



DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE CAJUEIRO ANÃO PRECOCE UTILIZANDO CARACTERES MORFOLÓGICOS

José Itamar Frota Júnior¹, Eveline Nogueira Lima², Maria Emília Bezerra de Araújo³, Ingrid Bernardo de Lima⁴, Joilson Silva Lima⁵.

¹Doutor em Biotecnologia/Professor assistente III, Centro Universitário Estácio/FIC, Fortaleza, Brasil. E-mail: itamarfrota@yahoo.com.br

²Doutoranda em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Brasil

³Mestranda em Agronomia/ Engenharia Agrícola, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Brasil

⁴Doutoranda em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Brasil

⁵Doutorando em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Brasil

Recebido em: 05/12/2014 – Aprovado em: 14/12/2014 – Publicado em: 15/12/2014

RESUMO

O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de caracterizar marcadores morfológicos de progênies de cajueiro, no intuito de selecionar progênies mais divergentes para realização de cruzamentos, visando à geração de genótipos superiores e o desenvolvimento de clones comerciais. Foram utilizadas 50 progênies de cajueiro anão precoce da coleção da Embrapa Agroindústria Tropical, instaladas no Campo Experimental de Pacajus-CE. Foram utilizadas as seguintes variáveis: altura da planta, diâmetro da copa, número de castanhas e produção. Utilizou-se a Distância Euclidiana para análise da distância genética e os métodos de Tocher e UPGMA para a análise de agrupamento. A produção foi a variável que obteve maior contribuição relativa para a divergência genética com 97,80%. A utilização do método de otimização de Tocher, fundamentado na dissimilaridade expressa pela Distância Euclidiana, possibilitou a distribuição de 11 grupos, além da formação de 15 subgrupos. O material mais divergente foi o CNPAT 92-331 oriundo da Fazenda Capisa, Os mais similares formaram o subgrupo I; CNPAT 92-54 e CNPAT 92-58 com 95% de similaridade.

PALAVRAS-CHAVE: Distância Euclidiana, Divergência genética, Melhoramento genético.

GENETIC DIVERGENCE AMONG PROGENIES HALF-BROTHERS DWARF CASHEW USING MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS

ABSTRACT

This study was conducted with the objective to characterize morphological markers of progeny cashew of Embrapa, as well as selecting the most divergent offspring to carry crossing in order to generate superior genotypes and the development of commercial clones. 50 progenies of dwarf cashew installed at the Experimental Field of Pacajús CE were used. Were used the following variables: plant height, crown diameter, number and production of cashews. Euclidean distance was used for the analysis of genetic distance. UPGMA and Tocher method were used for cluster analysis. The production was the variable with highest relative contribution to divergence with 97.80%. The use of the Tocher method, based on dissimilarity expressed by Euclidean distance, enabled the distribution of eleven groups, besides the formation of 15 subgroups. The material most divergent was CNPAT 92-331 arising of Capisa Farm and the more similar was form the subgroup I; CNPAT CNPAT 92-54 and 92-58 with 95% similarity.

KEYWORDS: Euclidian distance, Breeding, Morphological markers.

INTRODUÇÃO

O cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) é uma planta tropical originária do Brasil (GIANG et al., 2013), que tem como centro de dispersão o litoral do Nordeste brasileiro. No entanto, encontra-se hoje espalhado por quase todo o território nacional, além de países da África e da Ásia. Apesar de ser encontrado praticamente em todos os estados brasileiros, adapta-se melhor às condições ecológicas do litoral do Nordeste (BRAINER et al., 2006). Segundo CARDOSO & VIANA (2011), relatos inéditos dos primeiros colonizadores, atestando a disseminação e o uso do cajueiro, além da ocorrência de todas as espécies de *Anacardium* no continente americano, demonstram, de maneira inquestionável, a origem brasileira dessa frutífera.

O gênero *Anacardium* L. pertence à família anacardiaceae (BARROSO, 1999 citado por REIS et al., 2014) é bastante conhecido devido à amêndoa da castanha do caju (ACC), uma deliciosa e nutritiva amêndoa produzida por plantas de cajueiro (VIEIRA et al., 2014). É considerada uma das mais importantes espécies cultivadas das regiões tropicais (AMORIM et al., 2011).

De acordo com a FAO (2013), a produção mundial de castanha de caju *in natura* da safra 2011 foi contabilizada em 4.201.010 toneladas. Onde Vietnam, Nigéria, Índia, Costa do Marfim, Brasil, Filipinas, Guiné-Bissau e Indonésia foram os principais produtores de castanha de caju. No Brasil em 2013 a área colhida e a produção de ACC são respectivamente de aproximadamente 708.430 ha e 259.950 toneladas, considerando a área plantada em todos os estados produtores de caju em 2012 (IBGE, 2013).

Apesar da importância econômica e social, a cadeia do caju é desarticulada. O segmento da produção caracteriza-se pela ocorrência de mais de 90% da área plantada com cajueiro comum de porte alto, baixa produtividade, idade avançada e inadequado manejo (FRANÇA et al., 2008). A baixa produtividade das lavouras é o problema mais significativo da cajucultura no Brasil, com média de 220 kg de castanhas *in natura* por

hectare, razão pela qual são buscados cultivares mais produtivos (BARROS , 1995). No entanto, é possível se obter, em condições favoráveis, produtividades de 600 a 1.200 kg de castanha por hectare, desde que utilizada a tecnologia adequada, e plantas com maior potencial produtivo (OLIVEIRA, 2007).

Diversos fatores contribuem para a baixa produtividade dos atuais plantios, dentre eles a propagação realizada por sementes é a principal, já que o cajueiro é uma espécie predominantemente alógama, o que resulta na heterogeneidade de diversos caracteres da planta (CRISÓSTOMO et al.,1992; BARROS et al., 2002; PAIVA & BARROS, 2004). Entretanto, os programas de melhoramento genético do cajueiro têm obtido excelentes resultados e, uma ferramenta de grande importância para auxiliar na superação desses problemas tem sido a seleção assistida por marcadores moleculares (SAM), que consiste na integração de informações da genética molecular com a seleção fenotípica e, que se estabelece como uma das mais potentes estratégias para o melhoramento de plantas (LANDE & THOMPSON, 1990).

A diversidade genética entre um grupo de genitores tem sido avaliada objetivando-se identificar combinações híbridas de maior heterose e maior efeito heterótico, de modo que, em suas gerações segregantes, se obtenha uma possibilidade maior de se recuperar genótipos superiores (FIGUEIRÉDO et al., 2007). Este trabalho teve como objetivo caracterizar e avaliar a diversidade genética de progênies do banco ativo de gemoplasma da Embrapa Agroindústria Tropical por meio de marcadores morfológicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas no estudo, 50 progênies de meio-irmãos de cajueiro anão precoce oriundos da coleção da Embrapa Agroindústria Tropical instalada no Campo Experimental de Pacajus – Ceará – Brasil, cujas coordenadas geográficas são 4°10' S e 38°27' W e a altitude de 60m acima do nível do mar. O experimento foi implantado em 1993 possuindo 600 plantas, sendo 49 progênies e 1 testemunha (CP 06), oriundas dos estados do Piauí e Ceará.

O delineamento experimental original foi constituído em blocos ao acaso com 50 tratamentos, três repetições (Tabela 1), com quatro plantas/parcela, no entanto para este trabalho não foi considerado este delineamento.

TABELA 1. Progênes instaladas no campo experimental da Embrapa em Pacajus-CE.

Identificação (dendrograma)	Progênie tratamento	Origem
01	CNPAT 92-01	Faz. Capisa
02	CNPAT 92-05	Faz. Capisa
03	CNPAT 92-10	Faz. Capisa
04	CNPAT 92-11	Faz. Capisa
05	CNPAT 92-20	Faz. Capisa
06	CNPAT 92-26	Faz. Capisa
07	CNPAT 92-27	Faz. Capisa
08	CNPAT 92-30	Faz. Capisa
09	Progênie CP 06	Progênie CP 06
10	CNPAT 92-40	Faz. Capisa
11	CNPAT92-45	Faz. Capisa
12	CNPAT 92-46	Faz. Capisa
13	CNPAT 92-50	Faz. Capisa
14	CNPAT 92-52	Faz. Capisa
15	CNPAT 92-54	Faz. Capisa
16	CNPAT 92-56	Faz. Capisa
17	CNPAT 92-58	Faz. Capisa
18	CNPAT 92-62	Faz. Capisa
19	CNPAT 92-67	Faz. Capisa
20	CNPAT 92-71	Faz. Capisa
21	CNPAT 92-73	Faz. Capisa
22	CNPAT 92-76	Faz. Itaueira
23	CNPAT 92-83	Faz. Itaueira
24	CNPAT 92-88	Faz. Itaueira
25	CNPAT 92-92	Faz. Itaueira
26	CNPAT 92-312	Faz. Capisa
27	CNPAT 92-314	Faz. Capisa
28	CNPAT 92-322	Faz. Capisa
29	CNPAT 92-323	Faz. Capisa
30	CNPAT 92-327	Faz. Capisa
31	CNPAT 92-329	Faz. Capisa
32	CNPAT 92-330	Faz. Capisa
33	CNPAT 92-331	Faz. Capisa
34	CNPAT 92-333	Faz. Capisa
35	CNPAT 92-335	Faz. Capisa
36	CNPAT 92-337	Faz. Capisa
37	CNPAT 92-338	Faz. Capisa
38	CNPAT 92-339	Faz. Capisa
39	CNPAT 92-342	Faz. Capisa
40	CNPAT 92-343	Faz. Capisa
41	Progênie CP 06	Progênie CP 06
42	CNPAT 92-346	Faz. Capisa
43	CNPAT 92-347	Faz. Capisa
44	CNPAT 92-353	Faz. Capisa
45	CNPAT 92-354	Faz. Capisa
46	CNPAT 92-371	Faz. Capisa
47	CNPAT 92-377	Faz. Capisa
48	CNPAT 92-378	Faz. Capisa
49	CNPAT 92-382	Faz. Capisa
50	CNPAT 92-385	Faz. Capisa

No intuito de avaliar variáveis quantitativas foram coletados junto à Embrapa Agroindústria Tropical, dados do experimento das seguintes características: média do diâmetro da copa e altura da planta (intervalo de dois anos consecutivos); média da produção por planta em gramas e número de castanhas por planta (intervalo de três anos consecutivos).

As medidas de dissimilaridade foram calculadas por meio da distância Euclidiana obtida a partir das médias das progênies conforme proposto por CRUZ & REGAZI (1997). Conforme recomendação desses autores, em virtude das diferentes escalas de mensuração dos dados originais, esses foram padronizados antes da análise.

As análises estatísticas dos dados obtidos foram realizadas por meio do estudo da divergência genética por análise de agrupamento. A análise de agrupamento foi realizada aplicando-se a distância Euclidiana média, baseado na ligação média (UPGMA) e método de Tocher. A obtenção das médias foi realizada utilizando-se o aplicativo Microsoft Excel e os cálculos da divergência genética foram realizados por meio do aplicativo GENES (CRUZ, 2006).

Além do estudo para formação de grupos, também foram efetuadas as seguintes etapas: investigação da contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética; estimativa da maior distância, dentre o conjunto de menores distâncias, entre cada progênie; estimativa das distâncias médias intergrupos correspondentes aos grupos formados.

Subsequentemente procedeu-se à elaboração da dispersão gráfica, utilizando os resultados da análise de conglomeração intra e intergrupos entre as progênies, os quais foram obtidos com base na estatística (D) Euclidiana. Todas as análises foram realizadas utilizando-se o aplicativo computacional GENES (CRUZ & REGAZI, 1997).

O experimento recebeu tratamentos culturais como roçagem e poda drástica, esta última com o intuito de renovar a copa das árvores, assim como, eliminar possíveis galhos, ramos praguejados, ou com fonte de inóculo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As distâncias D mínimas e máximas entre as progênies estudadas estão apresentadas na Tabela 2. Verificam-se nas distâncias máximas que a maior parte das progênies avaliadas, apresentaram suas distâncias D máximas quando combinadas com a progênie 33 (CNPAT 92-331), sendo os maiores valores de divergência genética obtidos entre as progênies 33 (CNPAT 92 – 331) e 24 (CNPAT 92 – 88) ($D=9.838002$), indicando que a progênie CNPAT 92 – 331 como a mais divergente entre todas.

O menor valor D foi atribuído às progênies 15 (CNPAT 92 – 54) e 17 (CNPAT 92 – 58) ($D=0,196645$) indicando grande similaridade entre essas duas progênies para os caracteres estudados. A maior similaridade genética pode ser atribuída a uma base genética semelhante, em virtude de ambas as progênies serem oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical, ambas as progênies são também oriundas do mesmo local (Fazenda Capisa).

TABELA 2. Distâncias Euclidianas máximas e mínimas entre as 50 progênes de caju.

Progênes	Distância entre progênes (D)			
	Mínimas		Máximas	
1 – CNPAT 92-01	0,566030	47	7.831182	33
2 – CNPAT 92 - 05	0,405576	40	7.012415	33
3 – CNPAT 92 – 10	0,689864	20	8.037796	33
4 – CNPAT 92 – 11	0,462259	40	6.756918	33
5 – CNPAT 92 - 20	0,983963	35	6.977633	33
6 – CNPAT 92 – 26	0,916708	12	5.809638	33
7 – CNPAT 92 – 27	0,437957	11	6.82554	33
8 – CNPAT 92 – 30	0,399293	21	8.796137	33
9 – CP 06 - T	0,807563	17	9.360662	33
10 – CNPAT 92 – 40	0,776043	16	8.042723	33
11 – CNPAT 92 – 45	0,437957	7	7.00353	33
12 – CNPAT 92 – 46	0,916708	6	6.009099	33
13 – CNPAT 92 - 50	0,380082	27	8.34521	33
14 – CNPAT 92 – 52	0,361166	44	8.434457	33
15 – CNPAT 92 – 54	0,196645	17	9,637268	33
16 – CNPAT 92 – 56	0,776043	10	7.489087	33
17 – CNPAT 92 – 58	0,196645	15	9.491659	33
18 – CNPAT 92 – 62	0,687846	42	8.581842	33
19 – CNPAT 92 – 67	0,271586	50	8.378056	33
20 – CNPAT 92 – 71	0,689864	03	8.391821	33
21 – CNPAT 92 – 73	0,289055	27	8.810114	33
22 – CNPAT 92 – 76	0,407515	17	9.09952	33
23- CNPAT 92 – 83	0,246280	18	9.15565	33
24 – CNPAT 92 – 88	0,555721	15	9.838002	33
25 – CNPAT 92 – 92	0,552199	28	8.76157	33
26 – CNPAT 92 – 312	0,361886	44	8.055585	33
27 – CNPAT 92 – 314	0,289055	21	8.523275	33
28 – CNPAT 92 – 322	0,534020	14	8.211826	33
29 – CNPAT 92 – 323	0,919772	45	6.914409	33
30 – CNPAT 92 -327	0,484870	11	7.328827	33
31 – CNPAT 92 – 329	1.076154	34	7.407616	33
32 – CNPAT 92 - 330	1.188369	39	5.556375	24
33 – CNPAT 92 – 331	4.483079	32	9.838002	24
34 – CNPAT 92 – 333	0,955505	37	7.421194	33
35 – CNPAT 92 – 335	0,807175	26	7.700528	33
36 – CNPAT 92 – 337	0,688559	28	7.911739	33
37 – CNPAT 92 – 338	0,360376	41	6.981741	33
38 – CNPAT 92 – 339	0,808265	43	6.44053	33
39 – CNPAT 92 – 342	1.188369	32	5.972785	24
40 – CNPAT 92 – 343	0,405576	02	6.915974	33
41 – CNPAT 92 – T	0,215490	45	7.240775	33
42 – CNPAT 92 – 346	0,687846	18	7.935696	33
43 – CNPAT 92 – 347	0,808265	38	6.144762	33
44 – CNPAT 92 – 353	0,356502	50	8.343956	33
45 – CNPAT 92 – 354	0,215490	21	7.177843	33
46 – CNPAT 92 – 371	0,697656	18	8.290045	33
47 – CNPAT 92 - 377	0,319760	48	7.841135	33
48 – CNPAT 92 – 378	0,319760	47	7.761972	33
49 – CNPAT 92 – 382	0,932925	12	6.062398	33
50 – CNPAT 92 - 385	0,271586	19	8.329785	33

O menor valor D foi atribuído às progênies 15 (CNPAT 92 – 54) e 17 (CNPAT 92 – 58) (D=0,196645) indicando grande similaridade entre essas duas progênies para os caracteres estudados. A maior similaridade genética pode ser atribuída a uma base genética semelhante, em virtude de ambas as progênies serem oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical, ambas as progênies são também oriundas do mesmo local (Fazenda Capisa).

A progênie CNPAT 92-88 (24) oriunda de Canto do Buriti (Pi) (Fazenda Itaueira) se destaca também com distância significativa entre as seguintes progênies: CNPAT 92-330 (32), CNPAT 92-331 (33) e CNPAT92-342 (39), todas oriundas da Fazenda Capisa.

Verifica-se também que a progênie CNPAT 92-331 (33) obteve a menor distância (D=4,48) entre a progênie CNPAT 92-330 (32), oriundas da Fazenda Capisa (Pio Ix, Pi). Analisando a progênie CNPAT 92-330 (32), observou-se que diferentemente da mais divergente, CNPAT 92-331 (33), a menor distância encontrada foi com a progênie CNPAT 92-342 (32) e a maior distância com a progênie CNPAT 92-88 (24).

Pela Distância Euclidiana média pode-se sugerir que as progênies CNPAT 92-330 (32) e CNPAT 92-88 (24), CNPAT 92-331 (33) e CNPAT 92-88 (24), CNPAT 92-88 (24) e CNPAT 92-331 (33) e CNPAT 92-342 (39) e CNPAT 92-88 (24) a priori, poderão ser utilizadas no programa de melhoramento genético do cajueiro da Embrapa Agroindústria Tropical, pelo fato das mesmas terem apresentado maior distância genética (5,56, 9,83, 9,83 e 5,97) respectivamente. A progênie CNPAT 92-331 (33) foi de fato a mais divergente entre todas as demais onde neste caso se classifica como aquela que poderá ser utilizada no programa de melhoramento genético do cajueiro entre praticamente todas as demais progênies. Examinando a Tabela 3, observa-se que a variável que mais contribuiu para a divergência genética foi a produção com 97,80%.

TABELA 3 - Contribuição relativa das variáveis resposta para a divergência genética em 50 progênies de cajueiro.

Variável resposta	Contribuição relativa das variáveis resposta para a divergência genética (%)
Altura	0,0003
Diâmetro	0,0005
Número de castanhas	2,1943
Produção	97,8049

Avaliando genótipos obtidos de cruzamentos entre cajueiro anão precoce, CAVALCANTI et al. (2003), identificaram incrementos médios de 12%, 19%, 98% e 97%, para altura da planta, diâmetro da copa, número de castanhas por planta e produtividade, respectivamente. Além desses caracteres, CRISÓSTOMO et al. (2002) detectaram heterose para os relacionados ao pedúnculo, com valores e até 100% para a concentração de tanino, 52% para a acidez total, 10% para teores de sólidos solúveis, 22% para textura do pedúnculo e -9% para o Ph.

Já PAIVA et al. (1998) estudado os efeitos da depressão por endogamia sobre as características vegetais e de produção, aos 12, 18 e 29 meses de idade das plantas, comparando progênies de clones de cajueiro anão precoce originárias de

autofecundações, polinizações livres e de cruzamentos controlados, mostraram pelos resultados que houve reduções significativas de até 15,4% no caráter altura da planta, 19,5% no diâmetro da copa, 11,6% no peso da castanha, 12,4% , 12,4% no peso da amêndoa e de 48% na produção.

CAVALCANTI et al. (2000) avaliaram a heterose em plantas oriundas do cruzamento entre tipos comum e anão precoce, constataram efeitos de 20% para a altura da planta, 32% para diâmetro da copa, 121% para número de castanhas por planta, 192% para produtividade, 15% para peso da castanha e 19% para peso da amêndoa.

Estudos de diversidade baseados na análise de vários caracteres morfológicos, tomados de cada indivíduo ou acesso, podem ser realizados por meio do emprego de métodos multivariados. A confiabilidade dos resultados é maior quando os dados são obtidos a partir de um delineamento experimental com repetições. Entretanto, essa estratégia é muito difícil quando se trabalha com plantas perenes arbóreas, como no caso do cajueiro, e impraticável quando se avaliam indivíduos de populações naturais (PESSONI, 2007).

SAMAL et al., (2003), avaliando 20 variedades de cajueiro através de oito componentes morfométricas relacionadas com o padrão de ramificação, florescimento, razão sexual entre flores na panícula e de produção de castanha, por um período de três anos consecutivos. Baseado nas Análises de divergência na distância de Gower, e de agrupamento, por UPGMA, evidenciaram a formação de quatro grupos distintos com nível de similaridade igual ou superior a 70%. Entretanto, o maior grupo foi formado por 12 genótipos, enquanto dois grupos foram formados cada um por um genótipo apenas.

Observou-se a formação de 11 grupos e 15 subgrupos (Tabela 4). Destaque para o grupo XI com apenas uma progênie (CNPAT 92-331). As 50 progênies avaliadas foram separadas em onze grupos, quando se fez um corte vertical a uma distância de ligação em torno de 18% no agrupamento hierárquico das progênies com base nas variáveis respostas avaliadas (Figura 1). Esse ponto de corte permite visualizar os onze grupos formados onde o último ficou isolado apenas com a progênie CNPAT 92-331 (33).

Pelo fato da progênie CNPAT 92-331 (33) ter constituído um grupo isolado das demais, conclui-se que a mesma seja a mais divergente entre todas as outras, onde também pode-se enfatizar as progênies CNPAT 92-330 (32) e CNPAT 92-342 (39) como as mais divergentes entre as demais. Observa-se também que as progênies CNPAT 92-76 (22), CNPAT 92-88 (24) e CNPAT 92-83 (23), todas oriundas da Fazenda Itaueira, ficaram localizadas no subgrupo I do grupo I, no entanto, a progênie CNPAT 92-92 (25), também oriunda do mesmo local, ficou no subgrupo 2 do grupo 3.

Segundo RAHMAN et al., (2002), a identificação de genótipos superiores com base na divergência genética é a estratégia mais adequada para iniciar um programa de melhoramento. Sendo importante ressaltar que é mais efetivo realizar cruzamentos entre genótipos altamente divergentes, e que também apresentem bom potencial produtivo.

TABELA 4- Subgrupos formados pelas 50 progênies de caju baseado na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana.

Grupo	Subgrupo	Progênies
I	Subgrupo I	CNPAT 92 -54, CNPAT 92-58, CNPAT 92-76, CNPAT 92-88, CNPAT 92-83.
	Subgrupo II	Progênie CP 06.
II	Subgrupo I	CNPAT 92-62, CNPAT 92-346.
	Subgrupo II	CNPAT 92-371.
III	Subgrupo I	CNPAT 92-377, CNPAT 92-378, CNPAT 92-01, CNPAT 92-337.
	Subgrupo II	CNPAT 92-92, CNPAT 92-322, CNPAT 92-73, CNPAT 92-314, CNPAT 92-30, CNPAT 92-50, CNPAT 92-312, CNPAT 92-67, CNPAT 92-385, CNPAT 92-353, CNPAT 92-52.
IV	Subgrupo I	CNPAT 92-26, CNPAT 92-46.
V	Subgrupo I	CNPAT 92-05, CNPAT 92-343, CNPAT 92-11, CNPAT 92-20, CNPAT 92-335.
	Subgrupo II	CNPAT 92-323, CNPAT 92-382, Progênie CP 06, CNPAT 92-354, CNPAT 92-338, CNPAT 92-27, CNPAT 92-45, CNPAT 92-327.
VI	Subgrupo I	CNPAT 92-10, CNPAT 92-71.
VII	Subgrupo I	CNPAT 92-339, CNPAT 92-347.
VIII	Subgrupo I	CNPAT 92-329, CNPAT 92-333.
IX	Subgrupo I	CNPAT 92-40, CNPAT 92-56.
X	Subgrupo I	CNPAT 92-330, CNPAT 92-342.
XI	Subgrupo I	CNPAT 92-331.

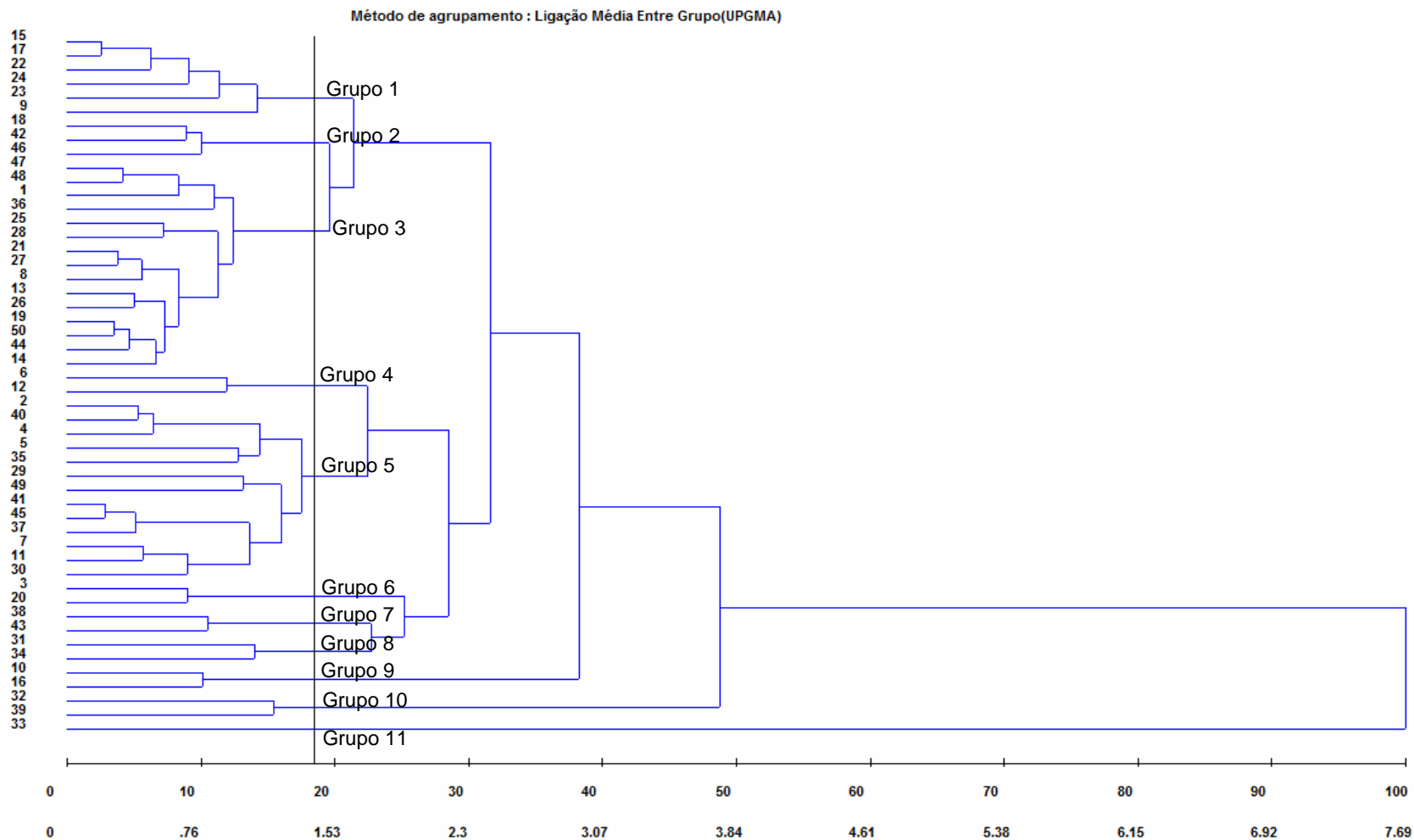


FIGURA 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 50 progênies de cajueiro anão precoce pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA), utilizando-se a distância Euclidiana (D) como medida de dissimilaridade.

As progênies mais divergentes foram CNPAT 92-331 (33), CNPAT 92-342 (39) e CNPAT 92-330 (32). ARCHAK et al. (2003) comparando a eficiência e utilidade em três tipos de marcadores moleculares (RAPD, AFLP, ISSR) e de descritores morfológicos na medida de variação e de discriminação genotípica de germoplasma de caju, não foi observada a ocorrência de correlação entre o conjunto de 27 descritores morfométricos utilizados e os marcadores moleculares.

De acordo com FRANCO et al. (2001), quando se dispõe de dados fenotípicos morfológicos e de marcadores moleculares para um conjunto de genótipos, os estudos de diversidade e de classificação hierárquica são realizados de forma independente, uma análise é baseada nos dados morfológicos, através do cálculo de uma distância métrica padrão (tal como o quadrado da Distância Euclidiana) e da aplicação de uma estratégia de agrupamento como UPGMA ou Ward. Outra classificação é obtida baseada nos atributos moleculares, através da determinação da similaridade ou dissimilaridade genética entre os indivíduos, também seguido da aplicação de uma estratégia de agrupamento dos genótipos.

CONCLUSÃO

Há variabilidade genética na população em estudo que pode ser explorada no programa de melhoramento genético através da seleção de genitores para formar combinações híbridas desejáveis para a obtenção de genótipos superiores.

As progênies mais divergentes foram: CNPAT 92-331 (33), CNPAT 92-342 (39) e CNPAT 92-330 (32) e as mais similares foram CNPAT 92-54 (15) e CNPAT 92-58 (17).

Foram utilizados dados de altura da planta, diâmetro da copa, número de castanhas e produção como características morfológicas. É necessário reunir maior número de características para que haja uma maior proximidade dos valores dos resultados das análises molecular e quantitativa.

REFERÊNCIAS

AMORIM, A. V.; GOMES-FILHO, E.; BEZERRA, M. A.; PRISCO, J. T.; LACERDA, C. F. Produção e fisiologia de plantas de cajueiro anão precoce sob condições de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.15, n.10, p.1014-1020, 2011.

ARCHAK, S; GAIWARD. A.B; GUATAM, D.; RAO, E.V.V.B.; SWAMY, K. R. M. Comparative assesment of DNA fingerprint techinques (RAPD, ISSR and AFLP) for genetic analysis of cashew (*Anacardium occidentale* L.) acessions of Índia. **Genome**, v. 46.p 363 – 369. 2003.

BARROS, L.M.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; ARAÚJO, J.P.P. Cajueiro. In: BRUCKNER, C.H. (Ed.). **Melhoramento de fruteiras tropicais**. Viçosa: UFV, p. 159-176.2002.

BARROS, L. de M. Botânica, origem e distribuição geográfica: IN: ARAÚJO, J.P.P.; SILVA, V.V (org). **Cajucultura: modernas técnicas de produção**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, p. 55-71.1995.

BRAINER, M. S. de C. P; E. F. R. Proposta de zoneamento para a cajucultura. **Série documentos do ETENE, n.10**, Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2006.

CARDOSO, J. E.; VIANA, F. M. P. Impacto potencial das mudanças climáticas sobre as doenças do cajueiro no Brasil. In: GHINI, R.; HAMADA, E.; BETTIOL, W. (Ed.). **Impactos das mudanças climáticas sobre doenças de importantes culturas do Brasil**. Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, p. 161-176.2011.

CAVALCANTI, J. J. V.; PINTO, C. A. B. P.; CRISÓSTOMO, J. R.FERREIRA, D. F. Análise dialéctica para avaliação de híbridos interpopulacionais de cajueiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1567-1575. 2000.

CAVALCANTI, J. J. V.; CRISOSTOMO, J. R.; BARROS, L. M.; PAIVA, J. R. Heterose em cajueiro anão precoce. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, n.3, p.565-570. 2003.

CRISÓSTOMO, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M.; ALVES, R.E.; FREITAS, J.G.; OLIVEIRA, J.N. Melhoramento do cajueiro-anão-precoce: avaliação da qualidade do pedúnculo e a heterose dos seus híbridos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 24, n. 2, p. 477-480, 2002.

CRISÓSTOMO, J.R.; GADELHA, J.W.R.; ARAÚJO, J.P.P. de; BARROS, L.de M. Consequências do plantio de sementes colhidas de plantas enxertadas ou de plantas de pé franco de cajueiro. **Caju Informativo**, Fortaleza, v.5, n.3. 1992.

CRUZ, C. D.; Programa Genes - **Análise multivariada e simulação**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v. 1. 175 p.

CRUZ, C.D; REGAZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: Viçosa: UFV,1997. 390p.

FAO. Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura <<https://www.fao.org.br>>. Acesso em 24 de novembro de 2014.

FIGUEIREDO, E.V.; ARAGÃO, W.M.; LEAL, M. de L. da S. Divergência genética entre cultivares de coqueiro anão por meio de marcadores morfológicos: **Revista Brasileira de Biociências**, v.5, supl. 1, p. 804-806, jul. 2007.

FRANÇA, F. M. C.; BEZERRA, F. F.; MIRANDA, E.Q de.; SOUSA NETO, J. M de. **Agronegócio do caju no Ceará: cenário atual e propostas inovadoras**. Fortaleza: FIEC-INSTITUTO DE DESENVOLVIMENTO INDUSTRIAL DO CEARÁ. 114p. 2008.

FRANCO, J.; CROSS A, J.; RIBANT, J. M.; BETRA, J.; WARBURTON, M. L.; KHAIRALLAH, M. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. **Theor. Appl. Genet.** V.103, p. 944-952. 2001.

GIANG, N. T. T.; KIEU, N. T.; NAM, T. N.;DAO,D. T. A.; MINH,N. P. Cashew Apple Juice *Anacardium Occidentale* L.Probiotic Fermented from *Lactobacillus acidophilus*. **European Journal of Sustainable Development**, v. 2, n. 3, p. 99-108, 2013.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento sistemático da produção agrícola. <<http://www.sidra.ibge.gov.br/tabela/protabl.asp?c=1613&z=t&o=11&i=P>>. Acesso em 24 de novembro de 2014.

LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, v. 124, p.743-756, 1990.

OLIVEIRA, F. N. S. **Sistema de produção para manejo do cajueiro comum e recuperação de pomares improdutivos**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2007. 36 p. (Sistemas de Produção, 2).

PAIVA, J. R.; BARROS, L. M. **Clones de cajueiro: obtenção, características e perspectivas**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2004. 26 p. (Documentos, 82).

PAIVA, J. R.; BARROS, L. M.; CRISÓSTOMO, J. R.; ARAÚJO, J. P. P.; ROSSETI, A. G.; CAVALCANTI, J. J. V.; FELIPE, E. M. Depressão por endogamia em progênies de cajueiro anão precoce (*Anacardium occidentale* L.) var.nanum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, n.4, p.425-431. 1998.

PESSONI, L.A. **Estratégias de avaliação da diversidade em germoplasma de caju (*Anacardium spp* L.)**. 2007. 159p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2007.

RAHMAN, M.; HUSSAIN, D.; ZAFAR, Y. Estimation of Genetic Divergence among Elite Cotton Cultivars–Genotypes by DNA Fingerprinting Technology. **Crop Science**.v.42. p.2137–2144, 2002. RAO, R. C. Advanced statistical methods in biometric research. New York: J. Wiley.

REIS, A. L. L. E.; SILVA, D. S.; SILVA, K. L.; CHAGAS D. B. Caracterização anatômica e histoquímica de raízes e folhas de plântulas de *Anacardium occidentale* L. (Anacardiaceae). **Revista Árvore**, v.38, n.2, p.209-219, 2014.

SAMAL, S.; ROUT, G.R.; LENKA, P.C. Analysis of genetic relationships between populations of cashew (*Anacardium occidentale* L.) by using morphological characterization and RAPD markers. **Plant Soil Environ**, v.49, n.4, p.176-182, 2003.

VIEIRA, M.; MAYO, S. J.; ANDRADE, I. M. Geometrics morphometrics of leaves of *Anacardium microcarpum* Ducke and *A. occidentale* L. (Anacardiaceae) from the coastal region of Piauí, Brazil. **Brazilian Journal of Botany**.V. 37, 2014.