA polimerase, em um meio contendo deoxinucleotídeos (SAWAZAKI, 1995; YOTOKO, 1998; ANCHORENA-MATIENZO, 2002).

Para Sawazaki (1995), o polimorfismo de marcadores moleculares através da PCR depende de alterações nos sítios de ligação do primer, que podem ser por meio de inserção, deleção ou da amplitude da variação do número de repetições de sequência de bases repetitivas.

2.3.1 - Marcadores moleculares em arecaceas

Os marcadores moleculares têm sido indicados como os mais adequados nos estudos de diversidade genética em arecaceas (MARTINS *et al.* 2003), possibilitando a diferenciação entre gêneros, espécies, ecotipos e híbridos (SAWAZAKI *et al.* 1998).

Os estudos utilizando marcadores moleculares em areceas iniciaram-se em meados da década de 80 com as pesquisas de Ghesquiére, que utilizou isoenzimas com o intuito de caracterizar o Dendê (*Elaeis guineensis* (Jacq.)).

Nas pesquisas subsequentes, os pesquisadores seguiram a mesma linha de trabalho, ou seja, a caracterização de populações naturais ou de bancos ativos de germoplasma quanto a cruzamentos, endogamia, parentesco, origem, identificação e variabilidade genética de populações.

A utilização da técnica de RAPD para estudos de diversidade genética em areceas foi realizada primeiramente por Shah no ano de 1994, com a espécie *Elaeis guineensis* (Dendê), no continente Africano. Já no Brasil, as pesquisas iniciaram-se em meados da década de 90 com o trabalho de Sawazaki (1995) que caracterizou a diversidade genética de sete espécies de areceas, sendo uma delas a *Syagrus oleracea* (Guariroba). Após os estudos realizados por Sawazaki em 1995, a guariroba não sofreu nenhum estudo adicional utilizando marcadores moleculares que pudessem quantificar a variabilidade genética contida nesta espécie.

Desde a publicação do primeiro trabalho científico utilizando marcadores moleculares, 25 anos se passaram e é possível verificar que pelo menos 50 trabalhos foram realizados abordando 18 espécies de areceas, utilizando-se apenas cinco tipos de marcadores moleculares (Isoenzimas, RFLP, AFLP, RAPD e Microssatélites), sendo que 44%, 30%, 17%, 7%, e 3% das espécies foram analisadas molecularmente por RAPD, Isoenzimas, Microssatélites, RFLP e AFLP, respectivamente.

Dentre as 18 espécies estudadas por meio dos marcadores moleculares as mais estudadas foram: *Cocos nucifera* L. (Coqueiro Gigante) e a *Bactris gasipae* (Pupunha) sendo foco de estudo em 16 e 13 trabalhos, respectivamente. Com relação ao número de marcadores utilizados em cada espécie merece destaque a *Bactris gasipae* (Pupunha) e *Elaeis oleifera* (Dendê-do-Pará) em que foram utilizados quatro tipos de marcadores. Ainda em termos de uso de marcadores, segue na sequência *Elaeis guineensis* (Dendê), *Euterpe edulis* (Juçara), *Euterpe oleracea* (Açaí) e *Phoenix dactylifera de fênix* L (Tamareira) nos quais foram testados três tipos de marcadores moleculares.

Na espécie *Syagrus* foram estudadas somente a *Syagrus oleracea* Mart. (Guariroba) e a *Syagrus romanzoffiana* (Jerivá) nas quais foram testados somente dois marcadores moleculares (Isoenzimas e RAPD). A *Syagrus oleracea* Mart. foi inicialmente estudada por Sawazaki *et al.* (1998) com o objetivo de caracterizar através das técnicas de Isoenzimas e RAPD as palmeiras do IAC. Em contra partida, a *Syagrus romanzoffiana* foi estudada por Negrão (1999) que utilizou Isoenzimas para estudar a “Estrutura Genética de populações naturais de *Syagrus romanzoffiana* do continente (Serra do Mar, S.P) e da ilha dos alcatrazes”, e por Leite (2001) que utilizou marcadores RAPD para avaliar a diversidade genética de acessos de Jerivá provenientes de seis regiões do estado de Minas Gerais.

2.3.2 RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

A PCR para certos tipos de análises apresenta um grande fator limitante: o uso em larga escala requer o conhecimento prévio das duas extremidades da sequência de DNA que se deseja amplificar (SILVA, 2006). Devido a este fato, a técnica da PCR sofreu uma alteração em seu protocolo no início da década de 90, surgindo o marcador *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) ou Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso.

A técnica RAPD é basicamente uma reação de PCR que envolve a amplificação simultânea de vários locos anônimos do genoma utilizando um *primer* curto com 10 nucleotídeos de sequência conhecidas, mas arbitrária (SILVA, 2004). A combinação dos dez nucleotídeos possibilita a síntese de 5.040 *primers*, combinando aleatoriamente os quatro nucleotídeos em sequências aleatórias de 10 (SCHUSTER, 2004).

Para se obter uma uniformidade na temperatura de anelamento, Sawazaki (1995) afirma que os *primer's* devem conter proporções similares de guanina (G) e citosina (C) variando entre 50% e 80% e estrutura secundária mínima para evitar a auto-complementação e ainda a concentração dos quatro dNTPs deve ser a mesma para não ocorrer o desbalanceamento nucleotídico.

A detecção da amplificação é feita, normalmente, em géis de agarose separados por eletroforese em meio semi-sólido, corados com brometo de etídio e com posterior visualização sob luz ultravioleta (BICALHO, 2006).

De acordo com Lacerda (2002), a quantidade de fragmentos que podem ser produzidos durante uma análise genética utilizando a técnica RAPD varia de acordo com a quantidade de *primer's* que serão utilizados, assim, o “perfil RAPD” será formado pelo conjunto de todas as amplificações dos diferentes *primer's* utilizados durante as análises. Em média, cada *primer* deve produzir cerca de 8 bandas, sendo que cada *primer* decâmero deve encontrar um sítio de anelamento a cada 410 pb e, para que uma região seja amplificável, o *primer* deve encontrar dois sítios em sentidos opostos, em um intervalo máximo de 5.000 pb, gerando uma probabilidade de $(4,5 \times 10^{-9} \times G)$ (SCHUSTER, 2004).

Os marcadores RAPD são dominantes ao nível de fenótipo, ou seja, o fenótipo eletroforético, onde pode se identificar a presença ou ausência de uma determinada banda, que é caracterizado pelo fato de um indivíduo heterozigoto para um determinado loco não ser distinguido de um indivíduo homozigoto para o alelo amplificado (SILVA, 2006).

O polimorfismo na técnica RAPD tem natureza binária, ou seja, pode ser detectado pela visualização (presença) de uma banda em uma amostra e da ausência da banda em outra amostra (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998; LACERDA *et al.* 2002). Já as bandas de tamanho distinto são consideradas como sendo locos diferentes.

Bicalho (2006) afirma que o primeiro passo para a utilização desta técnica é a seleção dos *primer's* a serem utilizados, levando em conta a seguinte ordem: revelar diferenças, produzir bandas bem definidas e favorecer um padrão reproduzível.

Os marcadores RAPD fazem uma amostragem arbitrária do genoma e têm a capacidade de gerar um número ilimitado de “loci” ou “marcas” específicas em populações, raças ou espécies, viáveis em análises genéticas (YOTOKO, 1998; SILVA, 2006). Além disso, o RAPD amplifica regiões repetitivas do genoma nuclear como regiões não codificadoras, as quais acumulam uma grande quantidade de mutações que ocorrem em um pequeno intervalo de tempo quando comparadas com as regiões codificadoras que demoram a fixar uma mutação (YOTOKO, 1998).

Contudo, a técnica de RAPD é polimórfica e de menor custo quando comparada com outros marcadores moleculares por possuir menor número de etapas, necessitar de pouca quantidade de DNA por reação (cerca de 10 a 25 ng), possuir isenção dos efeitos ambientais e consumir um reduzido período de tempo para se obter os resultados que são de grande validade prática (WADT, 1997; LACERDA, 2002; SILVA, 2004; FALEIRO, 2007).

2.4 – Divergência genética por análise multivariada

A diversidade genética entre genótipos pode ser estudada por meio de marcadores moleculares e bioquímicos, entretanto a variabilidade fenotípica só pode ser obtida por caracteres morfológicos, botânicos e agrônômicos (GOMES, 2007) avaliados por meio da estatística multivariada.

Com o advento dos recursos computacionais, a metodologia de análise multivariada tem sido amplamente utilizada (RIBEIRO, 1993), embora se devam a Francis Galton (1983) as primeiras análises utilizando a estatística multivariada.

A estatística multivariada tem a capacidade de estudar todos os descritores como um conjunto sinérgico, oferecendo a maneira mais adequada de selecionar descritores morfológicos (MARTEL, 2002) apropriados para se obter a variabilidade entre os acessos, utilizada também para se estimar a dissimilaridade entre eles. Segundo Ribeiro (1993), a eficiência da análise multivariada depende da quantidade de variação que os descritores selecionados consigam explicar em relação a variabilidade existente nos descritores originais.

As informações fornecidas pela análise multivariada são de fundamental importância em estudos de caracterização de germoplasma e no melhoramento genético, principalmente quando se considera a hipótese de que quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as possibilidades de se ter a ocorrência de heterose (MARTEL, 2002).

Em areceas, o emprego da estatística multivariada teve início com o trabalho de Ribeiro *et al.* (1999) que analisou se as populações de Coqueiro Gigante do Nordeste brasileiro pertenciam ao mesmo conjunto gênico, chegando a

conclusão de que uma das populações, chamada de Santa Rita, era a mais divergente geneticamente, principalmente em relação à população de Merepe; enquanto as populações de São José do Mipibu e de Praia do Forte apresentaram-se mais similares.

Na pupunha, Martel (2002) com o auxílio da estatística multivariada conseguiu, com apenas 15 descritores morfológicos, diferenciar bem as três morfologias de pupunha.

Para o Açaí, Oliveira *et al.* (2007) quantificaram a variabilidade genética do banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, obtendo agrupamentos consistentes dos acessos pelos métodos de agrupamento UPGMA e de Tocher.

O trabalho mais importante com análise multivariada com a guariroba foi realizado por Nunes (2007) que conseguiu comprovar estatisticamente a ocorrência de variabilidade do sabor amargo no palmito. Este estudo abriu inúmeras perspectivas para futuros trabalhos de melhoramento visando a produção de palmito com diferentes “teores” de amargo.

2.4.1 – Análise de agrupamento

As técnicas de agrupamento são utilizadas para reunir acessos por meio de algum critério que apresente similaridade no padrão de comportamento em relação a um conjunto de variáveis (CRUZ, 2006).

Os critérios de agrupamento podem variar de método para método, mas, no geral, o princípio de estabelecer grupos em que a homogeneidade seja maior que a existente entre grupos é mantido.

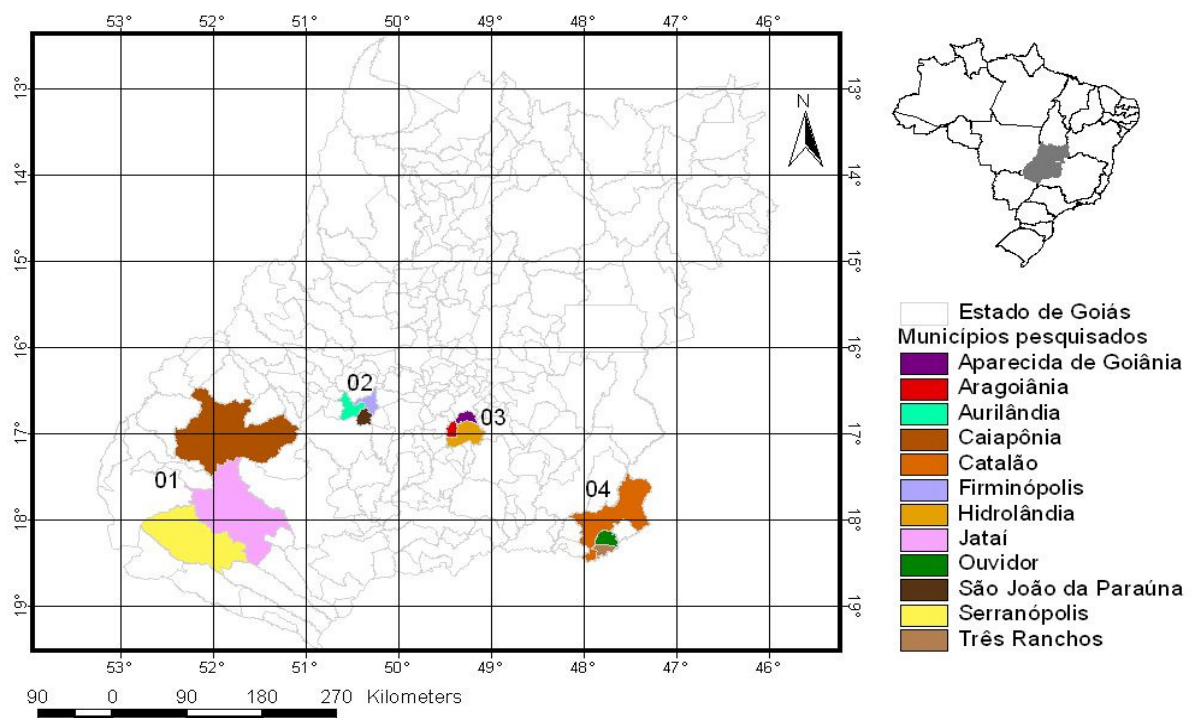
Segundo Gomes (2007), a principal utilidade da análise de agrupamento ocorre quando se utiliza uma grande quantidade de dados, os quais são transformados em pequenos subconjuntos de fácil interpretação e manipulação.

O método de Otimização (Tocher) permite o estabelecimento de grupos seguindo a premissa de manter a distância média intra grupo sempre inferior a qualquer distância inter grupo (CRUZ, 1990). Esta metodologia foi utilizada na espécie *Syagrus*, por Leite (2001) e Nunes (2007).

Nos métodos hierárquicos, os acessos são agrupados por um procedimento que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma. Dentre as várias metodologias disponíveis a que é mais utilizada para evidenciar as distâncias genéticas obtidas por marcadores moleculares e morfológicos é a de média aritmética entre pares não-ponderados ou UPGMA “unweighted pair-group means arithmetics” (MOURA, 2003). Esta metodologia foi utilizada na espécie *Syagrus*, por Sawazaki *et al.* (1998) e Leite (2001).

3 - MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização deste trabalho foram avaliadas 36 procedências de guariroba, oriundas de 12 municípios do Estado de Goiás divididos em quatro regiões (Figura 5). Dentro de cada município foram avaliadas três propriedades escolhidas ao acaso e analisadas três plantas de forma casualizada em cada uma delas. Cada planta dentro da propriedade foi considerada uma repetição, utilizando-se o delineamento inteiramente casualizado.



Fonte: IBGE, 2008.

Organizado por: MARTINS, A. P./2009.
Laboratório de Geoinformação, UFG/Jataí

Figura 5: Mapa do Estado de Goiás indicando a área territorial dos grupos de municípios onde foram realizadas as avaliações das procedências de guariroba. As regiões foram compostas pelos municípios: Região 01 (Jataí, Caiapônia, e Serranópolis), Região 02 (Aurilândia, Firminópolis, e São João da Paraúna), Região 03 (Aparecida de Goiânia, Aragoiânia, e Hidrolândia), e Região 04 (Catalão, Ovidor, e Três Ranchos).

No Quadro 3 encontram-se as quatro regiões onde foram coletados os acessos. As quatro regiões foram selecionadas através de sorteio, sendo os municípios utilizados para discriminar as regiões, os mesmos utilizados por Aguiar & Almeida (2000).

Quadro 3: Descrição dos pontos de coleta dos acessos de Guariroba.

Região	Cidade	Procedências	GPS			
			UTM	W	S	Altitude
1	Jataí	1	22	425344	8022760	655
		2	22	406254	8057940	811
		3	22	431666	8024673	761
	Serranópolis	4	22	402755	7987996	823
		5	22	400494	7978362	788
		6	22	398647	7975232	736
	Caiaipônia	7	22	408914	8113955	715
		8	22	422357	8144140	674
		9	22	413387	8126324	716
2	Aurilândia	10	22	559023	8157883	584
		11	22	557153	8155950	515
		12	22	557248	8155271	474
	Firminópolis	13	22	576130	8166645	660
		14	22	575222	8167061	702
		15	22	570490	8169887	614
	São João da Paraúna	16	22	562959	8141900	565
		17	22	562920	8141110	594
18		22	562877	8140334	620	
3	Aragoiânia	19	22	665207	8119080	839
		20	22	666244	8120605	819
		21	22	667148	8121162	814
	Hidrolândia	22	22	686541	8122287	862
		23	22	680600	8119924	852
		24	22	681030	8118415	831
	Aparecida de Goiânia	25	22	674152	8138597	847
		26	22	684616	8144012	764
27		22	684198	814381	785	
4	Catalão	28	22	816830	7976278	798
		29	23	184953	7981755	837
		30	23	192284	7983362	762
	Ouidor	31	23	200387	7983839	820
		32	23	200343	7982633	825
		33	23	203881	7986062	826
	Três Ranchos	34	23	206051	7967328	718
		35	23	205996	7967417	703
		36	23	206160	7967035	735

3.1 – Coletas dos acessos

Os acessos analisados constavam de plantas adultas (plantas em pleno estágio reprodutivo e com no mínimo 6 metros de altura). Para analisar as características morfológicas de cada acesso foi confeccionado um passaporte com 18 descritores (Quadro 4).

Quadro 4: Descritores morfológicos utilizados na caracterização da guariroba.

NFV	Número de folhas vivas	Contagem de todas as folhas completamente abertas, desconsiderando a folha flecha.
NFLDF	Número de folíolos do lado direito da folha	Contagem de todos os folíolos.
NFLEF	Número de folíolos do lado esquerdo da folha	Contagem de todos os folíolos.
CF	Comprimento da folha	Mensurado do início da folha até o último folíolo (cm).
DCF	Diâmetro central da Folha	Avaliado na posição média da folha.
DIBF	Diâmetro inicial da bainha foliar	Avaliado na posição anterior ao primeiro folíolo da folha.
CFC	Comprimento do folíolo central	Mensurado, da base da inserção até a extremidade do folíolo do lado direito da folha.
DFC	Diâmetro do folíolo central	Medida feita na posição central do folíolo, do lado direito da folha.
D0	Diâmetro do estipe no nível do solo	Medido no nível do solo.
D50	Diâmetro do estipe a 50cm	Medido a 50 cm do solo.
D100	Diâmetro do estipe a 100cm	Medido a 100 cm do solo.
A7A	Altura da inserção do 7º anel	Determinada pela medição da base da planta até o centro do 7º anel.
E70	Espessura do 7º anel a 0°	Determinada na região mais estreita do 7º anel.
E7180	Espessura do 7º anel a 180°	Determinada, no local situado a 180° do D70
ENS70	Espessura do nó superior ao 7º anel a 0°	Determinada na região mais estreita do nó superior ao 7º anel.
ENS7180	Espessura do nó superior ao 7º anel a 180°	Determinada, no local situado a 180° do DNS70.
ENI70	Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0°	Determinada na região mais estreita do nó inferior ao 7º anel.
ENI7180	Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180°	Determinada no local situado a 180° do DNI70.

Para a caracterização molecular foram coletados trinta folíolos da folha de guariroba estando todos em estágio intermediário de maturação; foram lavados com

água e enxutos com folhas de papel toalha para serem armazenados em envelopes devidamente identificados por dentro e por fora. Os folíolos dos acessos de guariroba foram enviados para o laboratório de genética molecular da Universidade Federal de Goiás - Campus Jataí (UFG/CAJ), onde foram armazenados em freezer (- 20 °C), até o momento de ser realizada a extração do DNA.

3.2 – Análise de variância univariada

Efetou-se a análise de variância com estimação dos quadrados médios de cada característica morfológica avaliada. Foi verificada a significância das mesmas pelo teste de F e, para aquelas que apresentaram variabilidade entre os acessos os mesmos foram agrupados pelo teste de Scott e Knott.

3.3 – Análise multivariada

Para a quantificação da divergência fenotípica entre as 36 procedências realizou-se análises multivariadas, estimando as distâncias de Mahalanobis, como medida de similaridade genética, análise por variáveis canônicas e agrupamento das procedências pelo algoritmo de otimização de Tocher.

3.3.1 – Distância de Mahalanobis

Foi obtida a partir das médias dos acessos avaliados nas diferentes procedências para todos os descritores morfológicos e da matriz de variâncias e covariâncias residuais conforme descrito por Cruz, 2006.

3.3.2 – Variáveis canônicas e descarte de variáveis

A partir da análise de variância multivariada obtiveram-se as matrizes de médias e a de dispersão relativa às 36 procedências. As variáveis canônicas permitem resumir as “n” variáveis a um novo conjunto, que são combinações lineares das variáveis originais e que não apresentam correlação entre si.

A identificação dos descritores redundantes foi realizada por meio da metodologia proposta por Jolliffe (1973), sendo indicado para descarte todo descritor que apresentou maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor) na variável canônica de autovalor menor, partindo-se da última variável até aquela que seu autovalor não excedeu 0,70.

Para auxiliar na decisão de descarte foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre todos os descritores a fim de verificar a associação entre os descritores descartados e os remanescentes. A significância do coeficiente de correlação foi verificada pelo teste de t. Em seguida realizou-se o teste de multicolinearidade entre os descritores selecionados e os descartados.

Após o descarte das variáveis redundantes procedeu-se a realização de uma nova análise para se identificar quanto da variação total estava diluída nas três primeiras variáveis canônicas.

3.3.3 – Análise de agrupamento

A análise de agrupamento foi processada em duas fases. Na primeira foi estimada a medida de dissimilaridade entre os acessos utilizando a distância de Mahalanobis e, na segunda, empregou-se a técnica de identificação e agrupamento dos mesmos pela similaridade.

Determinada a matriz de dissimilaridade entre as procedências foram definidos os agrupamentos pelo algoritmo de otimização de Tocher. Neste método apresentado por Rao (1952), as médias das distâncias intra grupos são sempre inferiores às distâncias médias intergrupos, formando-se assim grupos exclusivos. A

distância intra grupo corresponde à média das distâncias entre os pares de procedências que constituem o grupo. Já as distâncias intergrupos correspondem as médias das distâncias entre os pares de procedências pertencentes aos diferentes grupos.

As distâncias intergrupos fornecem informações importantes em relação a variação fenotípica que incide sobre eles.

3.3.4 Correlação fenotípica entre os caracteres estudados

As associações entre os dezoito descritores morfológicos foram analisadas através das estimativas dos coeficientes de correlação linear simples entre os 108 acessos estudados, utilizando o método de Pearson. Para tal, utilizou-se a seguinte expressão:

$$r_{(xy)} = \text{CÔV}(X, Y) / [\tilde{V}(X) \cdot \tilde{V}(Y)]^{1/2}$$

O nível de significância desses valores foi calculado pelo teste t (Steel & Torrie, 1960).

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2006).

3.4 – Caracterização molecular

3.4.1 – Material utilizado

Para a realização das análises moleculares utilizou-se dois acessos de cada uma das quatro regiões estudadas, totalizando oito acessos. Para a caracterização molecular as procedências utilizadas foram representadas por um indivíduo, ou seja,

foi utilizada somente uma planta por ponto de coleta. As procedências analisadas foram: 01, 03, 10, 14, 19, 20, 28 e 36.

3.4.2 - Extração do DNA

A metodologia utilizada para a extração do DNA dos folíolos de cada acesso foi o método CTAB com algumas modificações propostas por Faleiro *et al.* (2003).

A extração foi realizada a partir de aproximadamente 500 mg de tecido foliar, o qual foi macerado com nitrogênio líquido. Parte do macerado foi transferido para tubo de microcentrífuga de 2,0 ml, ocupando $\frac{1}{4}$ do seu volume. Em seguida, foi adicionado 800 μ l de tampão de lise constituído por Tris-HCl 100 mM, pH 8,0, EDTA 20 mM, CTAB (hexadecyltrimethylammonium bromide) 2,8% (p/v), NaCl 1,3 M, Polivinilpirrolidona 1% (p/v) e 2-mercaptoetanol 0,2% (p/v). O macerado foi misturado ao tampão de lise e os tubos foram mantidos em banho-maria (70 °C) por uma hora, sendo agitados a cada 10 minutos. Após a incubação foi realizada a desproteínização adicionando-se 700 μ l de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1 v/v). Posteriormente, as amostras foram agitadas, por suaves inversões, por 10 minutos e centrifugadas a 13.000 rpm por 10 minutos. O sobrenadante de cada amostra foi transferido para tubos de 2,0 ml limpos, adicionado 55 μ l de CTAB 7% (p/v) e o processo de desproteínização foi repetido.

3.4.3 – Quantificação do DNA

A quantificação do DNA foi estimada por espectrofotometria a 260 nm, na qual a relação A_{260}/A_{280} foi utilizada para avaliar a pureza, a concentração e a quantidade de DNA (Faleiro *et al.* 2003). Estes valores também permitiram a estimativa da quantidade de proteínas presentes em cada amostra.

3.4.4 – Reação de RAPD

A fim de avaliar a diversidade genética dos acessos, amostras de DNA de cada acesso foram amplificadas via PCR (Reação em cadeia da polimerase) para a obtenção de marcadores RAPD (Polimorfismo de DNA amplificado ao acaso). Os *primers* utilizados estão contidos no Quadro 5.

Quadro 5: *Primers* (Operon Technologies Inc.) testados nas ampliações de DNA de *Syagrus oleracea*.

Primer	5` para 3`
OPA – 01	CAG GCC CTT C
OPA – 04	AAT CGG GCT G
OPA – 05	AGG GGT CTT G
OPA – 08	GTG ACG TAG G
OPA – 09	GGG TAA CGC C
OPA – 11	CAA TCG CCG T
OPA – 18	AGG TGA CCG T
OPA – 19	CAA ACG TCG G
OPA – 20	GTT GCG ATC C
OPB – 02	TGA TCC CTG G
OPB – 03	CAT CCC CCT G
OPB – 04	GGA CTG GAG T
OPB – 05	TGC GCC CTT C
OPB – 06	TGC TCT GCC C
OPB – 07	GGT GAC GCA G
OPB – 08	GTC CAC ACG G
OPB – 14	TCC GCT CTG G
OPJ – 05	GTC CGG AGT G
OPJ – 19	GTG ACC GAG T
OPM – 02	ACA ACG CCT C
OPN – 02	TTC AGG GCA C
OPN – 05	ACT GAA CGC C
OPW – 01	CTC AGT GTC C
OPW – 05	GGC GGA TAA G

As reações de amplificação foram realizadas conforme a metodologia de Barros *et al.* (2005), em que se utiliza um volume total de 13 μL por reação, contendo: Tris-HCl (10 mM, pH 8,3), KCl (50 mM), MgCl_2 (3 mM), 100 μM de cada um dos desoxirribonucleotídios (dATP, dTTP, dGTP e dCTP); 0,4 μM de um primer decâmero (Operon Technologies Inc.), uma unidade da enzima Taq polimerase e, aproximadamente, 15 ng de DNA.

As amplificações foram realizadas em termociclador programado de acordo com Barros *et al.* (2005) para 40 ciclos, sendo cada um constituído pela seguinte sequência: 15 segundos a 94°C, 30 segundos a 35°C e 90 segundos a 72°C. Após os 40 ciclos, realizou-se uma etapa de extensão de 6 minutos a 72°C e, em seguida, reduziu a temperatura para 4°C.

Após a reação de PCR adicionou-se, a cada amostra, 3 μL da mistura de azul de bromofenol (0,25% p/v), glicerol (60% v/v) em água (com o intuito de auxiliar a visualização do andamento da corrida do DNA na eletroforese).

O volume total de cada amostra foi aplicado em gel de agarose (1,2%), corado com brometo de etídio (0,02 $\mu\text{g}/\text{ml}$), submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 Mm).

A separação eletroforética foi realizada durante três horas a 90 volts. Ao término da corrida, os géis foram fotografados sob luz ultravioleta (UV) para a visualização e caracterização das bandas de acordo com a presença ou ausência das mesmas.

3.4.5 – Análise estatística dos dados moleculares

3.4.5.1 – Análises moleculares

Após a leitura dos géis gerou-se uma matriz binária em que os indivíduos foram genotipados quanto a presença (1) e ausência (0) de bandas, sendo somente consideradas para análise as bandas com forte intensidade.

3.4.5.2 - Porcentagem de polimorfismo

Com a matriz de dados binários calculou-se a porcentagem de polimorfismo obtido com cada *primer* utilizando a seguinte expressão:

$$P = nbp / nbt$$

Onde:

P = porcentagem de polimorfismo (ou taxa de polimorfismo);

nbp = número de bandas polimórficas;

nbt = número de bandas totais.

3.4.5.3 - Coeficiente de similaridade (S_{ij})

A partir da matriz de dados binários utilizando o programa Genes (CRUZ, 2006) estimou-se as distâncias genéticas entre os diferentes acessos por meio do coeficiente de similaridade Nei e Li, conforme a expressão abaixo:

$$S_{ij} = 2a / (2a + b + c)$$

Onde:

a = número de casos em que ocorre a presença da banda em ambos os indivíduos, simultaneamente;

b = número de casos em que ocorre a presença da banda somente no indivíduo *i*;

c = número de casos em que ocorre a presença da banda somente no indivíduo *j*;

3.4.5.4 - Coeficiente de dissimilaridade

As similaridades foram transformadas em médias de distância genética (D_{ij}) pela seguinte equação:

$$D_{ij} = 1 - S_{ij}$$

A partir da distância de 1 menos a medida de similaridade foi confeccionada a matriz de dissimilaridade, a qual foi utilizada para construir um dendrograma através do método hierárquico aglomerativo da média aritmética entre pares não ponderados (UPGMA – *Unweighted Pair-Group Method Average*) utilizando o programa STATISTIC, versão 5.0.

3.4.5.5 - Bootstrap

Para se determinar o número mínimo de marcadores necessários para uma amostragem do genoma de guariroba foi estimado o coeficiente de variação associado ao número de bandas utilizado através do procedimento *bootstrap*, utilizando o programa Dboot desenvolvido por Coelho (2000) com 1000 permutações.

Os coeficientes de variação obtidos foram relacionados com o número de locos ajustando-se uma função potência. O ponto de curvatura máximo da função ajustada foi determinado quando o coeficiente de variação alcança-se 15%.

4 - RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 - Análise morfológica

4.1.1 - Estatística univariada

Os resumos das análises de variância para todos os descritores morfológicos utilizados são apresentados na Tabela 1. Foram detectadas diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F em dez descritores (NFV, CF, DIBF, CFC, DFC, D0, A7A, E70, E7180 e ENI7180) e ao nível de 5% somente em dois descritores (NFLDF e D100), evidenciando a variabilidade entre os acessos.

A variação do erro experimental contida nos 18 descritores morfológicos pode ser constatada por meio da análise dos coeficientes de variação (CV), os quais variaram de 8,84 a 42,95%. Pode-se verificar que os maiores coeficientes de variação estão associados às características que não apresentaram diferenças significativas pelo teste F, evidenciando que, para elas, as variações ao acaso foram mais evidentes.

O CV encontrado neste estudo é próximo do obtido por Ribeiro (1993), o qual obteve uma variação de 7,4 a 38,3% trabalhando com populações naturais de *Cocos nucifera* L. distribuídas em cinco regiões do nordeste brasileiro. Em virtude de ter sido usado nas análises dos descritores morfológicos da guariroba uma estrutura de delineamento inteiramente casualizado em que as plantas de um mesmo local foram escolhidas aleatoriamente, consideradas como uma procedência, pode-se afirmar que estes coeficientes apresentaram magnitudes relativamente baixas.

Tabela 1: Resumo das análises de variância obtidas para os 18 descritores morfológicos avaliados em 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.

FV	Quadrado Médio		Média Geral	Intervalo de variação	CV% exp.
	Acesso	Resíduo			
NFV	15,46**	5,52	11,19	5 a 21	20,99
NFLDF	389,96*	181,387	152,33	120 a 217	8,84
NFLEF	362,76	205,09	150,4	100 a 207	9,52
CF	0,26**	0,11	2,4	1,4 a 3,5	14,09
DCF	0,15	0,11	1,11	0,4 a 2,0	29,42
DIBF	1,46**	0,56	3,85	2,1 a 8,7	19,43
CFC	337,06**	134,81	54,68	25 a 105	21,23
DFC	0,587**	0,243	2,79	1,3 a 4,8	17,69
D0	68,23**	34,21	26,64	12,3 a 44,0	21,95
D50	23,54	13,52	19,225	11 a 32	19,12
D100	17,01*	8,24	16,35	8,5 a 26,3	17,56
A7A	635,87**	255,42	62,09	12,8 a 106,0	25,74
E70	19,31**	6,88	8,31	1,0 a 17,5	31,55
E7180	19,79**	8,09	9,55	2,2 a 20,0	29,77
ENS70	0,223	0,199	1,041	0,3 a 2,5	42,95
ENS7180	0,74	0,62	1,96	0,6 a 5,2	40,09
ENI70	0,195	0,157	1,03	0,4 a 2,9	38,46
ENI7180	0,67**	0,31	1,83	0,7 a 4,5	30,32

* e ** significativo pelo teste F ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

(NFV) Número de folhas vivas, (NFLD) Número de folíolos do lado direito, (NFLE) Número de folíolos do lado esquerdo da folha, (CF) Comprimento da folha, (DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (DFC) Diâmetro do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D50) Diâmetro do estipe a 50cm, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura da inserção do 7º anel, (E70) Espessura do 7º anel a 0º, (E7180) Espessura do 7º anel a 180º, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0º, (ENS7180) Espessura do nó superior ao 7º anel a 180º, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180º.

O NFV apresenta CV de 20,99%, superior aos resultados encontrados para o Açaí e na Palmeira Real por Bovi *et al.* (1990), Bovi *et al.* (2003) e Oliveira *et al.* (2007), os quais encontraram, respectivamente, 15%, 9,67% e 7,87% de coeficiente de variação. Este fato mostra que para este descritor, embora o erro experimental esteja acima dos valores encontrados para açaí e palmeira real, a guariroba apresenta grande variabilidade, pois existem diferenças significativas entre médias das procedências avaliadas conforme detectado na significância do teste F na análise de variância.

Com relação à morfologia da folha, os sete descritores (NFLDF, NFLEF, CF, DCF, DIBF, CFC e DFC) apresentaram coeficiente de variação oscilando de 8,84 a

29,42%. Verifica-se que, destes descritores apenas NFLEF e DCF não apresentaram significância a 5% na análise de variância, indicando que todos os acessos avaliados são iguais, assim, mostrando baixa variabilidade. Para os demais existe variabilidade entre as procedências avaliadas.

Quanto ao estipe foram avaliados diâmetro, altura do 7º anel e espessura do nó superior e inferior ao 7º anel. Pode-se verificar, pela análise de variância, que o diâmetro do estipe a 50cm, a espessura do nó superior ao 7º anel a 0º e a 180º e, a espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º não apresentaram diferença significativa, indicando que para estes caracteres todas as procedências avaliadas são estatisticamente iguais, ou seja, não há variabilidade para elas.

Para os 12 descritores morfológicos que apresentaram diferenças significativas (Tabela 1) as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott (Tabela 2). Pode-se notar que os descritores CF e D100 mesmo tendo apresentado significância na análise de variância, esta variabilidade não foi evidenciada pelo teste de agrupamento de Scott-Knott.

Analisando a forma de agrupamento das procedências pelo teste Scott-Knott em relação aos 10 descritores morfológicos (NFV, NFLDF, DIBF, CF, DFC, D0, A7A, E70, E7180 e EN1780) que apresentaram a formação de grupos, verifica-se a existência de variabilidade morfológica entre as procedências oriundas de um mesmo município.

As procedências 13, 14 e 15, naturais do município de Firminópolis, apresentaram divergência de agrupamento nos descritores DFC, D0, E7180 e EN7180, demonstrado uniformidade em 8 descritores o que não ocorre em outros municípios. Em contrapartida, as procedências 34, 35 e 36 (município de Três Ranchos) não apresentaram agrupamento similar das três procedências em nenhum dos descritores.

Salienta-se que no agrupamento pelo teste Scott-Knott, em todos os caracteres que tiveram a formação de grupos, apenas dois foram formados gerando um forte indício de similaridade genética entre as procedências em estudo. Ainda, neste sentido, verifica-se que as procedências pertencentes a um mesmo município estão agrupadas em grupos diferentes, o que possibilita afirmar que existe similaridade genética entre procedências nas diferentes regiões de estudo.

Tabela 2: Comparação de médias entre as 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.

Procedências	NFV	NFLDF	CF	DIBF	CFC	DFC
1	15,50 a	159,67 a	3,28 a	4,43 a	61,00 a	4,00 a
2	9,67 b	169,67 a	2,27 a	3,43 b	47,33 b	2,73 b
3	13,00 a	157,33 a	2,03 a	5,90 a	51,67 b	2,63 b
4	10,33 b	138,33 b	2,18 a	3,83 b	46,67 b	2,73 b
5	16,33 a	142,67 b	2,34 a	4,43 a	52,33 b	3,30 a
6	11,00 b	157,33 a	2,22 a	3,80 b	54,33 b	2,83 b
7	12,00 a	149,33 b	2,49 a	3,80 b	56,00 b	3,00 a
8	7,67 b	172,33 a	2,65 a	2,67 b	41,00 b	2,23 b
9	12,33 a	165,00 a	2,41 a	3,70 b	52,00 b	2,37 b
10	11,33 a	157,00 a	2,35 a	4,13 b	49,00 b	3,10 a
11	7,33 b	151,00 b	2,40 a	3,37 b	43,33 b	2,53 b
12	11,33 a	150,00 b	2,53 a	4,27 a	55,67 b	2,83 b
13	6,33 b	171,67 a	2,62 a	3,70 b	49,00 b	3,20 a
14	11,00 b	163,00 a	2,45 a	3,53 b	44,33 b	2,63 b
15	7,00 b	160,67 a	2,27 a	2,77 b	42,33 b	2,07 b
16	13,33 a	148,00 b	2,07 a	3,37 b	43,00 b	1,90 b
17	12,00 a	153,33 a	2,50 a	4,00 b	52,67 b	3,00 a
18	12,67 a	134,00 b	2,25 a	3,83 b	65,00 a	2,77 b
19	13,00 a	150,00 b	2,54 a	3,83 b	64,67 a	2,93 a
20	9,67 b	145,00 b	2,13 a	3,43 b	59,33 a	2,97 a
21	11,33 a	152,33 b	2,18 a	2,93 b	41,00 b	2,77 b
22	10,67 b	165,33 a	3,04 a	4,07 b	70,33 a	2,67 b
23	11,67 a	147,33 b	1,86 a	2,77 b	46,67 b	2,53 b
24	12,67 a	144,67 b	2,52 a	4,37 a	71,33 a	3,27 a
25	14,67 a	149,33 b	2,95 a	5,27 a	80,67 a	3,37 a
26	10,67 b	175,67 a	2,24 a	3,83 b	48,67 b	2,43 b
27	8,33 b	154,00 a	2,50 a	3,77 b	47,00 b	2,73 b
28	10,00 b	145,33 b	2,31 a	3,60 b	59,67 a	2,37 b
29	11,33 a	159,00 a	2,49 a	3,53 b	57,00 b	2,13 b
30	12,00 a	145,50 b	2,80 a	5,10 a	81,50 a	3,75 a
31	9,67 b	127,67 b	1,94 a	2,90 b	46,73 b	2,23 b
32	10,67 b	137,00 b	2,18 a	3,50 b	47,67 b	2,70 b
33	10,33 b	155,33 a	2,21 a	3,93 b	63,67 a	2,90 a
34	11,33 a	134,67 b	2,50 a	4,73 a	65,67 a	3,00 a
35	9,67 b	139,67 b	2,26 a	3,60 b	47,00 b	2,63 b
36	15,00 a	155,67 a	2,50 a	4,43 a	63,33 a	3,10 a

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. (NFV) Número de folhas vivas, (NFLDF) Número de folíolos do lado direito da folha, (CF) Comprimento da folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central e (DFC) Diâmetro do folíolo central.

Continuação da Tabela 2.

Procedências	D0	D100	A7A	E70	E7180	EN1780
1	29,77 a	22,40 a	74,00 a	11,47 a	13,43 a	2,80 a
2	25,27 b	17,67 a	42,33 b	4,50 b	4,83 b	1,87 b
3	30,67 a	14,83 a	52,33 b	7,33 b	7,53 b	1,80 b
4	21,77 b	13,17 a	60,33 b	8,67 a	9,87 a	1,07 b
5	22,20 b	16,93 a	47,33 b	4,83 b	8,60 b	1,07 b
6	27,77 a	14,47 a	71,67 a	8,20 a	10,30 a	1,33 b
7	30,27 a	17,77 a	72,00 a	9,83 a	11,67 a	2,47 a
8	21,20 b	10,80 a	51,00 b	7,90 b	8,70 b	1,93 b
9	28,33 a	13,00 a	55,33 b	6,67 b	7,87 b	1,80 b
10	26,27 a	15,83 a	59,67 b	11,17 a	11,60 a	1,60 b
11	27,53 a	19,33 a	50,00 b	6,73 b	7,80 b	3,17 a
12	37,60 a	20,60 a	52,00 b	9,70 a	10,63 a	1,90 b
13	27,83 a	16,37 a	35,00 b	8,47 a	9,60 a	1,53 b
14	26,83 a	17,33 a	63,33 b	11,93 a	12,37 a	2,40 a
15	15,67 b	12,10 a	45,33 b	6,77 b	8,73 b	1,83 b
16	30,83 a	16,50 a	60,00 b	13,07 a	14,13 a	2,07 b
17	21,10 b	17,83 a	42,33 b	4,30 b	5,17 b	2,00 b
18	19,80 b	13,40 a	54,33 b	7,33 b	8,43 b	1,77 b
19	20,17 b	16,43 a	79,00 a	9,20 a	10,53 a	1,50 b
20	29,43 a	17,13 a	81,00 a	5,73 b	9,30 a	1,53 b
21	25,50 b	16,10 a	63,00 b	7,80 b	9,10 b	2,03 b
22	32,50 a	19,90 a	80,00 a	10,93 a	11,60 a	1,60 b
23	21,60 b	15,63 a	70,33 a	8,87 a	9,80 a	1,87 b
24	21,27 b	18,10 a	59,00 b	8,40 a	9,80 a	1,77 b
25	30,67 a	16,83 a	64,67 b	7,80 b	9,07 b	1,53 b
26	27,60 a	15,83 a	64,00 b	10,60 a	11,10 a	1,77 b
27	31,33 a	17,10 a	56,00 b	7,53 b	8,17 b	1,70 b
28	29,33 a	14,90 a	61,00 b	6,40 b	7,27 b	1,00 b
29	28,83 a	15,37 a	71,33 a	10,47 a	11,57 a	1,80 b
30	25,00 b	17,60 a	104,50 a	10,60 a	11,00 a	1,95 b
31	29,27 a	16,57 a	74,00 a	8,57 a	9,70 a	1,50 b
32	28,17 a	15,83 a	66,27 a	13,13 a	14,77 a	2,80 a
33	21,33 b	13,10 a	82,33 a	8,23 a	10,43 a	1,60 b
34	34,33 a	16,37 a	79,67 a	9,60 a	11,60 a	1,77 b
35	21,10 b	16,10 a	39,33 b	1,90 b	2,50 b	1,37 b
36	31,00 a	19,37 a	51,33 b	4,57 b	5,30 b	2,37 a

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura do 7º anel partindo-se de 0cm, (E70) Espessura do 7º anel a 0°, (E7180) Espessura do 7º anel a 180°, (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180°.

4.1.2 - Herdabilidade

As estimativas de herdabilidade dos descritores morfológicos avaliados variaram de 10,51% para ENS70 a 64,32% para E70 (Tabela 3). De acordo com Cruz (2005) o valor de herdabilidade pode variar de 0 a 100%, sendo considerado alto quando os valores obtidos forem maiores que 40%. Com isto, pode-se afirmar que somente os descritores morfológicos: ENS70 ($h^2 = 10,51\%$), ENS7180 ($h^2 = 16,37\%$), ENI70 ($h^2 = 19,53\%$) e DCF ($h^2 = 33,05\%$) não apresentam alta herdabilidade, a qual foi obtida para os demais descritores estudados.

Tabela 3: Coeficiente de variação genético (CVg), razão coeficiente de variação genético por coeficiente de variação experimental (CVg/CVe) e herdabilidade em sentido amplo (h^2) entre os 36 acessos de guariroba no Estado de Goiás.

	CVg	CVg/CVe	h^2
NFV	16,27	0,775	64,32
NFLDF	05,47	0,619	53,48
NFLEF	04,82	0,510	43,46
CF	09,13	0,650	55,71
DCF	11,94	0,410	33,05
DIBF	14,19	0,730	61,55
CFC	15,02	0,707	60,00
DFC	12,16	0,690	58,63
D0	12,64	0,576	49,87
D50	09,51	0,497	42,58
D100	10,46	0,590	51,55
A7A	18,14	0,700	59,83
E70	24,49	0,780	64,37
E7180	20,68	0,690	59,15
ENS70	08,50	0,198	10,51
ENS7180	10,24	0,260	16,37
ENI70	10,94	0,284	19,55
ENI7180	19,04	0,630	54,19

(NFV) Número de folhas vivas, (NFLD) Número de folíolos do lado direito, (NFLE) Número de folíolos do lado esquerdo da folha, (CF) Comprimento da folha, (DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (DFC) Diâmetro do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D50) Diâmetro do estipe a 50cm, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura da inserção do 7º anel, (E70) Espessura do 7º anel a 0º, (E7180) Espessura do 7º anel a 180º, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0º, (ENS7180) Espessura do nó superior ao 7º anel a 180º, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180º.

A herdabilidade para o NFV ($h^2 = 64,32\%$) foi superior a encontrada por Assis *et al.* (2008) para a guariroba, que obteve um valor de h^2 de 24,05% em avaliação de plantas jovens. De uma forma geral, a herdabilidade para o NFV é variável em arecaceas sendo encontrados valores de 99,0% (CARVALHO *et al.* 2008), 98,61% (CASTRO, 2007), 95,8% (CARVALHO, 2006) e 30% (MARTINS *et al.* 2006) em coqueiro anão. Na pupunha foram encontrados valores de h^2 de 35% (NISHIKAWA, 1995) e 10% (BOVI *et al.* 2004).

Os valores obtidos para a h^2 são um indicativo que a seleção com base no comportamento fenotípico será eficiente para os descritores que apresentaram altas herdabilidade, o que proporcionará ganhos a cada ciclo de seleção para o caráter em estudo.

A alta herdabilidade aliada aos valores relativamente altos da relação CVg/CVe , superiores a 0,5 para os caracteres que apresentaram diferenças significativas entre as procedências, evidência a possibilidade de seleção para estes caracteres com boas expectativas de ganhos em virtude de seleção, sendo importante um estudo de associação destes caracteres com aqueles de importância em termos de produto final da espécie, possibilitando assim, a seleção indireta nestes caracteres para obtenção de ganhos em outros de importância econômica, produzindo progênies superiores. As relações obtidas para CVg/CVe foram melhores que as encontradas para pupunha que apresentaram magnitudes em torno de 0,35 (Yokomizo & Neto 2003).

De acordo com as estimativas de herdabilidade obtidas neste estudo, pode-se obter ganhos consideráveis em trabalhos de melhoramento, obtendo indivíduos superiores com características agrônômicas favoráveis.

4.1.3 Correlações Fenotípicas

A tabela 4 mostra os coeficientes de correlação de Pearson entre os 18 descritores morfológicos avaliados. Pode-se observar que dos 153 coeficientes obtidos, 79 mostraram-se estatisticamente significativos, sendo que destes 53 foram significativos ao nível de 1% de probabilidade. As correlações significativas

negativas correspondem a 72,7%, demonstrando que na grande maioria das associações elas ocorrem em sentido contrário, ou seja, à medida que a magnitude aumenta num descritor reduz no outro. No entanto, pode-se notar que essas associações não são tão fortes.

As maiores correlações significativas foram todas positivas, nas quais foram encontradas os seguintes descritores morfológicos: ENS7180 x ENI70 ($r = 0,854$), CFC x DIBF ($r = 0,838$), NFLDF x NFLEF ($r = 0,829$), CF x DCF ($r = 0,828$), E7180 x ENS70 ($r = 0,830$), D50 x D100 ($r = 0,816$), DFC x D0 ($r = 0,815$), A7A x E70 ($r = 0,805$), DFC x ENI7180 ($r = 0,595$), CF x E7180 ($r = 0,594$), NFLDF x A7A ($r = 0,550$), e DIBF x ENS7180 ($r = 0,543$). Desta forma, pode-se inferir que tais associações são úteis na seleção de genótipos superiores, principalmente quando um dos caracteres avaliados apresentar dificuldades de mensuração ou manipulação. Estas correlações são um indicativo da não necessidade de se avaliar todas estas variáveis, uma vez que todas apresentaram altas correlações. A redução no número de variáveis traz benefícios tanto melhorando a coleta de dados no campo, como a retirada de variáveis redundantes das análises estatísticas, tornando-as mais consistentes.

O número de folhas vivas está correlacionado com oito descritores morfológicos, sendo a correlação mais intensa com ENI7180 ($r = - 0,31$); estando, também, correlacionado com o D50 que apresenta “ r ” igual a 0,20. Este resultado é similar ao obtido para guariroba por Assis *et al.* (2008) que obteve correlação positiva entre o número de folhas e o diâmetro do estipe a 50 cm do solo.

A correlação entre diâmetro do estipe com o número de folhas vivas também foi encontrada na *Bactris gasipaes* e *Archontophoenix alexandrae* (BOVI *et al.* 1991; YUYAMA *et al.* 1994; NISHIKAWA, 1995; BARBOSA, 1997; UZZO *et al.* 2002; UZZO *et al.* 2004). Nas palmeiras *Bactris gasipaes* e *Euterpe edulis* estes descritores também estão correlacionados com a resposta da planta ao efeito do estresse hídrico e adubação (REIS, 1996; CLEMENTE & BOVI, 2000).

O número de folhas vivas, o comprimento da folha e o diâmetro do estipe a 50 cm do solo na planta em pleno período de colheita do palmito estão diretamente correlacionados com o diâmetro, comprimento e com o peso total do palmito (Nunes, 2007). De acordo com Nunes (2007), o diâmetro do estipe a 50 cm está correlacionado com a coloração, com os sabores muito amargo, amargo e

levemente amargo do palmito e também com a textura do palmito na planta em pleno período de colheita.

O estudo de correlações entre descritores morfológicos que apresentam importância agronômica servem de base para o melhorista decidir sobre o material que deve ser selecionado ou descartado. A determinação das relações dos componentes da produção com outros descritores é de suma importância, pois permite definir estratégias a serem adotadas num programa de melhoramento e, no caso de plantas perenes, como é a guariroba, permite antecipar a obtenção de resultados sem a necessidade de destruir a palmeira para obtê-los, ganhando com isto possíveis reduções nos ciclos de seleção.

Tabela 4: Correlação linear simples entre os dezoito descritores morfológicos avaliados nos 108 acessos de guariroba no Estado de Goiás.

	NFV	NFLDF	NFLEF	CF	DCF	DIBF	CFC	DFC	D0	D50	D100	A7A	E70	E7180	ENS70	ENS7180	ENI70
NFLDF	-0,176																
NFLEF	-0,223*	0,829**															
CF	-0,062	-0,196*	-0,173														
DCF	0,192*	-0,319**	-0,203*	0,828**													
DIBF	-0,165	-0,235**	-0,067	-0,186*	-0,165												
CFC	-0,157	0,089	0,191*	-0,311**	-0,217*	0,838**											
DFC	-0,177	-0,244**	-0,130	-0,238**	-0,051	-0,175	-0,172										
D0	-0,198*	-0,085	-0,158	0,097	0,206*	-0,300**	-0,220*	0,815**									
D50	0,196*	-0,077	-0,181*	-0,250**	-0,146	-0,235**	-0,066	-0,192*	-0,173								
D100	-0,215*	-0,116	-0,216*	-0,058	-0,132	0,110	0,214*	-0,321**	-0,207*	0,816**							
A7A	-0,116	0,550**	0,173	-0,075	-0,172	-0,248**	-0,132	-0,242**	-0,056	-0,192*	-0,190*						
E70	-0,210*	0,129	-0,252**	-0,105	-0,198*	-0,073	-0,147	0,105	0,231*	-0,318**	-0,226*	0,805**					
E7180	-0,096	-0,111	-0,129	0,594**	0,202*	-0,095	-0,182*	-0,252**	-0,131	-0,245**	-0,047	-0,183*	-0,176				
ENS70	-0,157	-0,180*	-0,200*	0,172	-0,227*	-0,113	-0,206*	-0,073	-0,139	0,042	0,162	-0,314**	-0,212*	0,830**			
ENS7180	0,062	-0,253**	-0,091	-0,076	-0,103	0,543**	0,179*	-0,093	-0,178*	-0,253**	-0,136	-0,248**	-0,055	-0,194*	-0,170		
ENI70	0,205*	-0,168	-0,139	-0,158	-0,181*	0,161	-0,208*	-0,106	-0,203*	-0,076	-0,161	0,005	0,133	-0,312**	-0,205*	0,854**	
ENI7180	-0,310**	-0,238**	0,104	-0,256**	-0,055	-0,064	-0,101	0,595**	0,192*	-0,101	-0,191*	-0,263**	-0,134	-0,248**	-0,057	-0,187*	-0,170

**, *: Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste t.

(NFV) Número de folhas vivas, (NFLD) Número de folíolos do lado direito, (NFLE) Número de folíolos do lado esquerdo da folha, (CF) Comprimento da folha, (DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (DFC) Diâmetro do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D50) Diâmetro do estipe a 50cm, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura da inserção do 7º anel, (E70) Espessura do 7º anel a 0º, (E7180) Espessura do 7º anel a 180º, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0º, (ENS7180) Espessura do nó superior ao 7º anel a 180º, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180º.

4.2 - Análise multivariada

4.2.1 - Seleção de descritores

Os resultados obtidos para as variáveis canônicas, os autovalores e as percentagens da variância explicada pelas variáveis canônicas obtidas a partir dos dezoito descritores morfológicos avaliados são apresentados na Tabela 5.

Em estudos de divergência genética utilizando a metodologia das variáveis canônicas tem-se o propósito de identificar acessos similares por meio da ferramenta gráfica (gráficos de dispersão bi ou tridimensionais) que possibilitam simplificar a interpretação dos resultados (NEGREIROS *et al.* 2008). Dessa forma é desejável que a variância acumulada nas duas primeiras variáveis canônicas exceda 80% da variação total (CRUZ *et al.* 2004).

No presente estudo, pode-se verificar que a variância acumulada entre as variáveis não demonstrou distribuição concentrada nas duas primeiras variáveis. Pode-se constatar que somente a partir da oitava variável canônica que foi possível acumular uma porcentagem satisfatória, com 81,92% da variabilidade total das procedências. As três primeiras variáveis canônicas explicaram 45,31% da variação total, sendo que a primeira variável explicou 18,39%, a segunda 15,47% e a terceira somente 11,45%. A utilização destas variáveis canônicas para a construção da dispersão gráfica bi ou tridimensional não se justifica, pois as três primeiras variáveis canônicas pouco explicam a real variabilidade entre as procedências.

Segundo Pereira *et al.* (1992), a distribuição da variância está plenamente associada ao número de descritores utilizados na análise, estando concentrada nas primeiras variáveis apenas quando se utiliza um número reduzido de descritores de interesse agrônômico ou que estejam em um mesmo grupo (folha, floração, frutos e etc.). A análise através de variáveis canônicas permite realizar a redução (descarte) de descritores morfológicos eliminando, desta forma, aqueles que oferecem pouca importância (contribuição) no estudo de divergência.

A redução no número de descritores morfológicos é relatada por outros pesquisadores que utilizam inúmeras técnicas de descarte das variáveis com o

intuito de otimizar o trabalho de coleta dos dados (BALAKRISHNAN & NAMBOODIRI, 1987; RIBEIRO, 1993; MARTEL *et al.* 2003; OLIVEIRA, 2005).

Tabela 5: Autovalores, Variância, Variância Acumulada obtidas a partir dos dezoito descritores morfológicos avaliados em 36 procedências de guariroba no Estado de Goiás.

Variáveis Canônicas	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	2,4176	18,39	18,39
2	2,0338	15,47	33,86
3	1,5052	11,45	45,31
4	1,3954	10,61	55,93
5	1,1749	8,94	64,86
6	0,8538	6,50	71,36
7	0,7508	5,71	77,07
8	0,6373	4,85	81,92
9	0,5826	4,43	86,35
10	0,4281	3,26	89,61
11	0,3214	2,45	92,05
12	0,2616	1,99	94,04
13	0,2519	1,92	95,96
14	0,1693	1,29	97,25
15	0,1287	0,98	98,22
16	0,1025	0,78	99,00
17	0,0738	0,56	99,56
18	0,0572	0,44	100,0

Segundo Balakrishnan & Namboodiri (1987) e Ribeiro *et al.* (1999) para o coqueiro (*Cocos nucifera* L.) é necessário utilizar somente três e quatro descritores morfológicos respectivamente; para o açaí (*Euterpe oleracea*) são necessários apenas quatro descritores (OLIVEIRA, 2005) e, para a pupunha (*Bactris gasipaes* K.) é necessário avaliar dez descritores morfológicos para poder discriminar as raças contidas nesta espécie (MARTEL *et al.* 2003).

Para o descarte das variáveis adotou-se a metodologia proposta por Jolliffe (1973) que estabelece a eliminação dos descritores de maior peso nas variáveis canônicas cuja associação entre autovetores e autovalores é inferior a 0,7. Foram descartados dez descritores morfológicos sendo cinco relacionados a morfologia da folha (NFV, NFLDF, NFLEF, CF e DCF) e cinco relacionados a morfologia do estipe (D50, D100, E70, E7180 e ENS7180).

Essas exclusões indicam que 62,5% dos descritores morfológicos relacionados a morfologia da folha são desnecessários para a caracterização das procedências de guariroba. Em relação aos descritores do estipe, 50% são redundantes. No conjunto, este descarte traz uma redução de 55% dos descritores morfológicos avaliados, o que facilita o processo de avaliação. Percentuais de descarte próximos a estes foram encontrados por Pereira (1989), Cruz (1990), Daher (1993), Cury (1993), Strapasson (1997), Martel *et al.* (2003); e por Oliveira *et al.* (2006).

Após o descarte realizou-se uma nova análise com os 8 descritores remanescentes (Tabela 6). Pode-se constatar que as quatro primeiras variáveis canônicas explicam cerca de 76,84% da variabilidade morfológica contida na guariroba, sendo 26,76%; 21,54%; 15,49% e 13,03% respectivamente na 1ª, 2ª, 3ª e 4ª variáveis canônicas. Isso gera um ganho adicional de 20,91% em relação às obtidas anteriormente com base nos 18 descritores morfológicos avaliados (Tabela 1).

Tabela 6: Autovalores, Variância, Variância Acumulada obtidas a partir dos oito descritores morfológicos selecionados.

Variáveis Canônicas	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
1	1,452	26,76	26,76
2	1,169	21,54	48,31
3	0,841	15,49	63,80
4	0,707	13,03	76,84
5	0,430	7,92	84,76
6	0,414	7,63	92,40
7	0,235	4,33	96,74
8	0,177	3,25	100,00

Percentuais próximos aos obtidos neste estudo foram registrados em análise por componentes principais por Daher *et al.* (1997), Strapasson *et al.* (2000), Crochemore *et al.* (2003,) Oliveira *et al.* (2006), Gomes (2007) e Karia (2008). Estes resultados justificam a utilização desta metodologia por proporcionar uma simplificação na estrutura dos dados analisados (Karia, 2008; Negreiros *et al.* 2008).

As estimativas da correlação de Pearson entre o conjunto de descritores redundantes e o dos selecionados demonstram que o descarte não revelou perda

considerável de informação, pois os descritores eliminados apresentam no mínimo três correlações significativas com os descritores selecionados (Tabela 7). Isso indica que é possível a eliminação de descritores sem perda de informação, pois os mesmos estão correlacionados a outros que permaneceram na análise.

Tabela 7: Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os descritores morfológicos selecionados e os descartados avaliados em 108 acessos de guariroba no Estado de Goiás.

Descartados	Selecionados							
	DIBF	CFC	DFC	D0	A7A	ENS70	ENS7180	ENI70
NFV	-0,165	-0,157	-0,177	-0,198*	-0,116	-0,157	0,062	0,205*
NFLDF	-0,235**	0,089	-0,244**	-0,085	0,550**	-0,180*	-0,253**	-0,168
NFLEF	-0,067	0,191*	-0,13	-0,158	0,173	-0,200*	-0,091	-0,139
CF	-0,186*	-0,311**	-0,238**	0,097	-0,075	0,172	-0,076	-0,158
DCF	-0,165	-0,217*	-0,051	0,206*	-0,172	-0,227*	-0,103	-0,181*
D50	-0,235**	-0,066	-0,192*	-0,173	-0,192*	0,042	-0,253**	-0,076
D100	0,11	0,214*	-0,321**	-0,207*	-0,190*	0,162	-0,136	-0,161
E70	-0,073	-0,147	0,105	0,231*	0,805**	-0,212*	-0,055	0,133
E7180	-0,095	-0,182*	-0,252**	-0,131	-0,183*	0,830**	-0,194*	-0,312**
ENI7180	-0,064	-0,101	0,595**	0,192*	-0,263**	-0,057	-0,187*	-0,17

** , * : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste t.

(NFV) Número de folhas vivas, (NFLD) Número de folíolos do lado direito, (NFLE) Número de folíolos do lado esquerdo da folha, (CF) Comprimento da folha, (DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (DFC) Diâmetro do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D50) Diâmetro do estipe a 50cm, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura da inserção do 7º anel, (E70) Espessura do 7º anel a 0°, (E7180) Espessura do 7º anel a 180°, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0°, (ENS7180) Espessura do nó superior ao 7º anel a 180°, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0°, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180°.

Com o intuito de testar a colinearidade entre os descritores redundantes e selecionados procedeu-se a análise de multicolinearidade, em que se detectou, segundo a classificação de Cruz & Carneiro (2006), no mínimo quatro colinearidades, com magnitude severa entre os descritores redundantes e os selecionados (Tabela 8).

Tabela 8: Teste de multicolinearidade entre os descritores morfológicos selecionados e os descartados.

Descartados	Selecionados							
	DIBF	CFC	DFC	D0	A7A	ENS70	ENS7180	ENI70
NFV	0	62391	0	191827	0	17701	0	198079
NFLDF	0	210306	0	95655	0	205098	0	309671
NFLEF	196478	0	319498	0	89288	0	84993	0
CF	129313	0	110863	0	252509	0	238416	0
DCF	0	203415	0	6682	0	157523	0	181133
D50	0	227206	0	103288	0	165153	0	234691
D100	1	0	838015	0	300427	0	109585	0
E70	838015	1	0	172335	0	213595	0	131589
E7180	0	178858	0	207987	0	24436	0	130229
ENI7180	0	202541	0	191609	0	181133	0	249719

(NFV) Número de folhas vivas, (NFLD) Número de folíolos do lado direito, (NFLE) Número de folíolos do lado esquerdo da folha, (CF) Comprimento da folha, (DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro inicial da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (DFC) Diâmetro do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (D50) Diâmetro do estipe a 50cm, (D100) Diâmetro do estipe a 100cm, (A7A) Altura da inserção do 7º anel, (E70) Espessura do 7º anel a 0º, (E7180) Espessura do 7º anel a 180º, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0º, (ENS7180) Espessura do nó superior ao 7º anel a 180º, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180º.

Com base na contribuição relativa dos descritores morfológicos remanescentes, tabela 9, utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), pode-se verificar que para as procedências avaliadas tem-se que os oito descritores selecionados A7A, ENI7180, DIBF, D0, CFC e DFC contribuíram de forma semelhante para a divergência entre as procedências e, os descritores ENI70 e ENS70 apresentaram menores contribuições. Desta forma, pode-se afirmar que os descritores selecionados são importantes na caracterização das procedências de guariroba por apresentar contribuições importantes na discriminação da divergência.

Tais resultados indicaram que o método de descarte das variáveis foi eficiente na identificação e eliminação de variáveis redundantes. Fornecem, ainda, informações para considerar que todos os descritores selecionados são importantes no estudo de caracterização da divergência genética entre as procedências de guariroba. Estes devem compor a lista de descritores mínimos para a espécie que deve ser complementada por descritores relacionados com a produção e com as características organolépticas do palmito.

Tabela 9: Contribuição relativa dos descritores morfológicos selecionados.

Descritor	S.j	Valor em %
A7A	1074,28	15,72
ENI7180	1062,33	15,54
DIBF	1012,74	14,82
D0	969,10	14,18
CFC	910,33	13,32
DFC	867,60	12,69
ENI70	472,36	6,91
ENS70	466,94	6,83

(DCF) Diâmetro central da Folha, (DIBF) Diâmetro final da bainha foliar, (CFC) Comprimento do folíolo central, (D0) Diâmetro do estipe no nível do solo, (A7A) Altura do 7º anel partindo-se de 0cm, (ENS70) Espessura do nó superior ao 7º anel a 0º, (ENI70) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 0º, e (ENI7180) Espessura do nó inferior ao 7º anel a 180º.

4.2.2 - Divergência fenotípica

Pelos resultados obtidos pode-se constatar que as procedências alcançaram dissimilaridades variando de 0,68 a 32,56 com média geral de 10,85. As dissimilaridades mínimas foram encontradas entre as procedências 9 e 26 naturais do município de Aurilândia e Aparecida de Goiânia, respectivamente, os quais são distantes geograficamente um do outro. Já as procedências 11 e 30 foram os mais divergentes.

A variação fenotípica entre as 36 procedências de guariroba pode ser analisada por meio da distribuição de frequência das dissimilaridades obtidas entre os 630 pares formados na matriz de distancia fenotípica (Figura 6).

Para verificar se ocorre distribuição normal da dissimilaridade entre as procedências nas seis classes de distâncias formadas (Figura 6) realizou-se o teste estatístico de Lilliefors. As distâncias entre as 36 procedências apresentam distribuição normal a 1% de probabilidade. Tal resultado reforça, mais uma vez, que as procedências estudadas possuem considerável diversidade morfológica (genética) e que a amostra analisada deve representar a variabilidade existente na espécie. Este resultado é diferente do encontrado para o açaí por Oliveira et al. (2007), o qual não possui distribuição normal das dissimilaridades entre os acessos.

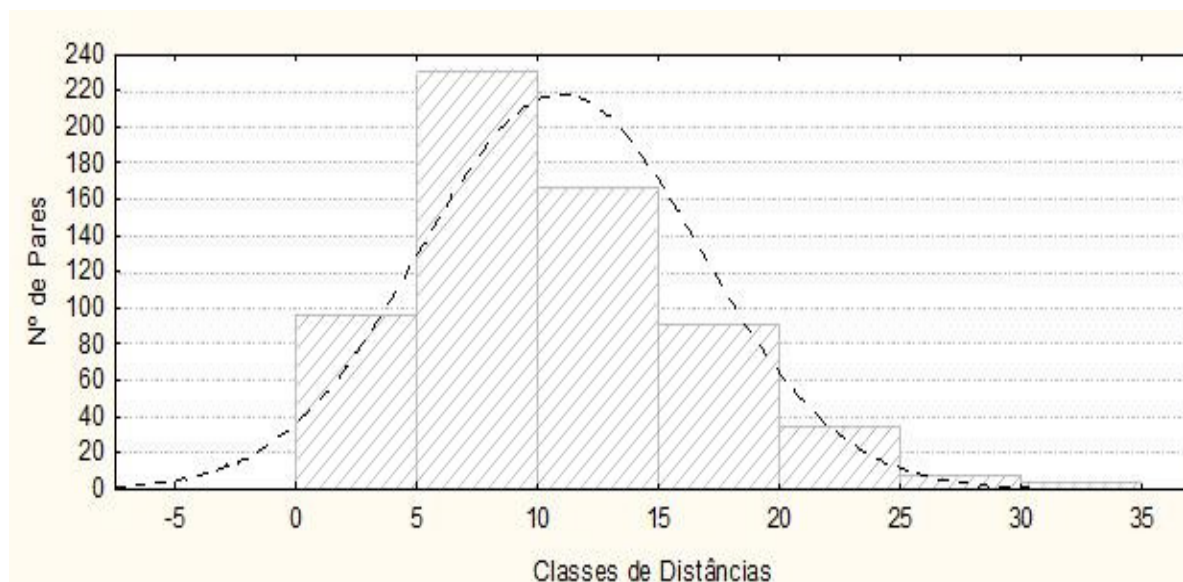


Figura 6: Distribuição de frequência das estimativas de dissimilaridades expressas pela distância de Mahalanobis com base nos oito descritores morfológicos avaliados nas 36 procedências de guariroba.

Esta informação pode ser útil para dar direcionamento a programas de melhoramento da guariroba quando o foco for a avaliação morfológica, visando seleção para melhor adequação da espécie ao sistema produtivo.

4.2.3 Análise de agrupamento

4.2.3.1 Método de Otimização de Tocher

A análise de agrupamento de Tocher (Tabela 10) aplicado à matriz das distâncias de Mahalanobis discriminou 15 agrupamentos ou grupos de dissimilaridade entre as procedências estudadas, não evidenciando a formação de subgrupos inter ou intraregiões, resultado este similar ao de Leite (2001) que trabalhou com análise Tocher com a palmeira Jerivá.

Tabela 10: Formação de grupos das 36 procedências de *Syagrus oleracea* Becc. estabelecidos pelo método de Tocher com base na distância Mahalanobis.

Grupos	Acessos	Nº acessos	DMIG*
1	4 31 7 15 19 23 27	7	9,57
2	11 33 3	3	20,07
3	14 20 09 18	4	7,62
4	17 22 36 26 34 30	6	11,16
5	10 28	2	8,03
6	12 13	2	8,19
7	8 29	2	11,42
8	16 35	2	11,89
9	1 32	2	16,34
10	2	1	0
11	6	1	0
12	21	1	0
13	24	1	0
14	5	1	0
15	25	1	0
Média Geral			11,59

* DMIG = Dissimilaridade Média intragrupo.

Os quatro primeiros grupos representam 44% das procedências estudadas e as demais foram distribuídas nos 12 grupos restantes, sendo constituídos por apenas uma procedência do 11º ao 16º grupo.

A distância média intragrupos apresentou variação de 7,62 a 20,07, sendo que o segundo grupo foi constituído pelas procedências mais contrastantes, possuindo médias de dissimilaridade de 20,07. O grupo mais similar foi o terceiro que obteve média de 7,62. Os maiores grupos (1º e 4º) apresentaram distância média intragrupo de 9,57 e 11,16 respectivamente. Do 10º ao 15º grupos esta distância foram nulas devido à presença de apenas uma procedência por grupo (Tabela 10).

A distância média intergrupo é de 10,83, sendo que as distâncias máximas foram encontradas entre os grupos 9 x 15, 12 x 15, 7 x 15 e, 9 x 14 com valores de 19,55; 19,34; 18,91 e 18,43 respectivamente. Pode-se destacar o 15º grupo sendo o mais divergente apresentando as maiores distâncias.

A menor distância (3,52) intergrupo foi observada entre os grupos 10 x 12, os quais foram constituídos pelas procedências 02 (município de Jataí) e 21 (município de Aragoiania) demonstrando que mesmo as procedências estando posicionadas geograficamente distantes, a magnitude da dissimilaridade entre elas não foi tão elevada.

4.2.3.2 - Método UPGMA

Com base nos dados da matriz de dissimilaridade obteve-se o dendrograma (Figura 7), utilizando como critério de agrupamento o método UPGMA que permite o estabelecimento de grupos de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos.

Para decidir o número de grupos formados no dendrograma, adotou-se o método de Oliveira *et al.* (2007) que utiliza a média geral da distância genética entre os acessos. Este corte resultou na formação de 19 grupos, sendo que destes, 12 grupos foram formados por apenas uma procedência.

Assim como o método Tocher, este método também não agrupou as procedências por local de coleta, o que reforça a evidência de grande divergência entre as procedências.

Comparando os agrupamentos obtidos pelo método de Tocher e UPGMA constata-se semelhança entre os grupos formados por ambos os métodos, mesmo estes tendo apresentado números de grupos contrastantes. Este resultado é similar ao obtido por Oliveira *et al.* (2007), que conseguiu alguma semelhança no agrupamento de acessos de açaí pelos métodos em questão.

Em trabalhos com espécies arbóreas também não foram encontrados o mesmo número de grupos gerados pelos dois métodos em questão, mas foi observado a coincidência na constituição de alguns grupos (ALVES, 2002). O mesmo fato é relatado por Carvalho *et al.* (2003) entre acessos de algodão.

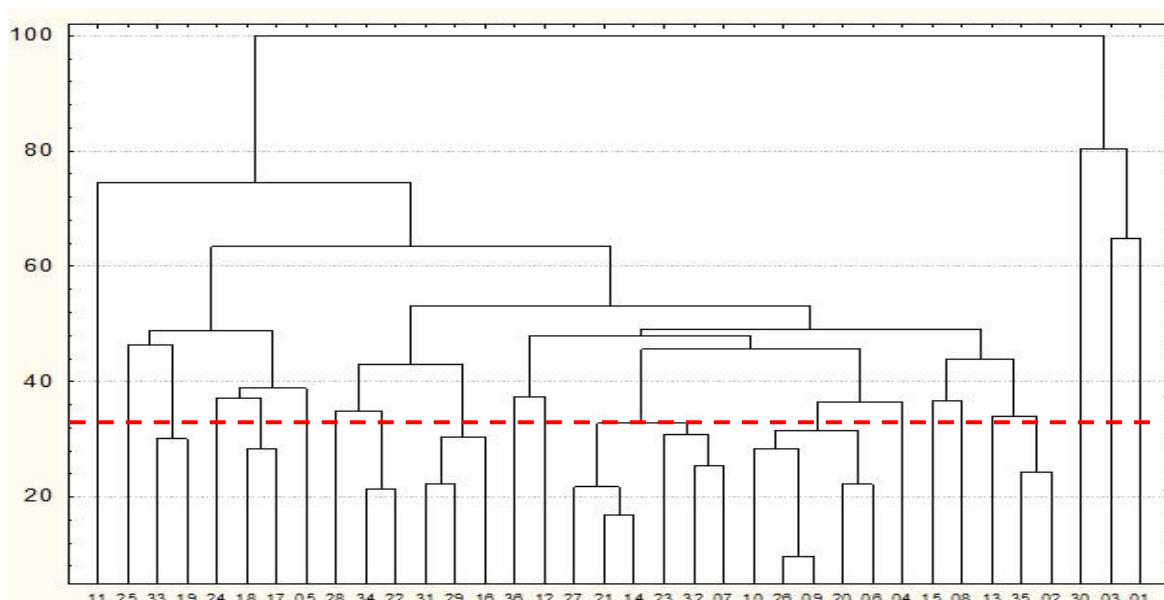


Figura 7: Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir das dissimilaridades expressas pela distância Mahalanobis entre as 36 procedências de guariroba obtidas a partir dos oito descritores morfológicos selecionados. A linha pontilhada indica o ponto de corte.

4.2.3.3 - Variáveis canônicas

A dispersão gráfica dos escores das três primeiras variáveis canônicas está apresentada na Figura 8. Os escores foram plotados em um espaço tridimensional (3D) onde a distância desses pontos equivale proporcionalmente ao grau de similaridade entre as procedências. As três primeiras variáveis canônicas (Tabela 6), utilizadas para estruturar a dispersão gráfica, juntas conseguem explicar 63,80% da variabilidade genética contida no material em estudo.

Pode se notar na Figura 8 que ocorreu a formação de seis grupos os quais não foram constituídos por procedências predominantemente de uma única região ou município, corroborando com os resultados das demais formas de agrupamento.

Comparando os resultados da dispersão gráfica com o do dendrograma e com o agrupamento de Tocher, observa-se que obteve concordância parcial entre as três metodologias, sendo o método de Tocher o mais discrepante em relação aos demais. Este resultado é similar ao de Gomes (2007) que não obteve concordância no agrupamento de plantas adultas de pupunha pelos métodos de Tocher e pela dispersão gráfica.

De modo geral, espera-se que os resultados obtidos possam ser úteis na identificação de procedências divergentes para a estruturação de um banco de germoplasma.

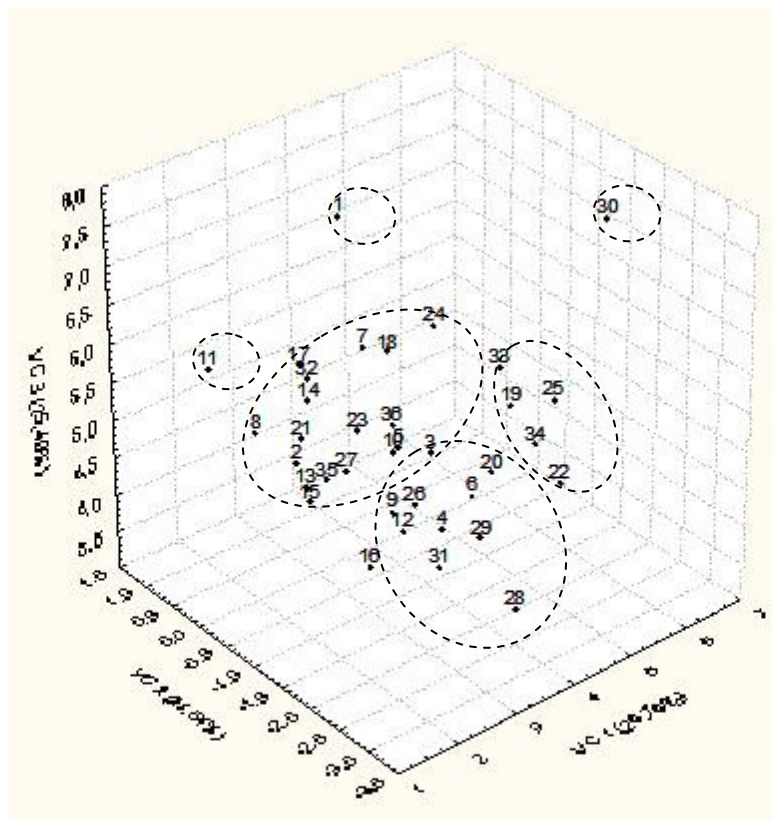


Figura 8: Dispersão gráfica em três dimensões (3D) relativo as três primeiras variáveis canônicas que juntas explicam 63,80% da variação total das 36 procedências de guariroba.

4.3 - Análise molecular

4.3.1 – Ensaio de RAPD

Inicialmente utilizou-se amostras de DNA de três acessos escolhidos ao acaso. Dos 24 iniciadores (*Primers*) testados 16 forneceram produtos nítidos para amplificação. Estes foram utilizados em todos os acessos gerando 92 bandas polimórficas e 24 monomórficas (Tabela 11), sendo amplificada uma média de 5,75 bandas polimórficas por iniciador. Os fragmentos polimórficos utilizados no estudo

podem ser considerados suficientes para avaliação da diversidade genética na espécie.

A natureza do polimorfismo de RAPD é dependente do tipo de iniciador utilizado e de seus produtos de amplificação. Quanto maior for o número de produtos da amplificação maiores serão as chances de se detectar a ocorrência de polimorfismo e a obtenção de resultados mais confiáveis. Em contra partida, o aumento no número de bandas traz benefícios rápidos até um determinado ponto e a partir deste, o ganho se torna menor.

Em termos de porcentagem tem-se que as bandas polimórficas corresponderam a 79,32% e as monomórficas a 20,68%. De acordo com a porcentagem de polimorfismo encontrado perceber-se que a guariroba apresenta alta variabilidade genética o que segundo Leite (2001), é comum em espécies ou populações que apresentam pouca manipulação.

Tabela 11: Relação dos 16 *Primers* utilizados nas análises moleculares de *Syagrus oleracea* com os números de bandas amplificadas (NBA), número de bandas polimórficas (NBP) e a porcentagem de polimorfismo (%P).

<i>Primer</i>	NBA	NBP	%P
OPA – 01	13	10	77%
OPA – 04	5	2	40%
OPA – 05	6	4	67%
OPA – 08	7	7	100%
OPA – 09	9	9	100%
OPA – 11	13	13	100%
OPA – 18	8	8	100%
OPA – 19	6	6	100%
OPB – 05	5	5	100%
OPB – 07	7	7	100%
OPJ – 05	5	2	40%
OPJ – 19	9	8	89%
OPM – 02	8	6	75%
OPN – 02	6	3	50%
OPN – 05	4	1	25%
OPW – 05	5	1	20%
Total	116	92	79%

Este resultado de polimorfismo é um pouco inferior ao encontrado por Barbosa (1997) 92,5%, Rodrigues (2001) 89%, Sousa *et al.* (2001) 88%, Leite (2001) 82,9% e Silva (2004) 81,5% os quais estudaram a diversidade genética de arecaceas. Dentre estes trabalhos merece destaque o de Leite (2001) que avaliou a diversidade genética da palmeira *Syagrus romanzoffiana*, obtendo 92 bandas polimórficas oriundas de 28 *primers* que corresponderam a 82,9% de polimorfismo, o qual é próximo do obtido para a guariroba. Neste trabalho o mesmo autor relata que o alto polimorfismo encontrado no Jerivá pode estar sendo influenciado por alguns fatores como: distribuição geográfica da espécie e o seu sistema reprodutivo. Estes fatores podem também ser utilizados para caracterizar a diversidade encontrada na guariroba.

4.3.1.1 – BOOTSTRAP

O número mínimo de marcadores foi determinado ajustando-se uma curva aos valores do CV% obtidos pela metodologia BOOTSTRAP com o auxílio do programa Dboot (COELHO, 2000). Na Figura 9 é apresentado os valores de CV% observados, bem como a curva ajustada de função $y = 89,226 x^{-0,498}$.

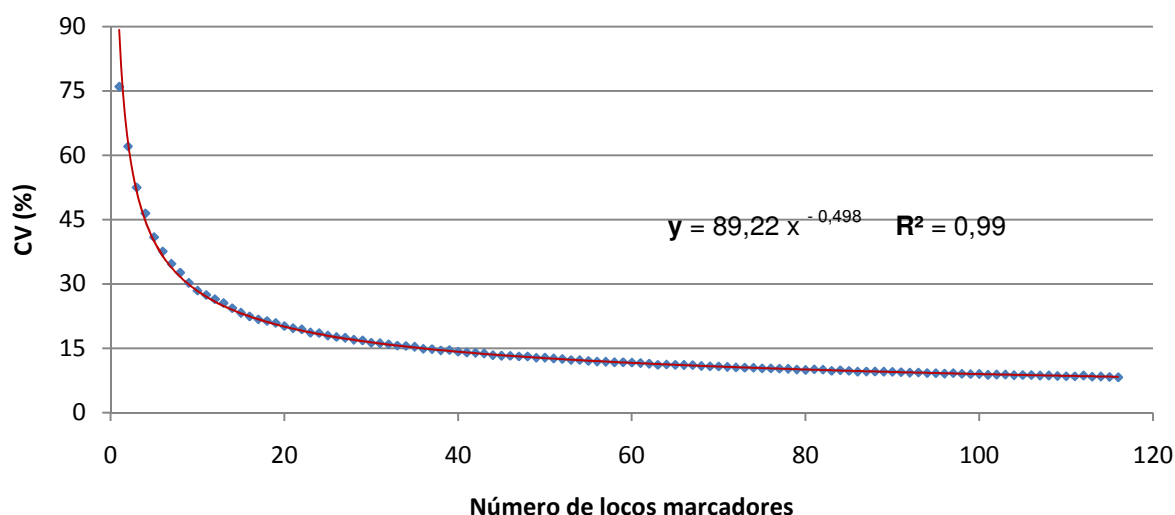


Figura 9: Valores observados e estimados do coeficiente de variação (CV%) (y) em função do número de marcadores (x) obtidos no ensaio RAPD com o DNA de guariroba.

O coeficiente de determinação da função estimada foi de 0,99, mostrando assim que os valores da curva apresentam um bom ajuste. Pode-se verificar na Figura 9 que a medida que o número de locos aumenta tem-se uma redução no CV, como resultado de uma melhor amostragem do genoma. Em contra partida, chega-se a um ponto em que o aumento do número de marcas proporciona uma redução muito pequena no CV, contribuindo pouco para a melhoria dos resultados. Segundo Pequeno *et al.* (2003), uma maneira de se determinar o número mínimo de marcas necessárias para se obter uma boa precisão dos dados é por meio do ponto de curvatura máxima da função.

O ponto de curvatura máxima da função a partir do qual o aumento do número de marcadores não representa um aumento considerável na precisão experimental foi $x_c = 40$. Este resultado indica que o aumento do número de marcadores a partir desse ponto não justifica os acréscimos no esforço laboratorial. Segundo Pequeno *et al.* (2003), o parâmetro (b) da equação proposta por Trindade (2001) representa uma medida da heterogeneidade entre as bandas, obtendo valor máximo de 0,5. Neste estudo encontrou-se um $b = 0,498$ que demonstra a alta heterogeneidade das bandas em estudo.

4.3.2 – Diversidade genética

Verificou-se a ocorrência de diversidade entre os oito acessos estudados através da técnica de marcadores do tipo RAPD indicando que este método é eficaz para identificar a diversidade nas populações naturais de guariroba. O produto de amplificação foi utilizado para o cálculo de similaridade genética entre os acessos. Na Figura 10 é ilustrado o padrão eletroforético obtido com os *primers* OPA-01, OPJ-19 e OPN-02.

O complemento do coeficiente de Nei e Li forneceu a estimativa da dissimilaridade genética entre os acessos avaliados (Tabela 12). As dissimilaridades entre eles variaram de 0,27 a 0,48 apresentando distância genética média de 0,39. Este resultado é próximo ao do Jerivá em que foram encontrados valores variando de 0,17 a 0,65 (Leite, 2001).

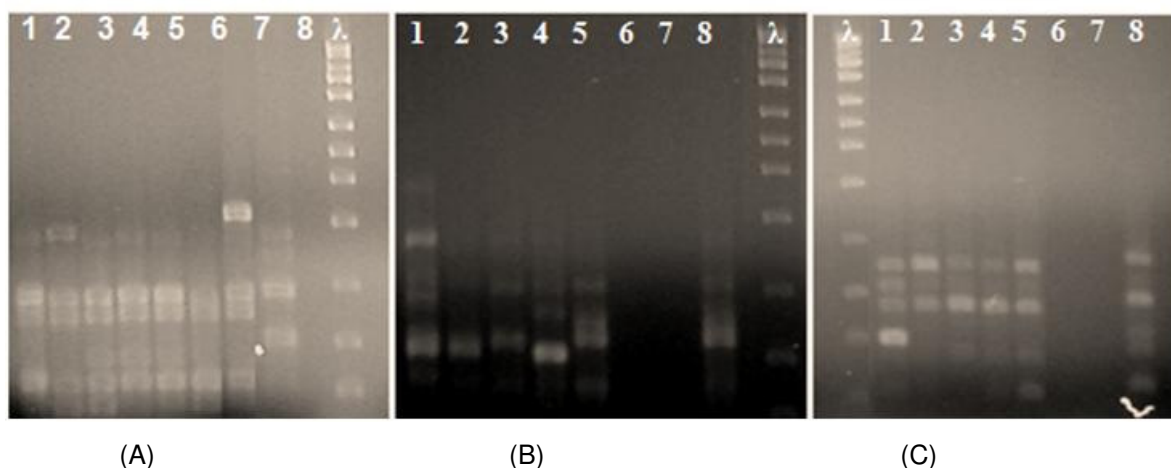


Figura 10: Produtos de amplificação de DNA genômico de oito acessos de guariroba gerados com a utilização dos *primers* (A) OPA-01, (B) OPJ-19 e (C) OPN-02.

As dissimilaridades mínimas foram registradas entre os acessos 03 x 19 e 10 x 19 sendo ambas de 0,27. Por outro lado, entre os acessos 14 x 28 e 20 x 36 apresentou as maiores dissimilaridades: 0,48. É importante ressaltar que os acessos 03, 10 e 19, ou seja, os mais próximos geneticamente, são provenientes de regiões geograficamente distantes.

Tabela 12: Matriz de distâncias entre os oito acessos de guariroba baseada em 116 marcadores RAPD.

	01	03	10	14	19	20	28
03	0,44						
10	0,44	0,28					
14	0,45	0,31	0,28				
19	0,40	0,27	0,27	0,40			
20	0,45	0,41	0,40	0,43	0,42		
28	0,46	0,40	0,37	0,48	0,36	0,38	
36	0,36	0,39	0,41	0,41	0,43	0,48	0,39

Neste trabalho não se tem o conhecimento prévio da variabilidade genética dos progenitores destes acessos, contudo, o nível de diversidade obtido sugere que os mesmos possuem alta variabilidade genética. É provável que o alto grau de polimorfismo obtido entre os acessos esteja relacionado ao fato desta espécie apresentar característica predominante de planta de fecundação cruzada.

Com base nos resultados obteve-se além da caracterização molecular dos acessos, a confirmação que a variabilidade morfológica é em grande parte devido ao efeito genético.

4.3.3 – Análise de agrupamento pelos métodos de Tocher e UPGMA

O método de otimização de Tocher separou os oito acessos em quatro grupos distintos com 37,5% dos acessos no primeiro grupo (Tabela 13). Pode se notar que os acessos, no geral, não se agruparam por região de coleta tendo a única exceção os acessos 01 e 03, os quais foram agrupados no primeiro grupo.

O acesso mais divergente foi observado no quarto grupo. Segundo Vieira *et al.* (2005), grupos formados por apenas um indivíduo informam que tais indivíduos são mais divergentes em relação aos demais acessos.

Tabela 13: Agrupamento dos acessos de guariroba pelo método de Tocher utilizando o complemento aritmético de Nei & Li em marcadores RAPD.

Grupo	Acessos
1	01 03 14
2	10 19
3	20 36
4	28

Com base nos dados gerados pela matriz de similaridade obteve-se o dendrograma com os agrupamentos constantes na Figura 11 por meio do método de agrupamento UPGMA, onde no eixo Y estão representadas as porcentagens das distâncias entre os acessos e, no eixo X, os oito acessos estudados.

Foram delimitados seis grupos considerando dissimilaridade relativa a 65% como ponto de corte no dendrograma. O primeiro grupo é formado pelo acesso 28, no segundo pelo 14, no terceiro grupo pelos acessos 03, 10, e, 19; o quarto, pelo 20, o quinto pelo 36 e o sexto pelo acesso um.

Os resultados mostraram que para os dois métodos de agrupamento utilizados foi possível observar a diversidade entre os acessos e, que ocorreu a concordância parcial entre os resultados, uma vez que alguns acessos não permaneceram no mesmo grupo.

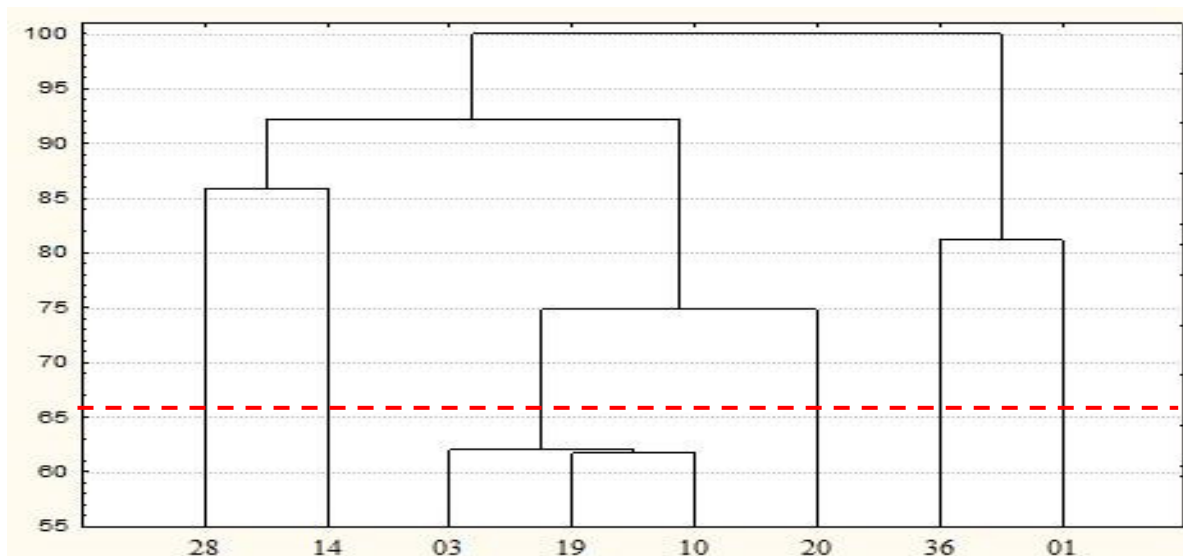


Figura 11: Dendrograma de divergência genética entre os oito acessos de guariroba obtido pelo método UPGMA com base em marcadores RAPD. O ponto de corte foi determinado a uma similaridade relativa a 65% (linha pontilhada).

Pode se notar que não ocorreu a formação de grupos por localização geográfica dos acessos. Outro ponto que merece ser ressaltado é que os grupos formados com base nos dados moleculares foram compostos por acessos que estão agrupados próximos da análise de agrupamento considerando os oito descritores morfológicos selecionados.

5 – CONCLUSÕES

- Foi evidenciada variabilidade genética em 72% dos descritores morfológicos estudados.

- O descarte de descritores não provocou perda de informação, uma vez que os descritores descartados estão altamente correlacionados com os descritores remanescentes.

- Selecionou – se 45% dos descritores avaliados os quais são importantes na caracterização de acessos de guariroba.

- Os descritores selecionados são importantes na caracterização dos acessos por apresentarem contribuições importantes na discriminação da divergência.

- Em relação aos métodos de agrupamento, o Tocher mostrou-se mais contrastante em relação aos métodos UPGMA e de dispersão.

- Não ocorreu o agrupamento das procedências por região de coleta, indicando que mesmo sendo procedências geograficamente próximas, elas são geneticamente divergentes.

- A técnica de marcadores RAPD foi eficaz para o estudo de diversidade entre os acessos estudados, mostrando que eles possuem variabilidade genética.

- Foram selecionados 16 *Primers* úteis na caracterização molecular de acessos de guariroba.

- A análise estatística *Bootstrap*, demonstrou que é necessário utilizar no mínimo 40 bandas polimórficas para caracterizar a divergência genética entre os acessos com relativa precisão.

- Com base em todas as análises, conclui-se que não é necessário coletar acessos de guariroba em uma grande quantidade de regiões. A coleta em regiões próximas é suficiente, pois existe variabilidade genética entre acessos coletados em regiões geograficamente próximas.

BIBLIOGRAFIA

AGUIAR, J. L. P.; ALMEIDA, S. P.; PEREIRA, G. Avaliação econômica de um sistema de produção de Gueroba (*Syagrus oleracea* Becc.) em Aragoiânia – GO. **Forest'96**, p. 333-334. 1996.

AGUIAR, J. L. P.; ALMEIDA, S. P. **A Gueroba (*Syagrus oleracea* Becc.) nas comunidades rurais II sistema de produção e avaliação econômica.** Embrapa Cerrados, Planaltina, n.24 p.1-47, 2000. ISSN 1517-5111.

ANDRADE, A. C. S. PEREIRA, T. S. Comportamento de armazenamento de sementes de palmitreiro (*Euterpe edulis* Mart.), **Pesquisa Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, Brasília, v.32, n.10, p.987-991, 1997.

ALVES, R. M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Will ex Spreng) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos.** 146 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2002.

ALVES, M. R. P.; DEMATTÊ, M. E. S. P. **Palmeiras:** Características botânicas e evolução. Campinas: Fundação Cargil, 129p. 1987.

BALAKRISHNAN, P. C.; NAMBOODIRI, K. M. N. Genetic divergence in coconut. **Indian Coconut Journal**, Ernakulam, v.18, n.3, p.13-19, 1987.

BARBOSA, A. M. M. **Análise da variabilidade genética em progênies de pupunha (*Bactris gasipaes* H. B. K.).** Dissertação (Mestrado), UNESP. Jaboticabal, 1997.

BARROS, A. M.; FALEIRO, F. G.; KARÍA, C. T.; SHIRATSUCHI, L. S.; ANDRADE, R. P.; LOPES, G. K. Variabilidade genética e ecológica de *Stylosanthes macrocephala* determinadas por RAPD e SIG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.9, p.899-909, set. 2005.

BICALHO, K. C. **Identidade Genética entre clones de seringueira *Hevea spp.*, de diferentes procedências, baseada em marcadores RAPD.** Dissertação (mestrado). Lavras, UFLA, 55 p. 2006.

BOVI, M. L. A. **Cultivo da palmeira real australiana visando à produção de palmito.** (Boletim técnico, 172), Campinas, Instituto Agrônomo, 26p. 1998.

BOVI, M. L. A. Híbridos de palmitero. In.: ENCONTRO SOBRE PRODUÇÃO DE PALMITO, 1., 1993, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: CALQ, 1993. p. 39-48, 1993.

BOVI, M. L. A.; GODOY Jr. G.; SAES, L. A. Correlações fenotípicas entre caracteres da palmeira *Euterpe edulis* Mart. E produção de palmito. **Revista Brasileira de Genética**. 14(1) p.105-120. 1991.

BOVI, M. L. A.; JÚNIOR, G. G.; SPIERING, S. H.; CAMARGO, S. B. Relação entre caracteres da planta e do palmito de açazeiros. **Bragantia**, Campinas, 49(1): 69-81, 1990.

BOVI, M. L. A.; RESENDE, M. D. V. de; SÁES, L. A.; UZZO, R. P. Genetic analysis for sooty mold resistance and heart of palm yield in *Archontophoenix*. **Scientia Agricola** (Piracicaba, Braz.), v.61, n.2, p.178-184, 2004.

BOVI, M. L. A.; RESENDE, M. D. V.; SPIERINGI, S. H. Estimativa de parâmetros genéticos em palmeira real australiana por meio de modelo misto de reprodução. **Horticultura Brasileira**. v.21 n.1 Brasília. 2003.

CARNEIRO, C. E. A.; ROLIM, H. M. V.; FERNANDES, K. F. Estudo das atividades de peroxidases e polifenoloxidase de guariroba (*Syagrus oleracea* Becc) sob a ação de diferentes inibidores. **Acta Scientiarum: Biological Sciences**, Maringá, v.25, n.1 p.189-193, 2003.

CARVALHO, E. X. **Variabilidade e correlações entre caracteres relacionados às fases vegetativas e reprodutivas em cultivares de coqueiro nos tabuleiros costeiros do norte de Sergipe**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) Universidade Rural de Pernambuco, Recife, 106p. 2006.

CARVALHO E. X. ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. A.; ARAGÃO, W. M.; MUSSER, R. S.; FERRAZ, L. G. B.; REIS, O. V.; BASTOS; G. Q.; OLIVEIRA, F. J. Variabilidade e comportamento de cultivares de coqueiro anão nos tabuleiros costeiros do norte de Sergipe. **Bargantia**, Campinas, v.67, n.1, p.91-100, 2008.

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

COELHO, A. S. G. **Dboot – Avaliação dos erros associados a estimativas de distâncias/similaridades genética através do procedimento de bootstrap com número variável de marcadores**. Laboratório de Genética Vegetal, Instituto de Ciências Biológicas – UFG, Goiânia. 2000.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 394p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulação**. Ed. UFV, 2006.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. Ed. Ver. – Viçosa : Ed. UFV. 2006

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. v. 3. 480p.

CLEMENT, C.R. 2001. Melhoramento de espécies nativas {Improvement of native species}. *In*: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos genéticos & melhoramento - plantas**. Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso - Fundação MT, Rondonópolis, MT. pp. 423-441.

CLEMENTE, C. R.; PÉREZ, E. L; VAN LEEUWEN O potencial das palmeiras tropicais no Brasil acertos e fracassos das últimas décadas. **Agrociencias**, Montevideú, 9 (1-2): 67-71. 2005.

DAHER, R. F.; PEREIRA, M. G.; TUPINAMBÁ, E. A.; AMARAL JUNIOR, A. T.; ARAGÃO, W. M.; REBEIRO, F. E.; OLIVEIRA, L. O.; SAKIYAMA, N. S. Assessment of coconut tree genetic divergence by compound sample RAPD marker analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2 n.3. p. 431-438. 2002 Brazilian Society of Plant Breeding.

DINIZ, J. H.; SÁ, L. F. **A Cultura da guariroba**. Goiânia: EMATER-GO, 1995. 16p. (EMATER Boletim Técnico, 003).

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102p. il. ISBN 978-85-7075-035-8.

FALEIRO, F. G.; FALEIRO, A. S. G.; CORDEIRO, M. C. R.; KARIA, C. T. **Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado visando a análises moleculares**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. 5p. (Embrapa Cerrados Comunicado Técnico, 92).

FERNANDES, F. D.; MELO, J. T.; GOMES, A. C.; GUIMARÃES, D. P. **Valor nutricional de folhas de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth.) e Guariroba (*Syagrus oleracea* Becc.) em sistemas agroflorestais na região do Cerrado.** EMBRAPA CERRADOS, Planaltina, DF. [s.d].

FERREIRA, V. L. P. **Caracterização físico-químico-gioquímica e organoléptica do palmito proveniente da palmeira *Guilielma gasipaes* Bailey (Pupunha) em relação ao palmito da palmeira *Euterpe edulis* Mart. (Juçara).** Dissertação (Mestrada), UNESP, Piracicaba, 1982.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** 3ª ed. Brasília: EMBRAPA – CENARGEN, 1998. pp. 220.

GUERRA, A. T. Notas sobre o palmito em Iguape e Cananéia. **Revista Brasileira de Geografia**, Rio de Janeiro, 3: 93-103, 1957.

GISLENE, S.; BOVI, M. L. A. Palmito: à sombra da lei. **Globo Rural**. Rio de Janeiro, n.69, p.47-51, 1991.

GOMES, D. M. **Variabilidade fenotípica de caracteres vegetativos e reprodutivos em população de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth),** Dissertação (Mestrado), Unicamp, Campinas – SP. 2007.

LACERDA, D. R.; ACEDO, M. D. P.; LEMOS FILHO, J. P.; LOVATO, M. B. **A técnica de RAPD: uma ferramenta molecular em estudos de conservação de plantas.** UFMG, iSSN 1676-6180. *Lundiana* 3(2): 87-92, 2002.

LAM, V. **Relações de similaridade genética entre espécies de palmeiras com base no estudo de seus cariótipos.** Dissertação (Mestrado), Jaboticabal – SP. 95p., 1998.

LAM, V.; GERALDO, J. S. SILVA, M. A. S.; MATAQUEIRO, M. F.; MORO, J. R. Determinação do número de cromossomos de *Syagrus oleracea*, *Syagrus romanzoffiana* e seu híbrido (aracaceae). In.: Encontro científico dos pós-graduando da FCAV/UNESP, 1, Jaboticabal. **Anais**. p.15. 1997.

LEITE, J. A. C. **Divergência genética, morfométrica e potencial germinativo de *Syagrus romanzoffiana***. Dissertação (Mestrado), UFLA, Lavras 2001.

LEVAN, A.; FREDGA, K.; SANDBERG, A. A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. **Hereditas, Lund**, V.52, n.2, p. 201-220, 1964.

LIMA, G. B. N.; CARVALHO, G. R.; MALUF, W. R. **Cultivo de Palmito de Pupunha**. UFLA, Boletim Técnico de Hortaliças n° 22, ed.1ª, 1999.

LORENZI, H. [et al.]. **Palmeiras brasileiras e exóticas cultivadas**. – Nova Odessa, SP. Instituto Plantarum, ISBN 85-86714-20-8. 2004.

MARTEL, J. H. I **Caracterização de germoplasma de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) por descritores morfológicos**, Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Faculdade de ciências agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, **90p**. 2002.

MARTINS, E. M.; ARAGÃO, W. M.; SANTOS, C. S.; CAMBUI, E. V. F. Coeficientes de determinação genotípica para caracteres vegetativos em cultivares de coqueiro jovens. In.: XVII ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, **Anais...** 2006.

MARTINS, C. M.; XAVIER, G. R.; RUMJANEK, N. G. **Utilização de RAPD como marcador molecular em plantas**. Seropedica: Embrapa Agrobiologia, 2003, 39 p. (Documentos 166), ISSN 1517-8498, 2003.

MARTIUS, C. F. P. (1826): **Historia Naturalis Palmarum**. Volume 2°. Baixado em (www.mobot.mobot.org/w3t/search/vast.html) em 13/12/2007.

MELO, B. de. **Cultivo de embrião *in vitro* da Guarirobeira [*Syagrus oleracea* (Mart.)]** Tese de Doutorado. Lavras; UFLA. 117p. 2000.

MELO, J. T. de; FERNANDES, F. D.; GOMES, A. C.; GUIMARÃES, D. P.: Teores de nutrientes em folhas de Guariroba (*Syagrus oleracea* Becc.) e pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) em sistemas agroflorestais na região do cerrado. **EMBRAPA-CPAC**. Planaltina, DF. 2002

MELO, J. T.; e GUIMARÃES, D. P. **A cultura de guariroba em sistemas agroflorestais na região do Cerrado**; EMBRAPA, portal da pesquisa agropecuária. Disponível em <<http://www.cpac.embrapa.br/artigo1.htm>>. Acesso em: 14 de julho de 2003.

MOBOT, **Missouri Botanical Garden's**. Disponível em <<http://www.mobot.mobot.org/cgi-bin/sarchvast>> Acessado em 07 de novembro de 2007.

MONTEIRO, M. A. M.; STRINGHETA, P. C.; COLELHO, D. T.; MONTEIRO, J. B. R. Estudo sensorial de sopa-creme formulada à base de palmito. **Ciência Tecnologia Alimentos**, Campinas, 21(1): 5-9, 2001.

MOURA, E. F. **Divergência genética entre acessos de Jaborandi (*Pilocarpus microphyllus*)**. Dissertação (Mestrado). Lavras, UFLA. 73p. 2003.

NASCENTE, A. S. Caracterização morfológica de progênies nativas de Guariroba (*Syagrus oleracea* Becc.) no Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 33 (2): 113-115, 2003.

NASCENTE, A. S.; PEIXOT, N.; SANTOS, C. W. F. Peso de sementes e emergência de plântulas de Guariroba (*Syagrus oleracea* Becc.). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 30(2): 77-79. 2000.

NISHIKAWA, M. A. N. **Avaliação de progênies de meio irmãos de pupunha (*Bactris gasipaes* H.B.K.)**, Dissertação (Mestrado), UNESP, campus Jaboticabal, Jaboticabal, 1995.

NEGRÃO, M. O. **Estrutura genética de populações naturais de *Syagrusromanzoffiana* (Arecaceae) do continente (Serra do Mar, SP) e da Ilha dos Alcatrazes.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 78p. 1999.

NUCCI, S. M. **Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba.** Dissertação (Mestrado), UNICAMP, Campinas, SP. 2007.

NUNES, H. F. Associação entre características morfológicas, físicas, químicas e organolépticas do palmito de guariroba. (2007). p.33-47. **In.: Melhores trabalhos de iniciação Científica / UFG / PRPPG – Goiânia: Funape / Pibic, 2006-2007. 244p. 2007.**

NUNES, H. F.; REIS, E. F.; PINTO, J. F. N. Estudo comparativo do consumo de Gueroba (*Syagrus oleracea* Becc.). In: SEMANA DE BIOLOGIA – SEMABIO. Jataí. **Anais** eletrônicos da IV Semana de Biologia [CD-ROM], Jataí: Campus Jataí / UFG. 2007.

OLIVEIRA, M. S. P. **Caracterização molecular e morfo-agronômica de germoplasma de açaizeiro.** Tese (Doutorado). UFLA, Lavras, 2005.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, Brasília, v.42, n.4, p.501-506. 2007.

OLIVEIRA, E. R.; PARREIRA, E. T.; ORSINE, G. F.; FERRAZ, H. T.; LOPES, D. T.; PASCOAL, L.M.; MACEDO, E. P.; RAMOS, R. C.; REZENDE, S. L. S.; SILVEIRA, C. E. A. H. Cinética da degradação ruminal *in situ* da matéria seca dos resíduos e folha da palmeira de guariroba (*Syagrus oleracea*). In: I CONPEEX. **Anais**. UFG. Goiânia - GO. 2004.

PEQUENO, S. A.; PINHEIRO, J. B.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; COELHO, A. S. G.; TRINDADE, M. G. Determinação do número de marcadores RAPD para estudos da diversidade genética em soja utilizando o método BOOTSTRAP. **Bioscience Journal**. UFU. Uberlândia, v.19, n.2, p. 45-48, 2003.

PEREIRA, A. V.; VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v.15, p.115-124, 1992.

PINTO, J. F. N.; PEREIRA, I. M.; REIS, E. F. Comportamento de Diferentes Genótipos de Geroba em Nível de Viveiro. In: I CONPEEX. **Anais**. UFG. Goiania - GO. 2004.

RIBEIRO, F. E. **Divergência genética entre populações de coqueiro gigante (*Cocos nucifera* L.) do Brasil**. Dissertação (Mestrado), UFLA, Lavras, 1993.

RIBEIRO, F. E. R.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p.1615-1622. 1999.

RODRIGUES, D. P. **Análise das morfo-raças primitivas de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth) mantidas no banco ativo de germoplasma de pupunha com marcadores moleculares RAPDs**. Brasília UnB, 2001. Dissertação (Mestrado), Universidade de Brasília /UFAM, 2001.

ROSSATO, M. **Recursos genéticos de palmeiras do gênero *Butia* do Rio Grande do Sul**. Tese (Doutorado). UFP (Universidade Federal de Pelotas) Pelotas, 2007.

SAIK, R. K.; GELFAND, D. H.; STOEFFEL, S.; SHCARF, S. J.; HIGUCHI, G.; HORN, G. T.; MULLIS, K. B.; ERLICHI, H. A 1998 Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. **Science**. 239:487 -491.

SANTELLI, P. **Fisiologia Pós-colheita de frutos das palmeiras *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. e *Mauritia vinifera* Mart.**. Dissertação (Mestrado). UnB, Brasília – DF, 2005.

SAWAZAKI, H. E. **Caracterização da diversidade genética em plantas cítricas, palmeiras e Brássicas através de isoenzimas e RAPD**. Tese (Doutorado) Campinas, SP : [s.n.], 1995.

SAWAZAKI, H. E.; BOVI, M. L. A.; SODEK, L.; COLOMBO, C. A. Diversidade Genética em palmeiras através de isoenzimas e RAPD, **Revista Brasileira de Biologia**, 58(4): 681-691, 1998.

SCHUSTER, I. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados** / Ivan Schuster, Cosme Damião Cruz, - Viçosa : UFV, 2004. Cap. 01, p 13-63.

SILVA, C. C. **Análise molecular e validação de raças primitivas de pupunha (*Bactris gasipaes*) por meio de marcadores RAPD**. Dissertação (mestrado), São Carlos: UFSCar, 68 p. 2004.

SILVA, D. M. **Análise molecular e morfométrica em populações naturais de *Eupemphix nattereiri*, 1863 (Amphibia: Anura: Leptodactylidae) do Brasil Central**. Tese (Doutorado). UNB. Brasília-DF. 2006.

SODRÉ, J. B. **Morfologia das Palmeiras como meio de identificação e uso paisagístico**. (Monografia). UFLA. Lavras – Minas Gerais, 62p. 2005.

SOUSA, N. R.; RODRIGUES, D. P.; CLEMENT, C. R.; NAGAO, E. O.; ASTROFI-FILHO, S. Discriminação de raças primitivas de pupunha (*Bactris gasipaes*) na amazônia brasileira por meio de marcadores moleculares (RAPDs). **Acta Amazônica**. 31(4): 539-545. 2001.

STATSOFT INC. **Statistica for Windows [Computer program manual]** Tulsa, OK. StatSoft Inc. 2300 East 14th Street, Tulsa. 1999.

STEEL, R. G. D; TORRIE, J. H. **Principales and procedures of statistics**. New York: McGraw-Hill book company, 481p. 1960.

STEGEMANN, C.; RAMOS, M. Palmito: do jardim ao campo. **Globo rural**, Rio de Janeiro, n.138, p.46-48, 1997.

TELLES, M. P. C. **Estrutura genética populacional de *Physalaemus cuvieri* fitzinger, 1826 (Anura: Leptodactylidade) e padrões de ocupação humana no estado de Goiás**. Tese (Doutorada), UFG. Goiânia – GO, 2005.

TELLE, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; COELHO, A. S. G.; CHAVES, L. J. Autocorrelação especial das frequências alélicas em subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC., Myrtaceae) no sudeste de Goiás. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, V.24, n.2, p.145-154, 2001.

TEXEIRA, C. G. Palmito: fino vegetal brasileiro é industrializado em condições precárias. **Tecnologia de Alimentos e Bebidas**, São Paulo, 2(3): 12-13, 1996.

UZZO, R. P.; BOVI, M. L. A.; SPIERING, S. H.; SÁES, L. A. Coeficiente de caminhamento entre caracteres vegetativos e de produção de palmito da palmeira real australiana. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.21, n.1, p. 136-142, 2004.

UZZO, R. P.; BOVI, M. L. A.; SPIERING, S. H.; SÁES, L. A. Correlações fenotípicas entre caracteres vegetativos e de produção de palmito da palmeira real australiana. **Scientia Agricola**, v.59, n.3, p.505-511 2002.

VEJA, F. V. A.; BOVI, M. L. A.; SPIERING, S. H.; JÚNIOR, G. G.: Relações alométricas para estimativa da fitomassa aérea em pupunheira. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.1, p.104-108, 2004.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA W. M. G.; JUNQUIERA N. T. V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, MS. 1CD-ROM. 2005.

WADT, L. H. O. **Avaliação de divergência genética em coqueiro (*Cocos nunciífera* L.) usando marcadores RAPD em amostras de plantas individuais ou compostas.** Tese (Doutorado), Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 1997.

YUYAMA, K. Melhoramento de pupunheira para produção de palmito no INPA. **In.: Reunião Técnica do Projeto de Probio/MMA Pupunha – raça primitivas e parentes silvestres**, Manaus, Amazonas, 2005.

YOTOKO, K. S. **Caracterização da variabilidade genética da mosca do Berne *Dermatobia hominis* (Díptera: Oestridae) através da técnica de RAPD-PCR.** Dissertação (Mestrado). Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP: [s.n.], 69 p. 1998.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 1, p. 67-72, 2003.

YUYAMA, K.; F., W. B.; PEREIRA, B. G.; SILVA, I. A. Efeito da densidade de plantas e da adubação NPK na produção inicial de palmito de pupunheira. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**. nº.29, p.373-378, 2005.