

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E ISOENZIMÁTICA DO CAJUEIRO  
(*Anacardium occidentale* L.), TIPOS COMUM E ANJO PRECOCE,  
POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS.**

**LEVI DE MOURA BARROS**

**Engenheiro Agrônomo**

**Orientador: Prof. Dr. PAULO SODERO MARTINS**

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas.

**PIRACICABA**

**Estado de São Paulo - Brasil**

**Novembro - 1991**

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da  
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCAP/USP

---

B277c Barros, Levi de Moura  
Caracterização morfológica e isoenzimática do cajueiro  
(Anacardium occidentale L.), tipos comum e anão precoce,  
por meio de técnicas multivariadas. Piracicaba, 1991.  
256p.

Tese - ESALQ  
Bibliografia.

1. Análise multivariada 2. Caju - Caracterização isoenzimática - Análise multivariada 3. Caju - Caracterização morfológica - Análise multivariada 4. Caju - Divergência genética - Análise multivariada 5. Caju - Eletroforese 6. Eletroforese aplicada I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 634.573

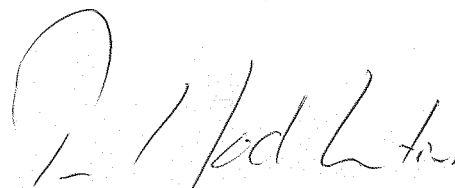
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E ISOENZIMÁTICA DO CAJUEIRO  
(*Anacardium occidentale* L.), TIPOS COMUM E ANÃO  
PRECOCE, POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS

LEVI DE MOURA BARROS

Aprovada em 16/12/91

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Paulo Soderro Martins .....ESALQ/USP  
Prof. Dr. Natal Antonio Vello..... ESALQ/USP  
Prof. Dr. George Jonh Shepperd..... UNICAMP/SP  
Dr. João Pratagil Pereira de Araújo ..... EMBRAPA/CE  
Dr. Paulo de Souza Gonçalves ..... EMBRAPA/IAC/SP



PROF. DR. PAULO SODERO MARTINS  
Orientador

Para meu Pai Cândido (*in memoriam*) que procurou sempre nos mostrar que a caminhada pode ser menos dolorosa quando se diminui os limites da ignorância.

Minha Mãe Luíza e meus irmãos Luiz, Léa, Lana, Lia, Leila, Leide, Lorena e Sérvulo, pelo amor que sempre demonstraram.

**O meu oferecimento**

Para Mariazinha, pelo muito que representou nesta caminhada, e Marina, objetivo maior de todos os sacrifícios.

**A minha dedicação**



## A G R A D E C I M E N T O S

Muitos participaram ou influenciaram para que este trabalho fosse concluído. Nem todos serão relacionados. A todos serei sempre grato. Registro aqui os meus agradecimentos às seguintes pessoas e instituições;

Prof. Dr. Paulo Sodero Martins pela tolerância e orientação;

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/EMBRAPA e Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará/EPACE pela oportunidade concedida;

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico/CNPq, pela bolsa concedida;

Departamento de Genética da ESALQ/USP pela aceitação e seus docentes pelos ensinamentos concedidos;

Cássio Roberto de Melo Godoi, professor da ESALQ/USP, pela concessão de uso do programa SISMUL e Cosme Damião Cruz, professor da UFV/Viçosa-MG, pelas sugestões e concessão de uso do programa GENES;

Lindberg Crisóstomo pelas facilidades concedidas quando na chefia do CNPCa/EMBRAPA;

Todos os colegas do CNPCa/EMBRAPA pela amizade descompromissada e estímulo constante, com referência especial a João Pratagil e Quélzia Maria;

Edson Araújo e Inácio Lino de Almeida, colegas da extinta UPL/EPACE, pela impagável ajuda em todas as fases do curso;

Lucia Helena (*in memorian*) e Antonia Régia, colegas do CNPCa/EMBRAPA, pela coleta de dados no BAG-Caju;

Raimundo Nonato, José Carlos e João Bosco pelo apoio na elaboração do trabalho;

Roberto Cury, pelas análises estatísticas, convivência e amizade;

Bernadete Lovato, Rosângela Simeão e Carlos Pires, colegas de pós-graduação, pela convivência e amizade;

Rosário e Irací Mesquita, João Ribeiro e Sílvia Crisóstomo, Luiz Antonio e Denise Dias, Henrique e Clara dos Santos, Elias e Sandra Tornisielo por todo apoio e amizade, fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho;

Ronaldo Rabello pela inestimável ajuda em todas as fases do curso e amizade demonstrada;

Funcionários do Departamento de Genética da ESALQ/USP, em especial a Terezinha Leme e Rosamary Santos pelo apoio na Biblioteca e Carmem Fernandes, na Secretaria de pós-graduação;

Amigos conquistados em Piracicaba por terem tornado a caminhada mais curta e agradável.

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ix.
SUMMARY.....	xii.
1. INTRODUÇÃO.....	1.
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	6.
2.1. O cajueiro.....	7.
2.1.1. Considerações gerais.....	7.
2.1.2. O cajueiro no Brasil.....	8.
2.1.3. Taxonomia, origem e dispersão.....	10.
2.1.4. Aspectos morfológicos do cajueiro.....	11.
2.1.5. Citogenética, genética e melhoramento.....	15.
2.1.5.1. Cajueiro do tipo comum.....	16.
2.1.5.2. Cajueiro do tipo anão precoce.....	17.
2.2. Divergência genética.....	18.
2.2.1. Considerações gerais.....	18.
2.2.2. Emprego da divergência genética no melhora- mento de plantas.....	21.
2.2.2.1. Divergência e heterose.....	22.
2.2.2.2. Divergência e diversidade geográfi- ca.....	27.
2.2.2.3. Divergência genética em bancos de germoplasmas.....	31.
2.2.3. Métodos de determinação da divergência gené- tica.....	35

2.2.3.1. Análise por componentes principais	36.
2.2.3.2. Distância Euclidiana.....	47.
2.2.3.3. Análise por agrupamento.....	49.
2.3. Isoenzimas.....	51.
2.3.1. Generalidades.....	51.
2.3.2. Uso de isoenzimas como marcadores genéticos.....	52.
2.3.3. Eletroforese de isoenzimas.....	58.
2.3.4. Aplicação de isoenzimas em espécies frutíferas e nozes comestíveis.....	62.
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	67.
3.1. Localização do Banco Ativo de Germoplasma.....	67.
3.2. Materiais.....	69.
3.2.1. Primeira etapa.....	69.
3.2.2. Segunda etapa.....	70.
3.3. Metodologia.....	71.
3.3.1. Caracterização botânico-agronômica.....	71.
3.3.2. Caracterização isoenzimática.....	78.
3.3.2.1. Sistemas enzimáticos utilizados...78.	
3.3.2.2. Procedimentos laboratoriais.....	80.
3.3.3. Análise de componentes principais, estimativas das distâncias genéticas e agrupamentos dos acessos.....	86.
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	89.
4.1. Descritores botânico-agronômicos.....	89.

4.1.1. Análise dos componentes principais.....	89.
4.1.1.1. Variância dos componentes.....	90.
4.1.1.2. Dispersão multivariada dos acessos com base nos componentes principais .....	91
4.1.2. Distância Euclidiana média entre os acessos e agrupamentos pelo método de Tocher.....	100.
4.2. Descritores isoenzimáticos.....	112.
4.2.1. Padrões isoenzimáticos.....	112.
4.2.1.1. Sistema Peroxidase.(PER).....	113.
4.2.1.2. Sistema Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT).....	133.
4.2.2. Análise de componentes principais .....	142.
4.2.2.1. Variância dos componentes.....	142.
4.2.2.2. Dispersão multivariada dos acessos. .....	143.
4.2.2.2.1. Sistema Peroxidase . (PER).....	144.
4.2.2.2.2. Sistema Glutamato oxalo acetato transaminase (GOT).....	147.
4.2.3. Agrupamentos das progénies pelo método de ... Tocher.....	149
4.2.4. Análise comparativa da relação entre a variabilidade botânico-agronômica e a variabilidade isoenzimática.....	153.

5. CONCLUSÕES.....	158.
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	160.
TABELAS.....	186.
FIGURAS.....	236.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E ISOENZIMÁTICA DO CAJUEIRO  
(*Anacardium occidentale* L.), TIPOS COMUM E ANÃO PRECOCE,  
POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS.

Autor: Levi de Moura Barros

Orientador: Prof. Dr. Paulo Soderó Martins

RESUMO

Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de caracterizar parte dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de cajueiros (*Anacardium occidentale* L.) do Centro Nacional de Pesquisa de Caju /EMBRAPA, localizado no município de Pacajus-CE, com ênfase para as diferenças entre os tipos comum e anão precoce. Tais diferenças foram estudadas por meio de técnicas multivariadas aplicadas tanto em descritores botânico-agronômicos como em frequências de bandas isoenzimáticas obtidas, através da eletroforese, para os sistemas peroxidase (PER) e glutamato oxaloacetato transaminase (GOT), de uma progênie de cinco indivíduos de cada um dos acessos.

Foram estudados 67 acessos avaliados para 30 caracteres morfométricos, sendo dez do tipo anão precoce, coletados no Estado do Ceará e propagados por semente e, 57 do tipo comum dos quais 27 foram coletados em diferentes municípios do Estado do Ceará. Destes, 13 foram propagados

por semente e quatorze por via assexuada. O restante foi introduzido da Índia (nove), Venezuela (onze) e Estado de São Paulo (dez). Para o estudo isoenzimático foram avaliadas, além das progênies destes acessos, uma progênie de *Anacardium microcarpum* Ducke e outra de *Anacardium sp.* Camocim, como ponto de referência na interpretação dos dados.

As estimativas da divergência genética foram efetuadas por meio da análise de componentes principais e medidas de dissimilaridade pela distância Euclidiana média, com agrupamento pelo método de Tocher.

Os resultados mostraram um significativo nível de concordância entre a dispersão multivariada dos acessos por meio dos quatro primeiros componentes principais e o agrupamento com base nas distâncias Euclidianas médias, principalmente para os caracteres morfométricos, demonstrando a importância do emprego de técnicas multivariadas em estudos como o realizado.

A maior dispersão dentro dos cajueiros do tipo comum oriundos do Estado do Ceará, principalmente naqueles propagados vegetativamente, indica ser esse um local de grande variabilidade genética da espécie *Anacardium occidentale* L. razão pela qual a totalidade dos pares de divergência, formados com base nas maiores distâncias Euclidianas médias estimadas, envolveu sempre acessos destes grupos.



Os resultados mostraram também que o cajueiro do tipo anão precoce é bastante diferenciado do tipo comum, com base nos descritores empregados, caracterizando uma forma ou ecotipo da espécie *Anacardium occidentale* L.

Os resultados da eletroforese também apontaram a variabilidade existente entre os acessos estudados, não havendo, no entanto, concordância com os dados morfológicos. Mesmo assim, foram diferenciados o tipo anão precoce pelo sistema PER e o grupo oriundo da Venezuela pelo sistema GOT, caracterizando ecotipos associados com a origem.

MORPHOLOGIC AND ISOENZIME CHARACTERIZATION OF CASHEW NUT  
(*Anacardium occidentale* L.), COMMON AND EARLY DWARF TYPES  
THROUGH MULTIVARIATE METHODS

Author: LEVI DE MOURA BARROS

Adviser: PROF. DR. PAULO SODERO MARTINS

SUMMARY

This work was developed with the objective of characterizing part of the Centro Nacional de Pesquisa de Caju/EMBRAPA germplasm collection of cashew nut (*Anacardium occidentale* L.), localized in Pacajus city at Ceará State of Brazil emphasizing the differences between the common and the early dwarf type. Such differences were studied through multivariate methods applied both to botanic-agronomic descriptors and to band frequencies obtained from peroxidase (PER) and glutamate oxaloacetate transaminase (GOT) systems.

Sixty-seven accessions were evaluated to 30 morphometric characters. From this accessions 10 were early dwarf type collected in Ceara State and propagated by seed and the remainder 57 were common type collected in different locations: 27 in Ceara State of Brazil, of which 14 were vegetatively propagated and 13 seed propagated; 10 in São Paulo State of Brazil; 9 in Indian; 11 in Venezuela.

The last 30 accessions were seed propagated. Besides these, a progeny of *Anacardium microcarpum* Ducke and another *Anacardium* sp., Camocim accessions were included in isozyme study as a referential pattern.

The genetic divergence among accessions estimated through principal components analysis and dissimilarity measurements based on Euclidian distance, with clustering by Tocher method were obtained.

The results showed a significant level of agreement between the multivariate dispersal based on the first four principal components and the clustering based on Euclidian distances.

The largest variability was observed within the group of accessions collected in Ceara State especially in those vegetatively propagated, demonstrating that this is a region of great genetic variability for *Anacardium occidentale* L.

Several pairs of divergence were obtained based on the genetic distance among and within the group of accessions. The results also showed that the early dwarf type is differentiated enough from the common type to characterize a form or ecotype of *Anacardium occidentale*

Isoenzymes results also showed variability for all groups. However this variability did not agree with results obtained through the morphometric descriptors. Even so the early dwarf type was differentiated by PER system

and Venezuelan group by GOT system, characterizing ecotypes associated with origin.

## 1. INTRODUÇÃO

Planta eminentemente tropical, o cajueiro é encontrado em quase toda a faixa intertropical terrestre quer medrando espontaneamente, quer como planta tolerada, encorajada ou cultivada. Inúmeras provas circunstanciais sugerem ser o Brasil o mais provável centro de origem da espécie, onde pode ser encontrada em quase todos os Estados, em bora predominantemente no Nordeste Setentrional nas faixas litorânea e de transição litoral-caatinga.

A baixa produtividade atual, 2 kg a 6 kg de frutos/planta/ano, quando comparada com algumas produtividades registradas - próximas de 280 kg de frutos/ano - demonstra a grande variabilidade disponível para este caráter no cajueiro. Também são muito variáveis os pesos do fruto (de cerca de 3 g até 30 g) e do pedúnculo (de 20 g até 500 g), embora as médias obtidas nos plantios não ultrapassem, a 7,0 g e 80,0 g, respectivamente.

Como em todo programa de melhoramento, no cajueiro busca-se o aumento da produtividade, sendo que, no Brasil, associada com um menor porte da planta e maior peso

do fruto. O germoplasma do tipo anão precoce apresenta grande potencial para o melhoramento, sendo desconhecidas, no entanto, as suas relações de afinidade com a espécie *A. occidentale*, da mesma forma que é desconhecido o grau de afinidade e as relações filogenéticas entre as espécies de *Anacardium*.

Há necessidade, sobretudo, da identificação de possíveis polimorfismos associados com as origens das populações, o que auxiliaria no direcionamento do melhoramento, com melhor aproveitamento da variabilidade disponível tanto dentro como entre populações dos cajueiros encontrados nas áreas de dispersão da espécie.

Normalmente poucos são os caracteres determinantes na seleção em programas de melhoramento, com a produção sendo o de maior peso. Entretanto, diversos outros caracteres, morfológicos e fisiológicos, estão envolvidos na avaliação e recebem pesos variáveis, de acordo com os objetivos a serem atingidos. Além disso, a caracterização de genótipos em bancos de germoplasma tem sido bastante dificultada pelo excessivo número de caracteres avaliados. Muitos destes caracteres são redundantes por serem correlacionados ou dispensáveis por representarem fração desprezível da variação total. Em situações como estas, onde o número de descritores envolvidos e/ou as dificuldades de avaliação representam problemas adicionais na execução de programas de seleção e de caracterização, técnicas multivariadas apresen

tam-se como ferramenta valiosa no agrupamento, descrição e seleção simultânea de vários indivíduos e caracteres (CRUZ, 1990).

Por outro lado, consideráveis avanços foram obtidos nos estudos de populações, genética evolutiva e sistemática vegetal a partir da adoção de técnicas bioquímicas e de biologia molecular, o que tem possibilitado o estudo da variação genética entre organismos ao nível de suas enzimas, ou mesmo de outras proteínas.

O estudo genético de populações naturais e a identificação de cultivares, quando por meio da avaliação do fenótipo das plantas, são dependentes de mutantes que resultem em variações discretas. Ou, então, de polimorfismos, nem sempre frequentes, uma vez que a grande maioria dos caracteres é controlada por muitos genes, com efeitos individuais diferentes e altamente influenciados pelas variações ambientais. Em consequência, os métodos bioquímicos de identificação vêm completando ou substituindo, gradualmente, os métodos convencionais.

Entre os métodos bioquímicos, a eletroforese tem sido bastante utilizada por permitir uma caracterização a nível molecular da quantidade e tipos de variabilidade genética em populações de diferentes organismos, além de possibilitar a estimativa do grau de divergência entre espécies aparentadas.

As proteínas são atrativas para estudos gené

ticos porque representam o produto primário dos genes estruturais. Já as isoenzimas são marcadores desejáveis porque são colineares com os alelos e comumente codominantes no efeito, além de relativamente pouco afetadas pelo ambiente, razões pelas quais têm sido bastante utilizadas como marcadores em estudos de genética, sistemática e evolução.

A maioria dos estudos, entretanto, tem sido com microrganismos, animais de vida curta e plantas anuais em razão das plantas perenes e animais de vida longa não serem favoráveis aos estudos genéticos. Todavia, em decorrência do aperfeiçoamento e domínio das técnicas, a adoção das isoenzimas como marcadores vem proporcionando grandes avanços no estudo genético das frutíferas perenes (TORRES, 1983). O conhecimento seguro do fenótipo e da base genética de uma isoenzima faz com que a sua utilização como marcador seja de grande valia em programas de seleção e/ou de caracterização de genótipos (SKIEBE & SELIGER, 1990).

Apesar da rápida expansão de tecnologias ligadas diretamente ao DNA, o estudo de proteínas permanece importante por ser um produto pós-transcrição e tradução do DNA de um organismo, com a análise de isoenzimas sendo bastante utilizada pela sua eficiência de resolução e custos, particularmente em estudos de variabilidade ao nível infraespecífico (KEPHART, 1990).

Com relação ao cajueiro, nenhum registro foi encontrado na literatura disponível sobre o emprego de iso



enzimas, quer para o simples desenvolvimento da técnica quer para a aplicação na identificação de cultivares, quantificação de variabilidade genética ou para o estabelecimento de relações de afinidade entre espécies. Em decorrência, desenvolveu-se este trabalho com a finalidade de se avaliar alguns acessos do Banco de Germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Caju, da EMBRAPA, através do emprego de técnicas multivariadas em caracteres morfológicos e eletroforese de isoenzimas objetivando-se:

estabelecer procedimentos para o emprego de isoenzimas, por meio de eletroforese, no cajueiro;

obter estimativas da diversidade genética e isoenzimática dos genótipos avaliados;

estimar a divergência genética com base em caracteres morfológicos e comparar com aquela determinada por meio de caracteres enzimáticos em progênies de cada um;

classificar os genótipos em grupos de similaridade genética, com base em caracteres morfológicos e enzimáticos.

verificar as relações existentes, com base na classificação dos genótipos, entre o cajueiro do tipo anão precoce e o cajueiro do tipo comum.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

Pelos aspectos envolvidos no trabalho optou-se pela divisão de revisão da literatura em três partes. Na primeira enfoca-se, de forma abrangente, o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.); na segunda, o estudo da divergência genética, considerando-se a aplicação de técnicas multivariadas em caracteres morfológicos e enzimáticos; e, na terceira, o emprego da eletroforese no estudo de isoenzimas.

No item relativo ao cajueiro são apresentadas informações sobre a posição econômica, taxonomia, morfologia, origem e dispersão, germoplasma e melhoramento. A ênfase dada justifica-se pelo pouco conhecimento generalizado sobre a cultura, já que a sua importância, no Brasil, é localizada.

A parte destinada ao emprego de técnicas multivariadas no estudo da diversidade e no melhoramento de plantas trata, especificamente, da análise por componentes principais e distância Euclidiana, mais adequadas quando avalia-se uma ou poucas plantas por genótipo, como ocorre

em bancos de germoplasma.

A importância do uso de isoenzimas em estudos genéticos, explicitada na volumosa literatura disponível para grande número de espécies, justifica a terceira parte da revisão, especialmente em razão de ser, provavelmente, o primeiro estudo em que se utilizam marcadores isoenzimáticos no cajueiro.

## 2.1. O Cajueiro (*Anacardium occidentale* L.)

### 2.1.1. Considerações gerais

Originário presumivelmente do Brasil, o cajueiro é encontrado hoje em quase todos os países tropicais do mundo, embora cerca de 96% da produção esteja concentrada na Índia, Brasil, Tanzânia, Quênia e Moçambique, países onde exerce grande influência sócio-econômica, em nível local, regional ou nacional, por ser fonte geradora de divisas externas e empregadora de mão-de-obra, na indústria e no meio rural. Não apenas estes países industrializam e participam do mercado de exportação da amêndoa da castanha. Outros, entre os quais a Venezuela, Madagascar, República Popular do Benin, Costa do Marfim, Nigéria, Uganda, República Popular da China e Guatemala, possuem unidades industriais (LOPES NETO, 1981).

Cultivado para a obtenção da amêndoa da casta

nha - ACC, o cajueiro oferece dois valiosos subprodutos, o líquido da casca da castanha (LCC) e o pedúnculo ou falso-fruto que, pelos níveis de importância econômica que alcançam no Brasil, aumentam consideravelmente o potencial de lucratividade da exploração e contribuem para a consolidação da importância da cultura.

A castanha de caju é uma das nozes mais comercializadas no mundo e a sua cotação e aceitação nos principais mercados consumidores devem-se ao seu sabor, valor nutritivo e versatilidade nas formas de consumo. Este potencial de mercado e preços que alcança a ACC tem motivado o interesse pela cultura em diversos países do mundo tropical, despertando os dois mais importantes produtores e exportadores - a Índia e o Brasil - para a necessidade de melhoria nos seus anacrônicos sistemas de produção (BARROS & MELO, 1987).

### 2.1.2. O Cajueiro no Brasil

Não obstante ser encontrado em, praticamente, todos os Estados, é na região Nordeste, responsável por cerca de 99% da área colhida e da produção brasileira, onde localizam-se as maiores concentrações da espécie, principalmente nas faixas litorâneas e transição do Ceará, Piauí e Rio Grande do Norte, responsáveis por aproximadamente 93% dos quase 500.000 ha da área ocupada pelo cajueiro no Bra

sil (EMBRAPA,1990; PARENTE et alii, 1991).

A região nordeste dispõe de um parque industrial composto por cerca de 24 empresas de beneficiamento de castanhas, com capacidade instalada para 180 mil toneladas/ ano, e oito empresas que beneficiam apenas 60 mil dos mais de um milhão de toneladas de pedúnculo produzidos. As exportações dos produtos industrializados do caju representam mais de cem milhões de dólares de divisas para o Estado do Ceará, valor bastante significativo para a economia deste estado, como também representa muito para os dois outros principais produtores do país, no caso o Ceará e o Rio Grande do Norte.

O Brasil, além de vir alternando com a Índia a posição de maior produtor e exportador de amêndoas de caju, é o maior exportador do líquido da casca (LCC) e o pioneiro na industrialização do pedúnculo, produzindo atualmente cerca de 40 mil toneladas por ano de suco, consumidas no mercado interno, e um volume significativo de outros produtos derivados, como diversos tipos de doces, mel, licor, geleia, cajuína, aguardentes e outros. O volume de pedúnculos industrializados, no entanto, não atinge 10% da produção total, o que significa que perde-se uma valiosa fonte de vitamina C de baixo custo que poderia melhorar a dieta de parte das populações de baixa renda da própria região nordestina (LIMA, 1988b).

### 2.1.3. Taxonomia, origem e dispersão

O cajueiro, denominado *Anacardium occidentale* por Lineu, pertence ao gênero *Anacardium*, da família *Anacardiaceae*. Esta família compreende cerca de 60 a 70 gêneros e 400 a 600 espécies, entre as quais a manga (*Mangifera indica* L.) o pistache (*Pistacia vera*), e as espécies do gênero *Spondia* (cajá, seriguela, umbú, cajá-manga), bastante conhecidas na América Tropical (JOHNSON, 1974; PURSEGLOVE, 1974).

Sobre a origem do cajueiro, toda a discussão fundamenta-se em provas circunstanciais que apontam, algumas vezes de forma bastante convincente, o Brasil ou pelo menos o Norte da América do Sul e parte da América Central como provável centro de origem da espécie. Assim, confrontando-se as informações disponíveis com os padrões de evidências relacionados por HARLAN & de WET (1973), verifica-se que a maioria aponta o Brasil como o provável centro de origem do cultivo da planta. Não obstante a carência de estudos conclusivos sobre o atual estágio de domesticação, é certo que o cajueiro apresenta algumas características diferenciadas daquelas apresentadas pelas outras espécies do gênero (MOTA, 1982; BARROS, 1987; LIMA, 1988a).

*Anacardium occidentale*, além de ser a única cultivada, é a espécie de maior dispersão do gênero (MORTON, 1961; JOHNSON, 1973; OHLER, 1979; MITCHELL & MORI,

1987). Para MITCHELL & MORI (1987), é importante não esquecer que a distribuição natural desta espécie é totalmente confundida pela dispersão por cultivo. Assim, enquanto o principal centro de diversidade do gênero é a região amazônica, com um centro secundário no planalto central brasileiro (cerrados), a espécie *A. occidentale* pode ser encontrada em populações naturais, nos cerrados, na Amazônia, em vegetação de restinga e em vegetação de caatinga, no nordeste brasileiro.

#### 2.1.4. Aspectos morfológicos do cajueiro

Planta perene de porte médio e ramificação baixa, o cajueiro atinge altura média entre cinco e oito metros, podendo chegar, excepcionalmente, até a cerca de quinze metros. Apresenta copa em forma de umbrela, com as ramificações pendendo até o chão. O diâmetro médio da copa pode superar os 20 metros, com média entre 12 e 14 metros. As folhas são simples, inteiras, alternas de aspecto subcoriáceo, glabras e curto-pecioladas, de comprimento entre 10 e 20 cm e largura de 6 a 12 centímetros.

O sistema radicular caracteriza-se por uma pivotante bem desenvolvida que pode ultrapassar a 10 metros de profundidade. Apresenta ainda um sistema lateral sub-superficial considerado muito importante para a planta (BARROS & MELO, 1987).

A planta passa por duas ou três fases de crescimento por ano, sendo normalmente um fluxo vegetativo e um generativo, este último culminando numa inflorescência (ARGLES, 1976), sendo dois os tipos de ramificações da planta: uma extensiva e uma intensiva. O ramo intensivo cresce 25 a 30 cm e termina numa panícula, com três a oito novos ramos sendo originados desta ramificação principal. Estes ramos que crescem a 10-15 cm do ápice também podem originar inflorescências. O ramo extensivo, por outro lado, cresce 20 a 30 cm e dele, normalmente, não se desenvolve a inflorescência. A 5-8 cm do seu ápice surge outro ramo, também do tipo extensivo. A ramificação extensiva é responsável pelo formato aberto e esgalhado da copa, enquanto a intensiva torna a copa homogênea, com seu formato característico.

A inflorescência é uma panícula terminal, com cada ramo originando uma flor terminal, seguida por duas ou mais brácteas. Da axila das brácteas crescem novas flores. As flores são polígamas, sendo de dois tipos: perfeitas e estaminadas. Em geral, a flor terminal de cada cimo é perfeita e as laterais estaminadas (COPELAND, 1961).

A flor perfeita do cajueiro consiste de cinco sépalas, cinco pétalas, seis a dez estames. A flor masculina possui de seis a dez estames, sendo um grande que produz uma antera vermelha que se projeta para fora da corola e os demais são pequenos, permanecendo dentro da estrutura formada pelas pétalas e sépalas. Há uma concordância geral de



que os estames menores são parcialmente estéreis, apesar de FALUYI (1983) ter verificado a viabilidade do pólen em teste de coloração. A flor hermafrodita normal (perfeita) é constituída de um ovário súpero que contém um óvulo simples, um estilo estendido para fora e seis a dez estames, da mesma forma que na flor masculina, sendo que o estame maior atinge apenas dois terços da altura do pistilo (JOSEPH, 1979).

O número total de flores numa panícula varia de 200 a 1600 e a relação entre flores perfeitas/flores masculinas é bastante variável entre plantas de regiões diferentes, entre plantas no mesmo local e até entre panículas de uma mesma planta, com registros de cerca de 0,5% até mais de 33% de flores hermafroditas numa mesma panícula (RAO & HASSAN, 1957; DAMODARAN et alii, 1979; FALUYI, 1983)

As características da estrutura floral do cajueiro, com o estigma num plano superior aos estames, favorecem a polinização cruzada. Não existe sistema de autoincompatibilidade (FALUYI, 1983) o que significa que é possível a ocorrência de geitonogamia. Entretanto, o efeito depressivo causado pela endogamia (DAMODARAN, 1976) e a grande variação entre plantas dentro de progênies (VEERAGHAVAN & GEORGE, 1981; BARROS et alii, 1984), são indicativos de que a polinização pode ser predominantemente cruzada.

O florescimento tem duração de cinco a sete meses, com a época variando em função do período de ocorrên

cia e da distribuição das chuvas. No Estado do Ceará o florescimento ocorre normalmente entre os meses de julho a dezembro e a maior concentração da produção ocorre entre meados de outubro e final de novembro (BARROS, 1988a), sendo que no cajueiro do tipo anão precoce o período de florescimento é mais dilatado, podendo excepcionalmente ir até nove meses (BARROS, 1988b).

O fruto é um aquênio reniforme que liga-se à planta por meio de um pedúnculo hipertrofiado que é confundido com o fruto. Economicamente explora-se, no fruto, além da amêndo, o líquido da casca - o LCC - que se localiza no mesocarpo, numa camada de células esponjosas. O falso fruto pode ser consumido "in natura" ou sob a forma de suco, doces diversos, geléia, mel, vinhos e aguardentes.

#### 2.1.5. Citogenética, genética e melhoramento

As poucas referências disponíveis apontam diferentes valores para a contagem de cromossomos no cajueiro, inexistindo informações sobre os processos meióticos e quaisquer outros aspectos relacionados com a estrutura dos cromossomos.

MACHADO (1944), utilizando pontas de raízes de plantas recém-germinadas encontrou  $2n=30$  cromossomos no núcleo metafásico. DARLINGTON (1945) reporta  $2n=42$  cromossomos encontrados por Janaki-ammal, não sendo esclarecida a

metodologia empregada. SIMMONDS (1954) encontrou  $2n=40$ , também em pontas de raízes e, KHOSLA et alii (1973),  $n=12$ , trabalhando com anteras. Há necessidade, pois, de um estudo mais detalhado não só na espécie cultivada mas também nas outras espécies do gênero, para auxílio nos programas de melhoramento.

Como na quase totalidade das fruteiras tropicais perenes, não existem informações sobre a herança genética de um único caráter qualitativo, sendo que a coloração do falso-fruto parece ser controlada por um ou poucos pares de genes pois apresenta duas cores conspícuas (vermelha e amarela), com gradação dentro e entre as mesmas.

As características da planta, perene e alógena, direcionam o melhoramento para a obtenção de clones uma vez que a exploração racional de fruteiras perenes é baseada no plantio de mudas propagadas assexuadamente (BARROS, 1988a). Não existem variedades definidas de cajueiro e o agrupamento de determinadas características divide a espécie em dois grupos: o tipo comum, com plantas tardias e precoces e o tipo anão precoce (BARROS, 1988c).

O tipo anão precoce diferencia-se basicamente pelo porte baixo, precocidade etária a estacional, menor capacidade produtiva individual e menor variabilidade para o peso do fruto e falsofruto (BARROS et alii 1984). O seu potencial para exploração dentro dos modernos sistemas de cultivo (BARROS et alii, 1986) faz com que grande parte do

esforço dispendido no melhoramento concentre-se neste tipo (BARROS, 1988c). Entretanto, a maior variabilidade para os caracteres peso de fruto e falsofruto, associada com a maior capacidade produtiva individual, recomendam a utilização do cajueiro do tipo comum em programas de cruzamentos com o tipo anão, e mesmo em seleção clonal, na busca de clones com produtividade competitiva e porte mais baixo do que o padrão do tipo.

As principais características dos dois tipos de cajueiro são apresentadas por BARROS et alii (1984) e BARROS & MELO (1987):

#### 2.1.5.1. - Cajueiro do tipo comum

Plantas com 5-6 m de altura média, pode atingir até 10-12 m; o diâmetro da copa chega a 15-20m; inicia o florescimento normalmente no terceiro ano e a duração anual é, em média, de 5 meses (julho a dezembro), podendo ir a 7 meses (junho a janeiro), dependendo do regime pluviométrico ocorrido na estação chuvosa. A produção média situa-se entre 2 e 6 kg de castanhas/planta/ano, com registros individuais de até 280 kg.

O peso do fruto varia de 3 g a 30 g e o do falso-fruto de menos de 20 g a mais de 500 g.

### 2.1.5.2. - Cajueiro do tipo anão precoce

Caracteriza-se por um porte mais baixo, com altura média de plantas variando de 2,5 m a 4,5 m, dependendo do sistema de plantio e da propagação adotada; diâmetro médio da copa inferior a 9,0 m; inicia o florescimento no segundo ano com algumas plantas florescendo já no primeiro ano, e a duração é no mínimo dois meses a mais do que no tipo comum, sendo também um mês mais precoce na estação, indo de junho a janeiro. Algumas plantas, dependendo do regime pluviométrico, florescem praticamente o ano inteiro. A capacidade produtiva individual é menor, com registro máximo de cerca de 43 kg de castanha/ano e a média do material genético disponível e avaliado é de menos de 2,0 kg/planta/ano.

O peso de fruto em populações não melhoradas varia de 3 g a 12 g, sendo um dos principais objetivos do programa de melhoramento do CNPCa/EMBRAPA a obtenção de clones com valores superiores ao limite máximo deste intervalo de variação. Para tanto, diversos cruzamentos têm sido efetuados utilizando-se ambos os tipos, em combinações diversas, como pais.

O peso do falso fruto é menos variável e atinge valores menores do que no tipo comum, com o máximo valor registrado não atingindo a 200g.

## 2.2. Divergência genética

### 2.2.1. Considerações gerais

Estabelecer similaridades entre entidades biológicas sempre foi uma preocupação para os estudiosos das ciências naturais, particularmente para os que se dedicam à sistemática. Para os melhoristas, a busca sempre foi por dissimilaridades até que, com o conhecimento das leis da genética, não só a diversidade mas também o conhecimento das similaridades passou a ser da maior importância para a sua atividade fim que é a criação de tipos superiores aos existentes.

É aceito que o sucesso de qualquer programa de melhoramento depende, fundamentalmente, do acerto na escolha dos parentais, principalmente quando objetiva-se segregantes transgressivos, o que significa dizer que esta etapa, a discriminação dos parentais para a formação de híbridos, é a mais importante para o melhorista. A diversidade fenotípica num primeiro tempo, e a diversidade geográfica sempre foram consideradas como indicativo de diversidade genética, o que levava à inclusão obrigatória de variedades oriundas de regiões diferentes na relação dos parentais selecionados para os cruzamentos por possibilitarem, presumivelmente, uma maior probabilidade de recuperação de segregantes transgressivos nas progênies (JAIN, K. C. et alii,

1981).

O desenvolvimento de técnicas estatísticas apropriadas, no entanto, tem possibilitado melhor aproveitamento da diversidade existente, o que significa maior oportunidade de êxito na escolha e emprego de parentais divergentes em programas de cruzamentos. Em decorrência, o conceito de distância genética tem sido de grande utilidade em diversos contextos, com ênfase para a caracterização de genótipos, diferenciação de populações e melhoramento de plantas. É essencial, todavia, o conhecimento não só dos limites mas também das condições básicas para a aplicação dos diversos métodos disponíveis (ARUNACHALAM, 1981).

A divergência genética é, em geral, quantificada por estatísticas multivariadas, como a análise por componentes principais, por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos, e tem se constituído em indicativo da possibilidade de efeitos heteróticos (CRUZ, 1990), sendo mais comumente empregadas a distância Euclidiana e a distância generalizada ( $D^2$ ) de Mahalanobis (MIRANDA et alii, 1988a) que são medidas de dissimilaridade das mais utilizadas entre os métodos aglomerativos.

MIRANDA et alii (1988b) reportam duas maneiras básicas de se avaliar a divergência, sendo uma preditiva que tenta relacionar a divergência dos caracteres dos parentais com o desempenho dos híbridos que geram. Neste caso a própria divergência é parâmetro básico de seleção. E ou

tra quantitativa, onde avalia-se a heterose manifestada em híbridos resultantes dos cruzamentos entre os parentais envolvidos, como ocorre nos dialelos, para os quais foram desenvolvidas algumas metodologias que permitem determinar a magnitude da heterose (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). O emprego dos dialelos são limitados, todavia, pelo elevado número de cruzamentos necessários à medida que aumenta o número de genótipos selecionados, além das dificuldades com as espécies onde não ocorrem cruzamentos naturais e são difíceis os cruzamentos artificiais.

Particularmente com as espécies perenes de médio e grande porte, como o cajueiro, o emprego dos dialelos fica mais limitado ainda em razão da área necessária para avaliação dos híbridos, principalmente quando há disponibilidade de grande número de genótipos em coleções, onde normalmente pouco se conhece sobre os parâmetros genéticos relativos às características agronômicas desejáveis. Em situações como esta, onde não é difícil a avaliação da capacidade de combinação dos materiais disponíveis, o conhecimento prévio da distância genética pode servir de orientação na escolha dos parentais que apresentam maiores possibilidades de sucesso nos cruzamentos, além de prevenir possíveis efeitos de endogamia em retrocruzamentos (JAIN, K. C. et alii, 1981; MALUF & FERREIRA, 1983; PEREIRA, 1989).

ARUNACHALAM (1981) chama atenção, no entanto, para o fato de que apesar da vasta literatura relacionando



a divergência com a heterose realizada, o que logicamente indica a existência de divergência entre os parentais, nem sempre a presença de divergência resulta em heterose. Isto em função da escolha inadequada do número e natureza dos caracteres selecionados, do pouco conhecimento das modificações sofridas pelos caracteres em respostas às alterações ambientais e de falhas experimentais, o que levaria a erros na estimativa da divergência. LEFORT-BUSON (1985b,c), revisando os aspectos teóricos envolvidos e os resultados experimentais disponíveis, relacionados com a distância genética e heterose, verificaram situações onde a divergência não é condição suficiente para a manifestação de heterose.

### 2.2.2. Emprego da divergência genética no melhoramento de plantas

Os estudos sobre divergência genética têm sido dirigidos para o melhoramento, basicamente na identificação de indivíduos com potencial para expressarem heterose, quando em cruzamentos. Como tem sido geralmente aceito que a heterose relaciona-se com a distância genética entre os parentais, diversos estudos têm sido desenvolvidos com o objetivo de relacionar a magnitude da heterose obtida com a estimativa da distância genética entre os respectivos parentais.

Em situações onde, além da impossibilidade de

realização de cruzamentos dialélicos para determinação da capacidade de combinação, inexistem informações sobre a divergência entre os indivíduos, há uma tendência de se utilizar a diversidade fenotípica e a diversidade geográfica como critérios para a seleção dos parentais. Nestes casos, estes parâmetros são aceitos como indicativo de divergência genética, razão pela qual diversos trabalhos foram desenvolvidos com o objetivo de relacionar a distância genética estimada e a origem geográfica dos indivíduos.

#### 2.2.2.1. Divergência e heterose

Uma busca constante para os melhoristas tem sido por uma relação experimental entre distância genética e heterose, desde que a noção de heterose foi proposta, por Shull, em 1914, uma vez que uma boa correlação entre estes parâmetros poderia levar a um melhor planejamento e maior eficiência nos programas de melhoramento (LEFFORT-BUSON et alii, 1987). Diversos trabalhos experimentais têm demonstrado que, no milho, a heterose é sempre mais pronunciada quando as populações parentais são mais divergentes, tornando-se evidente que existe, pelo menos teoricamente, uma relação entre divergência genética e heterose.

GHADERI et alii (1984), avaliaram 28 populações F<sub>2</sub> de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) em um dialelo 8 x 8, juntamente com os respectivos pais envolvidos na geração

das populações, com o objetivo de estudar o relacionamento da distância genética entre os parentais - estimada por meio da distância generalizada  $D^2$  - e a heterose. Os resultados demonstraram correlações positivas e significativas para os efeitos heteróticos relativos à produção, número de vagens/planta e número de sementes por vagem e a distância entre os parentais.

Simultaneamente, realizaram estudo similar com a fava (*Vicia faba* L.), envolvendo 64 populações  $F_1$  e respectivos pais, num dialelo  $8 \times 8$ . Incluíram também 120 populações  $F_1$ ,  $F_2$  e os pais do dialelo, e os resultados mostraram correlações tanto positivas como negativas entre os caracteres associados com a produção e as distâncias genéticas estimadas para os parentais, sendo que a heterose para a produção de grãos por si só não foi associada com a divergência entre os parentais.

MALUF et alii (1983), também empregaram a distância generalizada  $D^2$ , juntamente com a distância Euclidiana, para estudar a distância genética entre seis cultivares de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) e relacionaram os valores obtidos com a heterose para produção nos 15  $F_1$ s resultantes do dialelo envolvendo as variedades. Os autores verificaram que a correlação entre as duas medidas de divergência e a heterose realizada foi positiva e significativa, com os cinco híbridos mais heteróticos sendo obtidos entre os cinco pares de parentais de maior distância Euclidiana e

quatro entre os cinco pares de parentais de maior distância generalizada. Além disso, dos cinco híbridos menos heteróticos, três foram obtidos entre os cinco pares de menor distância estimada pelos dois métodos.

Em trigo, SHAMSUDDIN (1985), aplicou a distância generalizada  $D^2$  em dez variedades e relacionou os valores estimados com a heterose e a capacidade específica de combinação para a produção e seus componentes. Os valores obtidos permitiram a formação de três grupos de divergência e mostraram que a correlação entre a distância dos parentais e a heterose só ocorreu em híbridos cujos parentais pertenciam a grupos diferentes, relacionando a heterose com a divergência entre os indivíduos envolvidos nos cruzamentos.

Por outro lado, RAMANUJAM et alii (1974), após identificarem oito grupos de divergências, através da distância generalizada  $D^2$ , aplicada em 35 populações de feijão (*Phaseolus aureus* Roxb.), verificaram que a relação entre a distância genética e a heterose apresentada por 25 híbridos, obtidos de dez parentais de diferentes origens, foi muito fraca, não obstante a substancial divergência estimada entre eles.

SINGH e RAMANUJAN (1981), comparando a heterose dos 21 híbridos obtidos com os cruzamentos entre sete genótipos representativos das variedades mais adaptadas da espécie *Cicer arietinum* na Índia, verificaram que não obstan

te a presença de considerável diversidade entre os parentais, determinada pela distância generalizada, e da superioridade da maioria dos híbridos em relação à média de seus parentais, não houve correspondência entre heterose e distância genética. Aplicando variáveis canônicas na determinação da divergência entre os pais verificaram que quanto maior a heterose maior a diferença entre parentais e híbridos, tendo esta divergência sido atribuída a uma possível falta de condições ambientais favoráveis à expressão de heterose.

Em milheto (*Pennisetum typhoides* (Burvel.f.) Stapf C.E. Hubb.), SINGH, Y. P. et alii (1981) e RAVEEDRAN & APPADURAI (1984) verificaram heterose para alguns cruzamentos entre indivíduos localizados em grupos diferentes e também entre indivíduos situados num mesmo grupo, mesma situação observada por PETER e RAI (1976) no tomate, apesar da perfeita correlação, neste último caso, entre a capacidade específica de combinação e a heterose para os mesmos cruzamentos. Esta não correlação da divergência com a heterose, no tomate, foi atribuída ao fato de as variedades terem sido melhoradas em outros países, o que poderia ter acarretado no estreitamento da variação dos caracteres responsáveis pela divergência, quando do processo de seleção e manipulação genética para produção.

Sobre a magnitude da distância necessária para que haja manifestação heterótica, apesar da aceitação ge

ral de que quanto maior a diversidade genética entre os parentais maior nível de heterose nos híbridos  $F_1$ , maior variância e possibilidades de surgimento de segregantes transgressivos a partir da geração  $F_2$ , verifica-se que a literatura disponível, juntamente com os limites do conhecimento sobre a heterose, não permitem ainda que se forneça uma base segura para aplicação de uma metodologia que possibilite um maior grau de acerto na previsão da heterose a partir de estimativas de divergência genética.

CHAUHAN & SINGH (1982) identificaram três grupos: pouca, moderada e alta divergência, através da distância generalizada  $D^2$ , em treze variedades de soja (*Glycine max*). Obtiveram quinze híbridos cruzando as seis variedades agrupadas como moderadamente e altamente divergentes e cinco híbridos a partir do cruzamento seletivo das sete variedades com menor divergência. Os 20 híbridos, juntamente com os  $F_2$  obtidos, foram avaliados e os resultados mostraram que a heterose para produção é correlacionada com a divergência entre os parentais. Entretanto, o crescimento da heterose com a divergência ocorre até um limite em que os efeitos negativos de outros componentes da produção começam a anular a heterose para a produção. Para a relação entre a divergência genética e a variabilidade na geração  $F_2$ , os resultados mostraram que as progênies oriundas dos cruzamentos entre parentais intermediários apresentaram maior variabilidade, sendo que esta variabilidade estava sempre rela

cionada aos híbridos mais heteróticos.

Esta tendência da heterose ser mais pronunciada em indivíduos resultantes do cruzamento entre parentais cujo nível de divergência não é extremo também foi observada por ARUNACHALAM et alii (1984) no amendoim (*Arachis hypogea* L.). ARUNACHALAM e BANDYOPHADHYAY (1984), em estudos com amendoim e colza (*Brassica campestris*), verificaram que a heterose é mais pronunciada quando a distância entre os parentais é igual à média mais ou menos um desvio padrão da distância.

#### 2.2.2.2. Divergência e diversidade geográfica

A diversidade de origem e a diversidade ecogeográfica têm sido utilizadas como critério de divergência genética, na falta de informações sobre a capacidade de combinação, quando da escolha de indivíduos a serem utilizados como parentais para os cruzamentos em plantas cultivadas. Para muitos, como MOLL et alii (1962, 1965), MURTY & ARUNACHALAM (1966), UPADHYAY & MURTY (1970), a diversidade geográfica por si só não é fator de divergência, a não ser que outras causas, como pressão de seleção e rotas evolutivas distintas, estejam envolvidas, ou ainda que se disponha de informações sobre os ancestrais.

Por outro lado, PETERS et alii (1990) lembram que os efeitos dos fatores geográficos e ecológicos influen

ciando na variação dos indivíduos fazem que seja possível fazer inferências genéticas a partir de um conjunto de dados sobre uma espécie qualquer, não obstante a manipulação dos dados nem sempre ser simples, nem precisa. E, avaliando dados de quatro bancos de germoplasma diferentes, concluíram que as informações sobre diversidade geográfica, independente do conteúdo ecológico, ofereceram um método efetivo de estratificação dos dados das coleções.

ALMARAJ (1982) aplicou a distância generalizada  $D^2$  para seis caracteres agronômicos em 28 variedades de algodão da espécie *Gossypium barbadense* e verificou que apenas um caráter, a produção de sementes, foi responsável por 56 % do total da distância estimada. E, não obstante a formação de treze grupos, a variabilidade foi considerada baixa, com menor diversidade do que a normalmente verificada na espécie *G. hirsutum*. Um aspecto interessante do estudo foi a ampla divergência verificada entre as populações primitivas oriundas do Peru, centro de origem e diversidade da espécie.

RAO et alii (1985) aplicaram a mesma metodologia para dez caracteres em 51 variedades de cana-de-açúcar e detectaram a existência de grande diversidade entre os genótipos, com o peso do colmo (23,92%), brix (23,76%) e altura da haste (21,49%), apresentando maior peso na divergência genética.

Diversos outros estudos com a aplicação de



análise multivariada têm assinalado a existência de grande diversidade genética em várias espécies: algodão (*Gossypium hirsutum* L.; SINGH & GUPTA, 1968; SINGH & GILL, 1984); arroz (*Oryza sativa* L.; VAIRAVAN et alii, 1973; RATHO, 1984); linho (*Linum usitatissimum*, L.; JESWANI et alii, 1970; ASTHANA & PANDEY, 1980; CHAWLA & SINGH, 1984); feijão (*Phaseolus aureus* GUPTA & SINGH, 1970); feijão (*Phaseolus vulgaris*; OLIVEIRA, 1989); feijão mungo (*Vigna mungo*; DAS & GUPTA, 1984); caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.; JINDAL, 1985); mostarda (*Brassica juncea* L.; SINGH, 1979); grão-de-bico (*Cicer arietinum*; KATIYAR & SINGH, 1979; JAIN. K.C. et alii, 1981); melão cantalupe (*Cucumis melo*; KALLOO & SIDHU, 1982); milho de diferentes espécies (UPHADHYAY & MURTY, 1970; SINGH & GUPTA, 1979; SINGH, et alii, 1981; RAVEENDRAN & APPADURAI, 1984); trigo (*Triticum aestivum* L.: SOMAYAJULU et alii, 1970); cevada (*Hordeum vulgare* L.; VARMA & GULATI, 1982); trevo persa (*Trifolium resupinatum* L.; GUMBER et alii 1987); batata (*Solanum tuberosum* L.) (SIDHU e PANDITA, 1980). Em nenhum destes estudos foi verificada qualquer relação entre a divergência genética e a diversidade geográfica. Numa situação como esta, asseguram JAIN, K. C. et alii (1981), a seleção dos parentais para cruzamentos com base na origem é um mero exercício arbitrário e de pouca confiabilidade ou perspectiva de sucesso.

Em contraste, RAM e PANWAR (1970), aplicando também a distância generalizada  $D^2$ , encontraram relação en

tre a diversidade genética de dezoito variedades cultivadas de arroz e a distância geográfica. Ainda no arroz, RAD et alii (1981) verificaram que o agrupamento dos genótipos com base na divergência genética seguiu o padrão de distribuição geográfica das variedades. A mesma tendência foi verificada em pimenta malagueta por SINGH & SINGH (1976), o que, segundo PEREIRA (1989), poderia ser um indício da efetividade da teoria sobre o paralelismo entre diversidade genética e origem geográfica em espécies autógamas.

Entretanto, ainda com arroz, SINGH et alii (1979), avaliando 35 genótipos, todos do tipo anão, formaram dez grupos e KANWAL et alii (1983), avaliando 100 genótipos (anões, semi-anões, melhorados e coleções nativas), formaram nove grupos de divergência, tendo sido observado, em ambos os trabalhos, que o padrão de diversidade foi independente da origem, e a conclusão foi que a oscilação genética e a seleção em diferentes ambientes causam mais divergência do que o isolamento geográfico, concordando com DAS e BORTHAKUR (1973), que admitiram que a distribuição geográfica não foi a única responsável pela diversidade que encontraram no arroz. Para eles, a intervenção humana na busca de ideótipos, tem grande parcela de responsabilidade na diversidade genética em plantas cultivadas.

### 2.2.2.3. Diversidade genética em bancos de germoplasma

A grande quantidade de materiais genéticos disponível em bancos de germoplasma faz com que seja necessária a utilização de métodos específicos na ordenação da variabilidade existente. E, em função principalmente da interação genótipo X ambiente, o emprego de estatísticas univariadas pode levar a uma menor precisão no aproveitamento dos dados - qualitativos e quantitativos - que representam, em última análise, suas características genéticas (PETERS & MARTINELLI; 1989). Para eles, a precisão pode ser aumentada pela repetição das estimativas ou pelo aumento do número de variáveis para caracterização dos indivíduos, alternativa de maior complexidade de operacionalização. Estes autores consideram ainda que a utilização de estatísticas multivariadas passa a ser a alternativa mais indicada na ordenação da variação observada, em bancos de germoplasma. Para eles os métodos hierárquicos de agrupamento de variáveis apresentam algumas vantagens, como o aproveitamento conjunto de dados qualitativos e quantitativos, além de cada entrada ser tratada como uma entidade individual de igual peso quando da análise.

CRUZ (1990) ressalta que algumas técnicas multivariadas, como componentes principais e/ou distância Euclidiana, têm sido empregadas na avaliação de acessos em

bancos de germoplasma pelo fato de, nesta situação, ser difícil a quantificação das influências não genéticas que atuam simultaneamente sobre vários caracteres, tendo concluído, a partir do emprego destas técnicas no estudo da divergência genética em milho, que suas aplicações poderão proporcionar resultados de grande utilidade no melhoramento de plantas, mesmo em situações em que ocorram correlações entre os caracteres avaliados.

PEREIRA (1989) utilizou a análise de componentes principais na seleção de descritores para caracterização de 280 acessos de uma coleção de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), adotando a distância Euclidiana média como medida de divergência genética e agrupamento dos genótipos pelos métodos de Tocher e vizinho mais próximo, tendo distribuído os acessos em nove grupos, resultantes da combinação de três níveis dos descritores peso de raízes e porcentagem de amido nas raízes, considerados individualmente eficientes na separação do conjunto de genótipos em três classes de tamanho homogêneo.

Esses níveis foram estabelecidos a partir da estimativa da média ( $\bar{x}$ ) e do desvio padrão ( $s_x$ ) para cada descritor, conjuntamente com o parâmetro  $u$  estimado com a utilização da distribuição normal reduzida, de forma que cada nível corresponde ao agrupamento dos indivíduos com médias inferior a  $\bar{x} - u \cdot s_x$ , média entre  $\bar{x} - u \cdot s_x$  a  $\bar{x} + u \cdot s_x$  e indivíduos com média superior a  $\bar{x} + u \cdot s_x$ . Esta

subdivisão dos 280 acessos tornou o estudo da divergência mais racional e objetivo, concluiu o autor.

Foi realizada, também, uma análise de agrupamento para o grupo considerado de elite por ser o de maior valor econômico, tendo sido estudadas, ainda, as relações de similaridade genética deste grupo com os demais, com os resultados tendo levado à conclusão que a elevada magnitude da divergência genética no grupo elite credencia-o para a seleção de parentais com maiores possibilidades de resultarem em segregantes transgressivos.

Particularmente com o cajueiro, MOHAN et alii (1987) aplicaram o método dos escores como alternativa à distância generalizada  $D^2$  por considerarem difícil a sua aplicação em 161 acessos, cada um com oito plantas em cada uma das duas repetições em que foi avaliada a coleção. Foram avaliados nove caracteres (precocidade de florescimento, duração do florescimento, área foliar, tamanho da panícula, número de flores, porcentagem de flores hermafroditas, número de frutos por panícula, produção de frutos e peso de frutos), todos tendo os seus valores arbitrariamente transformados para escores (1, 2 e 3). Com os escores indexados variando de 10 a 23, os 161 genótipos foram reunidos em doze grupos, nos quais não se verificou correlação com a origem geográfica, sendo que as plantas com escores mais elevados foram também as mais produtivas, razão pela qual foram qualificadas para a inclusão em programas de cruzamentos.

Outro aspecto interessante verificado neste estudo foi que a maioria das plantas mais produtivas apresentou peso de fruto entre 5 g e 6 g (classificado na Índia como médio) e que apenas num acesso o peso mais elevado do fruto (mais de 6 g) foi associado com baixa produção, levando à conclusão de que a seleção para produção leva a um maior número de frutos por panícula. Como os frutos de panículas com elevado número tendem a ser médios e pequenos a seleção para produção resultará sempre em frutos menores. A não associação da divergência com a diversidade geográfica foi atribuída ao fato dos acessos terem sido mantidos em centros de pesquisa após a coleta, com consequente probabilidade de ter ocorrido uma geração de cruzamento, juntamente com algum processo de seleção artificial, ainda que de forma inconsciente. Além disso, consideraram que a não estandardização das distâncias entre os grupos, como proposto pelo método de Mahalanobis, pode ter influenciado no resultado final do agrupamento.

Diversos outros trabalhos foram realizados com o objetivo de estudar a divergência genética em bancos de germoplasma por meio de técnicas multivariadas em caracteres morfológicos, como os de UPADHYAY & MURTY (1970), com milheto da espécie *Penisetum usitatissimum*; RAO et alii (1985), com a cana-de-açúcar; HUSSAINI et alii (1977), em milheto da espécie *Eleusine coracana* (L) Gaertn.; CARADUS et alii (1989), no trevo branco (*Trifolium*

*repens* L.); VERONESI & FALCINELLI (1988), na espécie *Festuca arundinaceae* (Schreb.); HILLIG & IEZZONI (1988) com a cerejeira *Prunus cerasus* L.

Não só por meio de caracteres morfológicos, mas também empregando-se isoenzimas, tem sido avaliado a divergência genética de diversas espécies em bancos de germoplasma, principalmente como forma de complementação do conhecimento já existente sobre os acessos disponíveis.

### 2.2.3. Métodos de determinação da divergência genética

Diversos tipos de medidas de distância genética baseadas em caracteres morfológicos têm sido aplicados nos mais variados campos da biologia, como forma de quantificação da diversidade genética entre grupos de populações ou indivíduos (GOODMAN, 1972; CURI, 1983; MANLY, 1986; COWEN & FREY, 1987; CRUZ, 1990), sendo possível estabelecer, a partir de um dado número de elementos, um razoável número de medidas de distância, cada uma apresentando propriedades particulares e um poder de resolução cuja eficiência depende dos objetivos para os quais foi desenvolvida (JACQUARD, 1974). Para este autor, a transmissão hereditária de uma geração para outra é uma característica especial, razão pela qual foi essencial o desenvolvimento de métodos específicos de medir a distância

entre indivíduos ou populações, o que deve ser feito com base em informações sobre a sua constituição genética. Estimativas da distância podem ser feitas então, a partir de informações obtidas a priori, ou seja, do conhecimento da genealogia dos indivíduos, ou de informações obtidas de medidas biométricas e moleculares destes mesmos indivíduos. (LEFORT-BUSON, 1985a).

Nos métodos por componentes principais e análise canônica, a similaridade entre os indivíduos é avaliada por meio de uma dispersão gráfica em que são considerados, geralmente, dois eixos cartesianos. Já nos métodos aglomerativos, como a distância Euclidiana e a distância generalizada, estabelecida por Mahalanobis, há dependência de medidas de dissimilaridade que são estimadas previamente (CRUZ, 1990).

Nesta revisão serão feitas considerações sobre a análise por componentes principais e a distância Euclidiana, efetivamente empregadas no desenvolvimento do trabalho.

#### 2.2.3.1. Análise por componentes principais

A noção de componentes principais de uma amostra foi introduzida como uma ferramenta estatística para reduzir um conjunto de dados multivariados a uma dimensão menor, sendo definido um plano de ajustamento como um subespaço



ço que minimiza a soma de quadrados das distâncias de cada ponto contido nos dados (OKAMOTO, 1969). Várias formas de caracterização e interpretação dos princípios básicos da análise por componentes principais foram descritas por diversos autores, como OKAMOTO (1969), JACQUARD (1974); GODOI (1985); NEGRILLO & PERRE (1987), entre outros, sendo apresentadas, no entanto, de forma bastante didática por MANLY (1986) e CRUZ (1987).

Na análise por componentes principais, o objetivo é transformar  $p$  variáveis  $(X_1, X_2, \dots, X_p)$  em índices  $(Z_1, Z_2, \dots, Z_p)$  que são não correlacionados e que representam medidas de diferentes dimensões nos dados, sendo ordenados de forma tal que  $Z_1$  apresenta a maior quantidade de variação,  $Z_2$  a segunda maior porção,  $Z_3$  a terceira e assim por diante ou seja  $\text{Var}(Z_1) \geq \text{Var}(Z_2) \geq \dots \geq \text{Var}(Z_p)$ ,  $\text{Var}(Z_i)$ , representando a variância de  $Z_i$  no grupo de dados considerado e  $Z_i$  é chamado de componente principal (MANLY, 1986). Trata-se pois de uma simples rotação dos eixos, produzindo novo grupo de coordenadas para cada ponto (GOODMAN, 1972).

Cada componente principal é, portanto, uma combinação linear das variáveis originais e é estimado com o objetivo de resumir as informações contidas no conjunto de dados originais. A sua importância é considerada em função do percentual de variância total que explica, de modo que o primeiro componente é o mais importante por reter maior quantidade da variação existente nos dados iniciais.

Segue-se o segundo componente principal em ordem de importância, depois o terceiro e assim por diante, sendo que quando os primeiros componentes principais respondem por valores elevados da variação total - mais de 80% - representam bem os dados originais, com os demais podendo ser descartados (CRUZ, 1990), significando que as  $p$  variáveis originais serão representadas por  $K$  ( $K < p$ ) componentes principais os quais, por explicarem grande porção da variação do conjunto de variáveis  $X$ , permitem reduzir a dimensionalidade do espaço de  $p$  para  $K$  variáveis, além de poderem ser usados em regressão para o descarte de variáveis em razão de serem não correlacionados entre si (NEGRILLO & FERRE, 1987).

A vantagem da técnica reside, pois, na possibilidade de se resumir o conjunto de variáveis originais a uns poucos componentes, proporcionando uma considerável simplificação nos cálculos estatísticos, com vantagens para a interpretação dos resultados principalmente se o número de indivíduos considerados for elevado, com a representação tendo sido preferencialmente gráfica nos casos em que os primeiros componentes são responsáveis por um mínimo de 70% da variação total (CRUZ 1990). A análise é complementada pela dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes se este percentual não for atingido.

Diversos têm sido os empregos dos componentes principais no estudo da divergência genética de plantas, entre os quais salienta-se a caracterização de acessos em

bancos de germoplasma, a identificação de indivíduos para cruzamentos e a relação entre grupos genéticos intra-específicos. RAJORA (1989a) complementa lembrando que em situações onde se avalia, por meio de isoenzimas, um ou poucos indivíduos por genótipo, a técnica dos componentes parece ser mais apropriada que a distância genética de Nei, a análise multivariada discriminante ou a simples comparação de bandas ou alelos isoenzimáticos entre pares de cultivares, por ser estatisticamente mais precisa.

GOODMAN (1972) reporta que no emprego da técnica em 30 caracteres de 230 raças latino-americanas de milho, não obstante a baixa porcentagem da variância total explicada (19% e 16%, respectivamente), os dois primeiros componentes principais fizeram um trabalho de identificação da relação entre raças melhor do que o dendrograma derivado das distâncias calculadas a partir dos dez primeiros componentes standardizados e agrupamento pelo método não ponderado.

PEREIRA (1989) reduziu em 50% (de 28 para 14) o número de descritores botânico-agronômicos avaliando 280 acessos do banco de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) do CNPMF/EMBRAPA, Bahia. A análise dos genótipos com os 14 descritores restantes demonstraram que os seis primeiros componentes principais explicaram pouco mais de 50 % da variância total entre os acessos, com os dois primeiros representando apenas 11,97% e 10,26%, respectiva

mente, o que significa que a variância foi bastante diluída. Como nenhuma das variáveis teve uma participação individual expressiva em termos de informações multivariadas, a conclusão final foi que a diversidade genética existente no material avaliado é de natureza bastante ampla e contínua.

VENTURIERI (1990) aplicou a técnica em 20 caracteres do fruto e sete caracteres morfológicos das progênes resultantes destes frutos na caracterização de germoplasma do cupuaçu (*Theobroma grandifolium* (Wildenow ex Sprengel) Schumann) e verificou que, para os caracteres das progênes, os três primeiros componentes expressaram 54,45% da variação, o que foi considerado insuficiente para uma separação segura dos grupos em gráfico tridimensional. Mesmo assim foi possível uma razoável visualização dos grupos mais fortemente diferenciados. No caso das progênes que ficaram na região próxima à confluência dos zeros de cada vetor foi considerado que a variabilidade, por ser baixa, foi insuficiente para diferenciação. Para as características de fruto, apesar dos três primeiros componentes principais terem explicado 61,53% (24,35; 19,15 e 18,03%, respectivamente), foi verificada alguma correspondência entre os grupos formados com aqueles resultantes da análise dos caracteres das progênes.

Diversos outros trabalhos, empregando a análise por componentes principais na avaliação e caracterização de coleções em bancos de germoplasma, têm demonstrado a uti

lidade da técnica neste tipo de atividade. Entre estes, enfatiza-se o de HUSSAINI et alii (1977), que avaliaram 680 acessos de milheto da espécie *Eleusine coracana* (L.) Gaertn e agruparam os genótipos por origem; AKORODA (1983) que identificou os caracteres, entre os 49 avaliados, que explicaram seguramente a variação do inhame amarelo (*Dioscorea cayenensis* Law.).

CARADUS et alii (1989), avaliando 109 cultivares de uma coleção mundial de trevo branco (*Trifolium repens* L.), concluíram que o primeiro componente principal (explicou 31% da variação) relacionou-se, aparentemente, com os caracteres morfológicos da planta, o segundo (20%), com a cianogênese e o período máximo de florescimento, o terceiro (15%), com a presença de um marcador branco da folha; e o quarto (10%), como sendo uma medida dos caracteres marcadores das quatro folhas, sendo que a representação gráfica dos dois primeiros componentes, não obstante responsáveis por apenas 51% da variação total, revelou quatro grupos bem definidos de cultivares.

RISI & GALWEY (1989) avaliando o padrão de diversidade de uma coleção de quinoa (*Chenopodium quinoa* Wild), verificaram que apesar do baixo percentual explicado (24% e 14%), o primeiro componente principal relacionou-se com os acessos que se caracterizaram pela germinação rápida, plantas de porte baixo e inflorescências pequenas; e o segundo, aos de inflorescência maior. A diluição da varia

ção foi responsável pela não separação clara entre os componentes importantes e não importantes.

Em situações onde os primeiros componentes principais respondem por um percentual mais elevado da variação os resultados têm sido mais consistentes, como comprovaram VERONESE & FALCINELLI (1988), avaliando uma coleção de germoplasma da espécie *Festuca arundinacea* Schreb., onde a técnica provou ser eficiente no agrupamento de doze variáveis em quatro componentes que responderam por 77% da variação total, com os dois primeiros componentes (30,56 e 19,71%, respectivamente) demonstrando que os caracteres da produção, conjuntamente com a época do início do florescimento e as dimensões da folha bandeira, foram as maiores fontes de diversidade entre as populações. A conclusão dos autores foi que as informações originadas com o emprego da análise por componentes principais podem ser utilizadas na identificação de populações diferenciadas, servindo como suporte no melhoramento de plantas.

A análise de componentes principais pode ser empregada também no aproveitamento da divergência estimada para seleção de pais para cruzamentos, como relata OLIVEIRA (1989), que estudou nove caracteres de 26 variedades de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Os resultados mostraram que os três primeiros componentes explicaram cerca de 83% da variação total, o que foi considerado satisfatório para a indicação das variedades que, por serem mais divergentes,

apresentaram maior potencial para realizarem heterose.

RAM & PANWAR (1970) também consideraram a técnica eficiente na determinação da divergência de variedades das raças japônica e índica de arroz (*Oryza sativa* L.), e na separação de variedades dentro de cada raça. E SEDIYAMA et alii (1989) empregaram essa técnica com o objetivo de verificar a importância de caracteres fenotípicos na diferenciação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), bem como na escolha de caracteres para novos experimentos. Os resultados mostraram que os caracteres selecionados em um experimento não devem ser indicados para outro, pois nem sempre há correlação entre caracteres semelhantes em experimentos distintos.

Não só para caracteres morfológicos, mas também em isoenzimas de diversas espécies, com variados objetivos, a técnica dos componentes principais tem sido empregada. KNERR et alii (1989) estudaram a diversidade de 753 acessos, oriundos de 45 países, de pepino (*Cucumis sativus* L.) e quatro da espécie *C. hardwickii*, empregando 49 sistemas enzimáticos e três tipos de análise multivariada. Os resultados mostraram que apesar da diluição da variação, com os dez primeiros componentes expressando apenas 49% do total, foi possível reduzir de 755 para 238 o número de acessos, embora não tenha sido possível proceder-se a um descarte seguro de variáveis em razão de nenhum dos componentes ter apresentado coeficiente com magnitude suficiente

para tanto.

Ainda nas cucurbitáceas, DECKER (1985) empregou a técnica nas frequências alélicas médias, obtidas de seis sistemas enzimáticos, com o objetivo de examinar uma classificação sistemática dentro da espécie *Cucurbita pepo* L. (diferentes cultivares de abóbora e uma de cabaça ornamental). Os resultados mostraram a necessidade de uma divisão maior dentro da espécie, acima do nível de grupos propostos. Foi observado também que os acessos dentro de cultivares foram relativamente homogêneos e que as cultivares dentro de um grupo foram agrupadas juntas. TOSTAIN et alii (1987), também empregaram as frequências alélicas, estimadas em oito sistemas enzimáticos, no estudo da diversidade de 84 populações de milho da espécie *Pennisetum glaucum* (L.) R. Br. Os resultados mostraram que os dois primeiros componentes principais, com 31,9% e 22,2%, respectivamente, indicaram uma forte associação entre alguns alelos e determinados grupos associados com a origem.

PERCY & WENDEL (1990), utilizando a matriz das frequências alélicas obtidas de treze sistemas enzimáticos, avaliaram as relações infra-específicas e o nível de variabilidade genética em populações de algodão (*Gossypium barbadense* L.) objetivando identificar a origem das formas cultivadas, as rotas de difusão subsequentes à domesticação e quantificar a proporção do conjunto gênico incorporado nas cultivares mais utilizadas. A dispersão



gráfica dos dois primeiros componentes principais, apesar de explicarem apenas 36% da variação total, possibilitou a identificação de seis grupos de acessos, todos relacionados com a origem geográfica de seus integrantes.

RAJORA (1989a) estudando a estrutura genética e as relações de parentesco entre 43 clones representativos de seleções, cultivares e variedades de álamo (*Populus nigra* L.) verificou que os seis primeiros componentes principais explicaram 72% (22%, 15%, 10%, 9%, 9% e 7%, respectivamente) da variação total em dez locos polimórficos, tendo a dispersão gráfica através dos dois primeiros componentes possibilitado diferenciar e agrupar os clones, tendendo o agrupamento para uma correlação com a origem. Igual tendência foi registrada por RAJORA (1989b) na identificação de clones obtidos dos híbridos interespecíficos entre as espécies *Populus deltoides* X *Populus nigra* por meio de aplicação de componentes principais no padrão de bandas de dez sistemas enzimáticos.

BREETTING et alii (1987) estudaram a variação isoenzimática de raças caribenhas, centro e sul americanas de milho, aplicando a técnica nas frequências alélicas de onze sistemas enzimáticos e os resultados mostraram que apesar de terem explicado 26% e 12%, respectivamente, os dois primeiros componentes principais permitiram a identificação das raças por origem. Resultados similares foram obtidos por CHEVALLIER & DATTE (1984) com oito

sistemas enzimáticos, em populações de raças latino-americanas e africanas, considerando não as frequências mas a presença ou ausência de bandas isoenzimáticas; GOODMAN & STUBER (1983) utilizaram as frequências alélicas de quatorze sistemas na identificação do padrão de variação geográfica e climática de raças bolivianas.

Ainda no milho, SMITH (1984), avaliando a variação isoenzimática entre os híbridos mais utilizados, no período, nos Estados Unidos, por meio de 21 locos de sete sistemas enzimáticos, verificou que aproximadamente 90% dos híbridos diferiam em relação as frequências alélicas, com as diferenças sendo devidas a pequenos desvios na frequência alélica de poucos locos. Os autores consideraram que a técnica dos componentes principais é bastante eficiente na análise como a efetuada por eles, razão pela qual concluíram que as diferenças entre a maioria dos híbridos devia-se principalmente, a pequenas diferenças na constituição do germoplasma e que a eficiência da técnica no agrupamento poderia ajudar os produtores na escolha dos híbridos a serem cultivados.

SMITH et alii (1985) realizaram estudo similar, com treze sistemas enzimáticos, com o objetivo de avaliar o relacionamento entre as linhagens historicamente mais importantes dos Estados Unidos, comparando os resultados com as relações esperadas com base na genealogia de cada uma. Os dados isoenzimáticos mostraram que a base genéti

ca do germoplasma de milho dos Estados Unidos é mais ampla do que o esperado numa avaliação como a que procederam e que grande parte desta diversidade permanece inexplorada, já que grande parte dos híbridos utilizados são obtidos com o emprego de poucas linhagens consideradas elite.

### 2.2.3.2. Distância Euclidiana

Se  $X_1, Y_1$  e  $X_2, Y_2$  são as ordenadas de dois indivíduos I e J, a distância Euclidiana que separa I e J é dada por:

$$d_o(I, J) = \left[ (X_1 - X_2)^2 + (Y_1 - Y_2)^2 \right]^{1/2}$$

é a chamada distância Euclidiana clássica, que tem a função de descrever a posição relativa de dois pontos quaisquer no espaço (HERBERT & VINCOURT, 1985).

Por ignorar as correlações entre os caracteres estudados, esta técnica é uma das de maior utilidade nos casos em que as variáveis consideradas são essencialmente independentes, razão pela qual tem sido amplamente utilizada em análises genéticas envolvendo estudos comparativos (GOODMAN, 1972).

Uma característica da distância Euclidiana é a não preservação da ordem das distâncias quando ocorrem mudanças de escala. Em decorrência procede-se à padronização

nos dados originais antes do cálculo da distância.

À medida que aumenta o número de variáveis (caracteres), cresce o valor da distância Euclidiana, razão pela qual utiliza-se a distância Euclidiana média (CRUZ, 1990), que consiste em dividir o valor das variáveis pela raiz quadrada do número de variáveis. A distância Euclidiana média é dada por:

$$\Delta_{ij} = \frac{1}{\sqrt{p}} d_{ij}$$

Para CRUZ (1990), não obstante ser mais frequentemente utilizada, junto com a técnica dos componentes principais, em bancos de germoplasma, as distâncias Euclidianas podem ser utilizadas em estudos de divergência genética, sendo de grande utilidade para o melhoramento, mesmo nos casos em que é possível quantificar a variação e covariação residual. O autor chegou a esta conclusão depois de comparar diferentes técnicas multivariadas no estudo da divergência genética do milho.

Diversos outros trabalhos relatam a utilidade da técnica no estudo da diversidade genética, em diversas espécies de plantas, entre os quais relacionam-se os de KIANG & CHIANG (1990) no estudo da diferenciação da espécie de soja selvagem *Glycine soja* Sieb. & Zucc.; PEREIRA (1989), em mandioca; JARADAT (1989), em cevada (*Hordeum vulgare* L. e *Hordeum spontaneum* C. Koch.); KNERR et alii

(1989), em pepino (*Cucumis sativus* L.); SINGH (1987), em feijão *Vigna radiata* (L.) Wilczek; VERONESI & FALCINELLI (1988), em *Festuca arundinacea* Schreb.; COWEN & FREY (1987), em aveia (*Avena sativa* L.); MIRANDA et alii (1988a), em batata-doce (*Ipomea batata*); MIRANDA et alii (1988b), em pimentão (*Capsicum annuum*); MALUF et alii (1983), em tomate (*Lycopersicon esculentum* L.); MARTINEZ et alii (1983), em milho (*Zea mays*); MALUF & FERREIRA (1983), em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.).

MARTINEZ et alii (1983), após compararem seis medidas de divergência (distância Euclidiana, distância generalizada de Mahalanobis, distância generalizada modificada, distância de Dempster e distância aproximada de Dempster), em 46 acessos latino americanos e 30 populações F<sub>2</sub> oriundas dos cruzamentos entre alguns destes acessos, no milho, concluíram que a distância Euclidiana foi particularmente apropriada para estudos em que os caracteres mostraram pequena intercorrelação. E, além de não ter mostrado nenhuma desvantagem em relação aos outros processos, a distância Euclidiana é de fácil manuseio e não requer recursos computacionais especiais.

#### 2.2.3.3. análise de agrupamento

O uso de técnicas de agrupamento objetiva a reunião de entidades em grupos homogêneos de forma tal que

seja minimizada a variação dentro e maximizada a variância entre grupos (GOLDER & YEOMANS, 1973). Alternativamente, as técnicas de agrupamento permitem, a partir de algum critério pré-estabelecido de similaridade, ou dissimilaridade, dividir um grupo de observações em diversos outros grupos menores e mais homogêneos (CRUZ, 1990). Em diversas situações, a estratificação além de facilitar o processamento dos dados é, em muitos casos, convincente até por praticidade de planejamento e execução de determinadas atividades (GOLDER & YEOMANS, 1973).

Entre os métodos de agrupamento, os mais importantes são, segundo MANLY (1986), os métodos hierárquicos, nos quais os indivíduos são reunidos em grupos, com o processo repetindo-se em vários níveis até a formação de um dendograma; e, os métodos de otimização, nos quais os grupos são formados pela otimização de algum critério de agrupamento.

Nos métodos hierárquicos, o interesse maior é com o dendograma resultante, não sendo motivo de preocupação o número de grupos formados. Estes métodos, que são divididos em aglomerativos e divisivos, apresentam mais vantagens do que os demais, especialmente quando o número de variáveis é elevado, por serem mais facilmente manipuláveis em nível computacional (CRUZ, 1987). Já os métodos de otimização, segundo o autor, não obstante demandarem maior esforço computacional, são bastante

utilizados pelas suas peculiaridades no melhoramento.

### 2.3. Isoenzimas

#### 2.3.1. Generalidades

As atividades metabólicas fundamentais dos organismos são, de um modo geral, bastante similares. Em consequência, enzimas que catalizam reações idênticas podem ser encontradas em diferentes organismos e mesmo em diferentes tecidos de um mesmo indivíduo. Entretanto, quando submetidas a testes específicos de ordem física, química ou serológica, as enzimas de diferentes organismos são comumente diferentes, mesmo quando catalizam as mesmas reações químicas. E, em razão do controle genético da síntese das proteínas, diversas enzimas ocorrem em formas multimoleculares, não só no indivíduo, mas também dentro de simples tecido, motivo pelo qual MARKET & MOLLER (1959), propuseram o termo isoenzima para descrever as diferentes formas moleculares nas quais as proteínas podem existir com a mesma especificidade enzimática.

As isoenzimas podem diferir na estrutura primária porque são codificadas em diferentes genes, os quais podem ser alélicos ou não alélicos. Além disso, a estrutura primária pode ser modificada pela conjugação de moléculas com grupos reativos como amino, carboxilas ou

grupos hidroxilas de resíduos de aminoácidos da cadeia polipeptídica (SCANDALIOS, 1969).

PRAKASH et alii (1969) propuseram o termo aloenzima para a variação produzida por formas alélicas de um mesmo loco para que fossem evitadas confusões - até então muito frequentes - com o termo isoenzimas o qual define os vários polímeros produzidos a partir de monômeros especificados por genes diferentes.

As isoenzimas podem ser encontradas dentro do mesmo compartimento subcelular, em diferentes compartimentos celulares, ou podem ser produzidas em diferentes estágios de desenvolvimento dos organismos. Em plantas, o número de isoenzimas de uma enzima particular reflete, frequentemente, o número de compartimentos subcelulares nos quais há necessidade da mesma reação catalítica (GOTTLIEB, 1982).

### 2.3.2. Uso de isoenzimas como marcadores genéticos

HUBBY & LEWONTIN (1966) relacionaram quatro critérios que consideraram importantes quando da avaliação da variabilidade genética em populações de plantas:

- 1) A expressão alélica deveria ser de fácil identificação ao nível de indivíduos;

- 2) O efeito de cada substituição alélica deveria ser específico para o loco gênico e, ao mesmo tempo,



possível de ser identificado das substituições nos outros locos;

3) Todas as substituições, ao nível das bases, deveriam ser identificadas;

4) Os locos deveriam ser amostrados ao acaso, independentes das suas funções ou prováveis níveis de polimorfismo.

Para eles, o uso de isoenzimas possibilitaria uma melhor aproximação destes critérios, permitindo uma análise mais confiável da estrutura genética das populações.

Lembra WEEDEN (1983), que muitos parâmetros podem ser usados para estimar o grau de divergência entre as isoenzimas mas, talvez, o conjunto ideal de dados, para uma correta avaliação, devesse levar em consideração os seguintes aspectos:

1) Informações sobre a sequência de genes que codificam as proteínas;

2) As propriedades físicas e cinéticas das isoenzimas;

3) Conhecimento completo da expressão espacial e temporária de cada isoenzima;

E, que uma comparação da sequência do DNA permite uma mensuração absoluta da variação genética entre duas isoenzimas, enquanto as outras propriedades permitem uma estimação das divergências funcionais. Ressalta ainda

que, embora determinada, pouco se sabe sobre a sequência de genes codificadores. Desta forma, a base mais segura para determinação das diferenças genéticas absolutas advém do conhecimento destes casos ocasionais em que são determinadas as sequências dos aminoácidos.

BROWN & WEIR (1983) enfatizam que a habilidade na discriminação de genótipos individuais, o mais próximo possível do DNA, é um pré-requisito essencial para a análise da estrutura genética das populações. Para que isto seja possível, a técnica ideal deve produzir sequências de DNA para genes definidos ou frações do genoma, o que é factível apenas para algumas classes de DNA, como organelar e o altamente repetitivo. Entretanto, tal técnica, acreditam eles, dificilmente estará disponível a curto prazo. Relacionam, no entanto, algumas propriedades das isoenzimas que vão de encontro aos critérios sugeridos por Hubby e Lewontin:

1) A expressão alélica é ordinariamente codominante e livre dos efeitos epistáticos e dos efeitos ambientais.

2) A especificidade das enzimas permite a correlação ou atribuição dos alelos com os respectivos locos, bem como a comparação de locos em diferentes populações ou espécies.

3) Cada diferença alélica é detectada como uma diferença de mobilidade, a qual é independente do papel

funcional ou do nível total da variação da enzima em questão.

4) Os locos amostrados são frequentemente determinados mais pela expressão do tecido, extração correta do tecido e disponibilidade de corantes para os zimogramas do que pelo fato do gene ser variável ou não.

Os caracteres morfológicos apresentam várias desvantagens quando usados como marcadores no estudo genético de plantas por diversas razões, entre as quais é possível destacar: os alelos recessivos que são fundamentais para uso como marcadores podem ser deletérios quando em homozigose; a presença de efeitos epistáticos e pleiotrópicos, ou ambos, pode limitar significativamente o número de marcadores em um determinado estoque genético; a necessidade de cruzamentos, nem sempre de fácil execução, e de obtenção de descendentes com os marcadores em proporções desejáveis; e, o tempo, espaço físico e custos envolvidos quando do uso em determinados grupos de plantas, como as perenes.

Por outro lado, a maioria dos locos isoenzimáticos são codominantes e não causam alterações deletérias no fenótipo das plantas em razão de estados recessivos ou pleiotrópicos.

Para ADAMS (1983), as isoenzimas apresentam diversas vantagens sobre os outros marcadores genéticos de herança simples, ressaltando:

1) A técnica pode ser empregada para um

grande número de locos enzimáticos de um grande número de espécies;

2) A maioria das espécies estudadas tem demonstrado altos níveis de variabilidade para os locos enzimáticos conhecidos;

3) Grande número de amostras pode ser analisado ao mesmo tempo;

4) As isoenzimas expressam-se, normalmente, codominantemente e segregam em taxas mendelianas normais;

5) As isoenzimas podem ser identificadas em uma grande variedade de tecidos e em diferentes idades da planta.

Considera também vantajoso o fato das isoenzimas poderem ser utilizadas mesmo quando não se conhece o seu controle genético.

Por outro lado, o progresso no estudo genético de enzimas tem dependido de metodologias que possibilitam a discriminação entre enzimas fortemente relacionadas e que podem ser produtos de diferentes alelos do mesmo loco, de diferentes locos no mesmo indivíduo ou de locos homólogos em diferentes espécies. Entretanto, o que se tem verificado, como norma geral, é que uma metodologia qualquer revelará apenas alguns tipos determinados de diferenças moleculares, em função das particularidades do método, de forma que outras diferenças que possam estar presentes poderão escapar e não serem detectadas (HARRIS,

1983). A eletroforese, como uma destas metodologias, também apresenta limitações pelo fato de detectar apenas as diferenças moleculares que afetam cargas elétricas em um determinado pH.

ADAMS (1983) salienta que, como marcadores genéticos, as isoenzimas têm utilidade restrita à identificação de indivíduos ou populações, sendo irrelevantes para o restante do genoma, a não ser que possam ser consideradas como representativas da maioria dos genes do genoma. E BROWN & WEIR (1983) argüem que o uso de isoenzimas no estudo da variação genética tem encontrado algumas limitações, entre as quais relacionam:

- 1) A possibilidade de ocorrência de modificações pós-tradução da mobilidade eletroforética, ou genética ou ambiental em origem;

- 2) As diferenças verificadas tanto na análise do zimograma como na especificidade das enzimas. A duplicação do material genético, como no caso da poliploidia, leva frequentemente a uma inabilidade na descrição de uma variante particular para um único loco;

- 3) Somente um quarto das substituições de base resulta em substituição de aminoácidos que alteram a carga elétrica da proteína e são detectáveis pela eletroforese de rotina;

- 4) As técnicas enzimáticas estudam apenas uma classe restrita de proteínas, sendo esta classe também

heterogênea no nível da variação entre subcategorias. Como exemplo, citam as enzimas glicolíticas que, aparentemente, formam um subgrupo com menor tendência para variar geneticamente.

### 2.3.5. Eletroforese de isoenzimas

Eletroforese é, basicamente, um processo de difusão forçada dentro de um campo elétrico (PIERCE & BREWBAKER, 1973). A teoria básica é relativamente simples: uma corrente contínua é empregada para separar isoenzimas individuais, aproveitando-se as diferentes e características cargas elétricas de cada isoenzima (SHANNON, 1968). As isoenzimas são separadas, então, porque possuem diferentes cargas eletrostáticas. Esta característica é uma função do número relativo de aminoácidos com cargas positivas e cargas negativas na sua constituição (GOTTLIEB, 1977).

A técnica baseia-se no princípio da migração em direção ao eletrodo de sinal contrário de um íon em solução, quando submetido à ação de um campo elétrico unidirecional. Assim, aplicando-se uma corrente contínua num meio apropriado contendo moléculas de proteínas em solução, dar-se-á a migração das partículas carregadas em direção aos eletrodos de carga contrária. As partículas com cargas de mesmo sinal, porém de diferentes magnitudes, migrarão num mesmo sentido, mas em velocidades diferentes,

acarretando na separação das mesmas. A separação dos componentes iônicos da mistura (moléculas de proteínas), entretanto, só é possível quando se utiliza a eletroforese de zona, a qual combina a separação baseada em cargas elétricas e filtração em gel, sendo que esta última baseia-se no tamanho e forma das moléculas (SHIELDS et alii, 1983).

A eletroforese permite o exame de diferenças qualitativas e quantitativas de variantes eletroforéticas de enzimas específicas (isoenzimas) em, comparativamente, pequenas quantidades de tecido (HAMIL & BREWBAKER, 1969). Entretanto, esta técnica se tornou um poderoso instrumento na separação e identificação de enzimas quando foi combinada, por HUNTER & MARKET (1957), com o uso de corantes, ou seja, após a separação física as enzimas são identificadas por uma reação de coloração baseada em suas atividades catalíticas (GOTTLIEB, 1977). Esta combinação da eletroforese com uma coloração específica tornou possível a identificação de enzimas particulares entre centenas que possam estar presentes em um extrato de tecidos.

Quando extratos de um determinado tecido são submetidos ao processo de eletroforese em um gel de amido, por exemplo, o padrão de bandas obtido para uma determinada isoenzima - número, distância percorrida e intensidade de coloração - representa a expressão daquele sistema enzimático que está sendo analisado e seu modo de herança (GOTTLIEB, 1977). O padrão de bandas e a intensidade de

manifestação, para cada sistema enzimático, são específicos para cada órgão ou parte da planta, o tecido utilizado e até o estágio de desenvolvimento em que se encontra a planta, o órgão ou o tecido, razão pela qual quando do emprego da técnica, deve-se utilizar amostras comparáveis de tecidos, ou seja, no mesmo estágio de desenvolvimento e que sejam representativos da planta e, esta, representativa da população (PIERCE & BREWBAKER, 1973).

A obtenção de bandas de um determinado sistema, de forma clara e que possibilite uma análise e interpretação segura do padrão estampado, é resultante de uma série de ações como uso da amostra com tamanho apropriado, tamponamento do extrato na formação do homogenato, composição e pH do gel, intensidade da corrente elétrica e técnica de coloração (PIERCE & BREWBAKER, 1973).

A eletroforese basicamente possibilita muitos tipos de pesquisas com as plantas superiores, a despeito do limitado número de enzimas que pode ser detectado com os processos de coloração dos géis. Entretanto, o polimorfismo genético encontrado nos sistemas enzimáticos conhecidos basta para estudos suficientemente embasados de sistemática, genética e fisiologia das angiospermas (BREWBAKER et alii, 1968).

Para GOTTLIEB (1971) a maior vantagem da eletroforese está no fato de que a variação do padrão de bandas pode ser diretamente associada com a variação nos



genes que codificam as proteínas variantes. O padrão de bandas é tratado como um fenótipo e analisado por testes genéticos que determinam quais bandas são codificadas por genes alélicos e quais são especificadas por genes em diferentes locos. Além disso, a análise é bastante simplificada porque as bandas quase sempre segregam como fatores Mendelianos simples.

Outro aspecto interessante do emprego da eletroforese está relacionado com a determinação de similaridades e diferenças entre espécies. Sabe-se que existem grandes diferenças entre indivíduos pertencentes a espécies diferentes e que o grande problema da biologia evolucionária é a quantificação destas diferenças, uma vez que as espécies nem sempre se cruzam ou, quando o fazem, os híbridos ou são inviáveis ou estéreis. Através da eletroforese, entretanto, é possível estimar o grau de divergência genética entre um determinado número de locos que codificam algumas enzimas, ou mesmo outras proteínas, mesmo na ausência de cruzamentos férteis (GOTTLIEB, 1971).

Como toda técnica empregada em estudos biológicos a eletroforese, apesar da inquestionável importância e avanços que vem proporcionando, apresenta algumas fontes de erros inerentes às próprias limitações do conhecimento atual sobre a estrutura genética das plantas, do número e distribuição das isoenzimas dentro das células e de erros da própria técnica.

SHAW (1965) enfatiza que a mobilidade da molécula de proteína através de um meio eletroforético, como o gel de amido, é afetada não só pela carga elétrica, mas também pelo tamanho e forma da molécula. Por esta razão, uma mutação pode acarretar numa variação na configuração da molécula e conseqüentemente, também implicando em erro do padrão eletroforético.

MARSHALL & BROWN (1975), calcularam que somente 25% de todas as mutações simples de bases levariam a uma variação numa molécula de proteína. Assim, cerca de 75% das mutações são eletroforéticamente "silenciosas", o que representa perda de informações evolutivas.

Desta forma, a eficiência da eletroforese está intimamente relacionada com a composição do meio suporte através do qual as moléculas passam. Há necessidade, portanto, de um tamponamento apropriado no meio suporte, uma vez que a concentração ótima do gel e o pH diferem com as isoenzimas (PIERCE & BREWBAKER, 1973).

#### 2.3.4. Aplicação de isoenzimas em espécies frutíferas e nozes comestíveis.

Apesar do considerável volume de trabalhos com o emprego de isoenzimas em grande número de espécies e variados objetivos (HAMRICK & GODT, 1989), com as espécies frutíferas perenes a sua aplicação tem sido bastante moder

esta. A necessidade de se conhecer a variabilidade genética presente nesses materiais, requisito indispensável para o sucesso do melhoramento, associada às dificuldades de avaliação por meio dos processos tradicionais, ressalta a importância da técnica em diversos campos de interesse prático e da pesquisa principalmente em taxonomia, evolução, conservação, identificação de variedades e da variabilidade genética presente.

GARCIA (1988), utilizou nove sistemas enzimáticos na identificação e classificação do gênero *Ananas*, considerando a organização genética de clones cultivados e selvagens do abacaxi (*Ananas comosus*), especulando ainda sobre a filogenia das espécies. Os resultados demonstraram ser possível a formação de uma árvore filogenética a partir da aplicação de métodos taxonômicos cladísticos nos dados resultantes da eletroforese. Através da análise dos perfis isoenzimáticos foram identificados 101 (77%) dos 177 clones estudados e demonstrado que apesar de ocuparem 75% da produção mundial, as cultivares do grupo Cayenne foram bastante uniformes, não tendo apresentado nenhum polimorfismo enzimático. Por outro lado, expressivo polimorfismo foi apresentado pelos outros grupos hortícolas.

As isoenzimas também foram utilizadas em estudos taxonômicos e evolutivos do gênero *Persea* ao qual pertence o abacate (*P. americana*) por TORRES & BERG (1980); no gênero *Musa*, ao qual pertence a bananeira, por BONNER et

alii (1981). Em géneros de espécies cítricas (ESEN & SOOST 1976; ESEN & SCORA, 1977; TORRES et alii 1978, 1982; SOOST & WILLIAMS, 1980); e no género *Pistacia* ao qual pertence a pistácia (*Pistacio vera*), árvore da família *Anacardiaceae* (LOUKAS e PONTIKIS, 1979).

É, todavia, na identificação de cultivares que as isoenzimas têm sido mais empregadas nas fruteiras perenes. IGLESIAS et alii (1974), por meio do emprego da peroxidase e da estearase, determinaram os padrões de banda que possibilitaram a identificação de plantas nucelares e zigóticas em progénies de alguns cruzamentos intra e intergenéricos de espécies cítricas. Estudo com resultados similares foi conduzido por BUTTON et alii (1976), empregando apenas a peroxidase.

A identificação de cultivares e/ou de parentais envolvidos em cruzamentos por meio de polimorfismos enzimáticos, foi efetuada na uva (*Vitis vinifera* L.) por WOLF (1976) e LOUKAS et alii (1983); na maçã (*Malus domestica* Borkh.), por CHYI & WEEDEN (1984); WEEDEN & LAMB (1985) e MENENDEZ et alii (1986); abacate (*Persea americana* L.) por GARCIA & TSUNEWAKI (1977) e TORRES et alii (1978a); morango (*Fragaria x Ananassa*) por ARULSEKAR et alii (1981); BRINGHURST et alii (1981) e ARULSEKAR & BRINGHURST (1983); pêssego (*Prunus persica* L.) por CARTER & BROCK (1980) e ARULSEKAR et alii (1986b); ameixa (*P. domestica x P. spinosa*), por HUANG et alii (1984); tâmara (*Phoenix*

*dactylifera* L.) por TORRES & TISSERAT (1980); banana (*Musa spp*), por JARRET & LITZ (1986a); amêndoa (*Prunus amygdalus* Batsch), por ARUSELKAR et alii (1986a); híbridos entre pê<sub>s</sub>sego e ameixa (*Prunus persica* x *Prunus salicina*) por PARFIT et alii (1986).

Um número mais reduzido de trabalhos trata de estimar o nível de diversidade nas espécies de nozes e fru<sub>t</sub>teiras perenes. Este conhecimento pode ser de utilidade no monitoramento da variabilidade disponível, além de possibi<sub>l</sub>itar estimativas similares entre grupos de cultivares e in<sub>d</sub>icações sobre o estágio de domesticação, com impacto nas estratégias de melhoramento e conservação de germoplasma. ARULSEKAR et alii (1986b), por meio de eletroforese em gel de amido e seis sistemas, compararam o polimorfismo enzimá<sub>t</sub>ico entre duas espécies bem próximas, o pessegueiro *Prunus persica* Batsch) e a amendoeira (*P. amygdalus* Batsch), tendo encontrado 75% de locos polimórficos nas 87 cultivares de amêndoa contra apenas 8% nas 290 cultivares de pê<sub>s</sub>sego. Os resultados foram atribuídos ao sistema reprodutivo das espé<sub>c</sub>ies e à variabilidade das introduções iniciais. Assim, além da grande variabilidade presente no material introduzi<sub>d</sub>o, a sua manutenção foi possível em razão do sistema repro<sub>d</sub>utivo alogâmico na amendoeira, enquanto o pessegueiro te<sub>r</sub>ria sido introduzido com base genética estreita que foi man<sub>t</sub>ida pelo sistema de autofecundação, característica da espécie.

BYRNE (1990) realizou estudo similar com quatro espécies diplóides do gênero *Prunus*: pêssego (*P. persica* (Batsch) L.), amêndoa (*P. dulcis* (Mill.) Webb.), damasco (*P. americana* L. e *P. mandshurica* (Maxim.) Koechne) e ameixa japonesa (*P. salicina* Lindl) e híbridos, todos diferindo entre si com relação ao sistema reprodutivo, centro de origem e adaptação e no estágio de melhoramento. A variabilidade encontrada também foi atribuída ao sistema reprodutivo e à amplitude da base genética do germoplasma amostrado.

Alguns outros estudos foram realizados com o objetivo de avaliar a variabilidade isoenzimática, como o de TORRES & BERG (1980) no abacateiro (*Persea americana*); JARRET & LITZ (1986b) na bananeira (*Musa acuminata* Colla); ARULSEKAR et alii (1986a), na noqueira persa (*Juglans* sp); MOORE & CASTLE (1988) em diversas espécies para porta-enxerto de Citrus; TORRES & TISSERAT (1980) na Tâmara (*Phoenix dactylifera* L.); BYRNE & LITTLETON (1989), no damasco (*Prunus armenica* L. e *Prunus mandshurica* (maxim.) Kochne); DEWALD et alii (1988), no abacaxi (*Ananas comosus* (L.) Merr); BYRNE & LITTLETON (1988), em ameixeiras diplóides (*Prunus salicina* Lindl) e outras espécies do gênero *Prunus*.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido em duas etapas. A primeira no Banco Ativo de Germoplasma de Caju, do Centro Nacional de Pesquisa de Caju - CNPCa da EMBRAPA, onde foram obtidos os dados morfológicos para as estimativas da divergência genética entre os acessos avaliados. A segunda etapa foi realizada no Laboratório de Genética Ecológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP, onde foi feita a caracterização isoenzimática dos acessos.

#### 3.1. Localização do Banco ativo de Germoplasma de Caju

O Banco Ativo de Germoplasma de Caju (BAG - Caju) localiza-se na Microrregião Litoral de Pacajus, município de Pacajus, Estado do Ceará, no km 5 da estrada Pacajus-Itaipaba, a partir da BR-116, a aproximadamente 55 km da cidade de Fortaleza e cerca de 40 km, em linha reta, do Oceano. Esta localização corresponde às coordenadas  $4^{\circ} 10' S$  e  $38^{\circ} 27' W$ , com altitude de 60 m acima do nível do mar.

O clima da Região onde localiza-se o BAG-Caju

enquadra-se no tipo seco/subúmido (c2) da classificação de Thornthwaite, com índices efetivos de umidade (Im) variando de -33 a 0 (zero). A precipitação média anual é de 1100 mm e o regime pluviométrico caracteriza-se por chuvas de verão/outono. Reconhecem-se duas estações bem definidas: uma de chuvas que vai, normalmente, de janeiro a junho com cerca de 90% do total da precipitação anual; e outra seca, de julho a dezembro. É neste período, o seco, que ocorrem o florescimento e a frutificação do cajueiro.

A área onde localiza-se o BAG-Caju é composta de três unidades pedogenéticas: a) Podzólico Vermelho-Amarelo Tb Eutrófico A fraco, textura arenosa média (PE); b) Podzólico Vermelho-Amarelo Tb Distrófico A fraco, textura arenosa média (PV); e, 3) Areia Quartzosa Distrófica A fraco (AQd). O relevo é plano e as características físicas de maior importância são associadas à textura. A condição arenosa resulta em fraca agregação do solo, baixa retenção de umidade, lixiviação de fertilizantes aplicados à superfície e drenagem acentuada, forte ou excessiva. O teor de matéria orgânica é baixo (0,30% a 1,1% nos horizontes superficiais); a capacidade de troca de cátions é pequena - máximo de 2,5 meq/100g de solo; as quantidades de fósforo (3 a 5 ppm) e potássio (26 a 45 ppm) são baixas, cálcio + magnésio trocáveis em torno de 2,0 meq/100 g de solo e o alumínio é baixo (menos de 0,3 meq/100 g de solo); o pH está entre 5,0 e 6,0 (moderadamente ácido) e os solos são de baixa fertilidade



de natural (EMBRAPA, 1990).

### 3.2. Materiais

#### 3.2.1. Primeira etapa

Para a caracterização botânico-agronômica foram utilizados 67 acessos, de seis grupos de origem e tipos de cajueiros do BAG-Caju (Tabela 1). Para tal caracterização os acessos foram avaliados para diversas características morfológicas, fenológicas e agronômicas, no campo e em laboratório, em Pacajus-CE. Estes materiais constaram de: 1) dez acessos de cajueiro do tipo anão precoce coletados nos municípios de Maranguape e Pacajus, Estado do Ceará. Estes acessos foram introduzidos por semente e constituíram o grupo G1 de avaliação; 2) treze acessos de cajueiros do tipo comum, coletados em diferentes áreas do município de Pacajus, Estado do Ceará, e propagados por semente, constituindo o grupo G2 de avaliação; 3) nove acessos de cajueiros do tipo comum oriundos da Estação Experimental de Ullal, na Índia, propagados por semente, que constituíram o grupo G3 de avaliação; 4) dez de cajueiros do tipo comum oriundos do município de Valinhos, Estado de São Paulo, propagados por semente, e que constituíram o grupo G4; 5) onze acessos de cajueiros do tipo comum, oriundos da Venezuela, propagados por sementes, que constituíram o grupo

po G5 de avaliação; e, 6) quatorze acessos de cajueiros do tipo comum, coletados em diferentes municípios do Estado do Ceará e propagação vegetativamente, constituindo o grupo G6 de avaliação. Todos os acessos foram representados por uma única planta.

### 3.2.2. Segunda etapa

Para a caracterização isoenzimática foram utilizadas cinco plantas descendentes de cada um dos acessos (Tabela 1) que foram avaliados, na primeira etapa do estudo para 30 caracteres morfométricos. Estas plantas foram obtidas pelo plantio, em casa de vegetação, no Departamento de Genética da ESALQ/USP, em Piracicaba-SP, de sementes obtidas do BAG-Caju, em Pacajus-CE. Além destes, foram incluídos, também, cinco descendentes de um acesso da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke e cinco de um *Anacardium* sp., coletado no município de Camocim, litoral norte do Estado do Ceará. Estes dois acessos foram incluídos no estudo de isoenzimas com o objetivo de servirem, como pontos de referência nas análises a serem efetuadas.

A espécie *Anacardium microcarpum* Ducke, considerada por MITCHELL & MORI (1987), após o emprego de um processo de taxonomia numérica, como uma forma da espécie cultivada (*Anacardium occidentale* L.), é uma planta de cerrado que apresenta algumas características morfométricas que a

diferencia da espécie cultivada. Entre estas características salientam-se o peso do fruto (2g a 3 g) e do falso-fruto (15g a 20 g), que apresentam valores similares às demais espécies de *Anacardium* (LIMA, 1988a).

O acesso *Anacardium* sp. vulgarmente denominado Camocim, também apresenta algumas características morfológicas diferenciadas, especialmente no local onde foi coletado (município de Camocim, litoral norte do Estado do Ceará), como o porte baixo e o peso do fruto (1g a 2 g) e do falso-fruto (15 g a 20 g).

### 3.3. Metodologia

#### 3.3.1. Caracterização botânico-agronômica

Os 30 caracteres empregados no presente estudo são utilizados na caracterização dos acessos de cajueiros pertencentes ao BAG-Caju, no CNPCa /EMBRAPA. Não foi considerada a produção em razão da existência, nos acessos avaliados, de genótipos já selecionados para a geração de clones comerciais conjuntamente com os coletados e introduzidos sem a preocupação com a produção, o que significa um contraste *a priori*, o que foi evitado.

Os caracteres utilizados foram:

- 1 - Altura de plantas (AP), em metro;
- 2 - Diâmetro médio da copa (DM), estimado em

metro, pela média entre o maior e o menor diâmetro da copa, dando um indicativo da área da copa da planta;

3 - Número de panículas/m<sup>2</sup> (NP). Parâmetro importante em razão de haver correlação entre a porcentagem de ramos floríferos por área de copa e a produção;

4 - Comprimento da panícula (CP), estimado em centímetro como a média de dez panículas, tomadas ao acaso no período de florescimento mais intenso;

5 - Número de ramificações por panícula (NR), utilizada através da média das mesmas dez panículas utilizadas para a estimativa do comprimento (item 4);

6 - Número de flores masculinas por panícula (NFM). Também média de dez panículas (item 4);

7 - Número de flores hermafroditas por panícula (NFH). Média de dez panículas (item 4);

8 - Número de botões florais por panícula (NBF). O florescimento no cajueiro é bastante desuniforme, sendo normal encontrar-se, numa mesma panícula, do botão floral até o fruto maduro. Desta forma, a estimativa do número total de flores por panícula fica mais real considerando-se o número de botões florais.

O parâmetro foi avaliado utilizando-se as mesmas panículas referidas no item 4;

9 - Duração do florescimento (DF). Caráter importante não só pelo aspecto econômico para o produtor, principalmente com relação ao aproveitamento do pedúnculo,

como também no contexto social pela absorção de mão-de-obra na colheita. Pelos dois ângulos, a dilatação do período produtivo é mais importante, antítese de uma situação na qual a colheita mecanizada fosse de interesse.

Este caráter foi considerado na forma de escores, a saber:

Escore	Caráter
1	até 4 meses de florescimento;
2	4-5 meses de florescimento;
3	5-6 meses de florescimento;
4	6-7 meses de florescimento;
5	mais de oito meses de florescimento

10 - Número total de flores por panícula (NTF) estimado considerando-se os itens 6, 7 e 8;

11 - Índice de sexualidade  $I_1$ . Relação entre o número de flores masculinas e o de flores hermafroditas por panícula. Este parâmetro indica o potencial produtivo, apesar de não oferecer informações conclusivas pois, um índice alto com um número elevado de hermafroditas é mais importante do que a situação oposta, isto é, índice baixo com número de flores hermafroditas também baixo. Foi determinado pela relação item 6 : item 7;

12 - Índice de sexualidade  $I_2$ . Representa a porcentagem de flores hermafroditas em relação ao número total de flores.

Trata-se, também, de um índice que fornece apenas indicação do potencial produtivo, uma vez que a produção depende de muitos fatores, além da presença de flores hermafroditas. Entretanto, um número elevado destas flores é sempre desejável considerando-se que, normalmente, o número total de flores por si já é suficiente para produções elevadas em potencial.

Esse índice foi determinado pela relação :

$$I_2 = \frac{\text{número de flores hermafroditas/panícula}}{(\text{n}^\circ \text{de flores hermafroditas} + \text{n}^\circ \text{de flores masc.})/\text{panícula}}$$

13 - Comprimento do pedúnculo (CPd), em cm.

14 - Diâmetro basal do pedúnculo (DBPd), em cm;

15 - Diâmetro apical do pedúnculo (DAPd), em cm;

16 - Peso do pedúnculo (PPd), em gramas;

17 - Peso do fruto (PFr), em gramas;

18 - Comprimento do fruto (CFr), em cm;

19 - Largura do fruto (LFr), em cm;

20 - Espessura do fruto (EFr), em cm;

Todos os caracteres relativos ao fruto e ao falso fruto (pedúnculo) representam a média de dez frutos de cada acesso, colhidos ao acaso no período de frutificação mais intenso;

21 - Peso da amêndoa (PA), em gramas;

22 - Peso da película que envolve a amêndoa (PP1, em gramas);

23 - Peso da casca do fruto (PCFr), em gramas;

Os caracteres relativos ao fruto e à amêndoa são da maior importância económica em razão dos preços, no mercado de nozes, serem determinados pelo peso da amêndoa, além de outros aspectos relativos à industrialização, como coloração e integridade da amêndoa. Assim, é de interesse não só o peso do fruto mas também o peso da amêndoa. Em termos de seleção, é mais interessante um menor peso de casca e/ou de película, para um mesmo peso de fruto;

24. Superfície do caule (SC).

A variação observada na superfície do caule permite uma separação, não muito rigorosa, em três classes:

Escore	Caráter
1	SC Lisa;
2	SC Fendilhada;
3	SC Muito fendilhada;

25 - Cor da brotação (CB).

A cor das folhas novas do cajueiro varia entre os genótipos, sendo no entanto uma característica individual fixa, pelo menos num mesmo ambiente. Para a determinação deste carácter adotaram-se as duas cores, mais marcantes

tes:

Escore	Caráter
1	CB Vermelha;
2	CB Verde;

26 - Coloração do pedúnculo (CIPd).

Caráter de interesse na identificação e caracterização de cultivares. Para a determinação optou-se pelas cores mais marcantes, já que a utilização de uma carta de cores, ou mesmo uma maior discriminação visual, significaria um maior número de escores. As cores consideradas foram

Escore	Caráter
1	CIPd Amarelo;
2	CIPdAmarelo-laranja;
3	CIPdLaranja;
4	CIPdVermelho-laranja;
5	CIPdVermelho;

27 - Início do florescimento (IFl).

Considerado na forma de escores:

Escores	Caráter
1	IFl no mês de maio;
2	IFl no mês de junho;
3	IFl no mês de julho;



4 IFI no mês de agosto;

---

28 - Final do florescimento (FFI).

Também avaliado por meio de escores que consideram o final dos meses de:

---

Escores	Caráter
1	FFI no mês de Outubro;
2	FFI no mês de Novembro;
3	FFI no mês Dezembro;
4	FFI no mês de Janeiro;
5	FFI no mês de Fevereiro;
6	FFI no mês de Março;

---

29 - Início da frutificação (IFt)

Caráter considerado por meio de escores que representam o mês em que teve início a frutificação:

---

Escores	Caráter
1	FFr no mês de Junho;
2	FFr no mês de Julho;
3	FFr no mês de Agosto;
4	FFr no mês de Setembro;

---

30 - Final da frutificação (FFt)

Também representada por escores relativos ao

mês em que o acesso cessou a fase produtiva:

Escores	Caráter
1	Outubro;
2	Novembro;
3	Dezembro;
4	Janeiro;
5	Fevereiro;
6	Março;

### 3.3.2. Caracterização isoenzimática

A caracterização enzimática foi feita através de eletroforese em gel de amido, utilizando-se para isto cinco plantas descendentes de cada acesso, obtidas a partir da sementeira de quinze castanhas em caixas de areia, em condições de casa de vegetação, do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

#### 3.3.2.1. Sistemas enzimáticos utilizados

Foram testados os sistemas Álcool desidrogenase (ADH), Malato desidrogenase (MDH), Leucina aminopeptidase (LAP), Catalase (CAT), Esterase (EST), Peroxidase (PER), Glutamato oxaloacetato transaminase

(GOT), também conhecido como Aspartato amino transferase (AAT) e Fosfatase ácida (ACP), tendo sido testadas algumas modificações sempre que não se obtinha, a princípio, a resolução ou nitidez satisfatórias das bandas.

Com base nos testes iniciais foram utilizados, no desenvolvimento deste trabalho, os sistemas GOT (E.C. 2.6.11) e PER (1.11.1.7), aplicados em tecidos de cotilédones de plântulas, por apresentarem resolução melhor do que a obtida com tecidos de cotilédones embebidos, cotilédones secos, folhas, caule, meio e ponta de radículas, testados com todos os sistemas, na fase inicial do trabalho.

A escolha dos dois sistemas empregados deveu-se à melhor resolução e nitidez de bandas, sendo importante ressaltar que outras alternativas mostraram potencial de uso no cajueiro, dependendo de acertos no processo de utilização. Assim, no sistema Álcool desidrogenase (ADH), as bandas reveladas, para tecidos de cotilédones, foram sempre bastante nítidas, com presença de polimorfismo em todos os testes efetuados. Entretanto, o número de indivíduos (amostras) nos quais era revelada a presença de bandas foi sempre muito baixo, razão pela qual foi abandonado no decorrer do trabalho.

Com a Leucina aminopeptidase (LAP), de forma contrária à observada no sistema anterior, todos os indivíduos apresentavam bandas. Entretanto, não eram

nítidas o suficiente para permitir uma avaliação segura, sendo em decorrência descartados.

O emprego da Peroxidase (PER), em folhas e meio de radículas, resultou sempre na presença de bandas bastante nítidas, porém com pouca variação, especialmente em folhas, onde ocorria sempre uma banda catódica e outra anódica, ambas monomórficas. Daí, o descarte da alternativa,

Os demais sistemas não ofereceram resolução ou nitidez suficientes para uma avaliação como a pretendida.

#### 3.3.2.2. Procedimentos de laboratório

Os sistemas enzimáticos empregados foram analisados por meio de eletroforese em gel de amido, migração horizontal.

O amido utilizado foi hidrolizado no próprio Laboratório de Genética Ecológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP, adotando-se o método proposto por SMITHIES (1955), com algumas modificações. Para 600 g de fécula de batata comercial da marca Colombo utilizou-se 1200 ml de acetona e 12 ml de ácido clorídrico em banho-maria por 45 minutos, a 38- 39 C°, com a hidrólise sendo paralisada pela adição de 300 ml de uma solução aquosa de acetato de sódio, a partir do que procedeu-se à lavagem e secagem do amido hidrolizado.

A concentração do gel utilizado foi de 12% e os tampões empregados foram o Lítio-borato e Tris-Citrato (Respectivamente A e B de SCANDALIOS, (1969)), pH 8,3, na proporção 1A:9B.

Para o preparo do gel utilizava-se 30 g do amido hidrolizado e 250 ml da mistura dos dois tampões (25 ml do tampão A e 225 ml do tampão B), quantidade suficiente para dois géis de 18 cm x 16 cm x 0,3 cm. Para tanto, aproximadamente 1/4 do volume do tampão era utilizado para dissolver todo o amido, num Kitasato de 500 ml. O restante do tampão era aquecido por 2 minutos na potência máxima de um forno de microondas e em seguida adicionado, sempre agitando, à solução de amido já preparada, resultando na formação do gel.

O gel assim obtido retornava ao forno de microondas onde ficava até o início da fervura (máximo de 1 e 1/2 minutos), após o que era levado para deaeração em bomba de vácuo, por cerca de 30 segundos, e despejado nas duas ca<sub>n</sub>aletas de vidro com 18 cm x 16 cm x 0.3 cm, sendo então co<sub>b</sub>ertas com duas placas de vidro do mesmo tamanho da cana<sub>l</sub>eta cuja função era o nivelamento do gel. Após resfriar à temperatura ambiente por cerca de 2 horas os géis eram en<sub>v</sub>olvidos em filme plástico transparente do tipo PVC até o dia seguinte, quando era deixado, durante a etapa de pre<sub>p</sub>aro das amostras (cerca de uma hora), em refrigerador, quando então era carregado com as amostras e posto no

local da corrida.

O preparo das amostras era feito macerando-se um pedaço de cerca de 0,4 cm x 0,4 cm x 0,4cm de cotilédone com três gotas de tampão de extração, com o auxílio de um bastão de vidro, em placas de acrílico com cavidades de 2,0 cm de diâmetro e 0,4 cm de profundidade. Estas placas eram mantidas sobre refrigeração até o momento de uso quando, para manter a atividade enzimática das amostras, o processo era conduzido numa bandeja de alumínio sobre gelo.

O tampão de extração utilizado teve a seguinte preparação:

Tampão Tris-HCl 0,1 M, pH 7,5..... 200,0 ml

- 2,4228 g de Tris

- Correção do pH com HCl 1,0 M

Sacarose 0,2 M.....6,892 g

Polivinilpirrolidona (PVP).....1,200 g

EDTA 1mM.....0,06724 g

Albumina bovina.....0,200 g

Na preparação do tampão de extração acertava-se o pH do tampão Tris-HCl antes de acrescentar as demais substâncias.

Por ocasião da extração adicionava-se dez microlitros de alfa-mercaptoetanol 0,6% para cada 5 ml do tampão imediatamente antes do uso.

Todas estas substâncias envolvidas na extração têm por objetivo a redução da interação entre as

proteínas e alguns componentes celulares secundários, sendo os fenóis os que mais interferem, não obstante outros componentes como as pectinas, terpenos, resinas, cumarinas e pigmentos carotenóides também interferirem com a atividade enzimática (KEPHART, 1990).

Feita a maceração aplicava-se um disco de papel de filtro, de diâmetro próximo ao da cavidade para evitar que pedaços de tecidos fossem juntos com os papelotes ("wicks") para o gel. Os papelotes de filtro para absorção do homogenato resultante da maceração tinham dimensões próximas de 3mm x 3mm.

A aplicação das amostras era feita, após a retirada da placa de vidro de cobertura e corte do gel, com uma espécie de pente com dentes de 4 mm, espaçados de 3mm, o que permitia inserir-se 25 papelotes mais o marcador (azul de bromofenol).

O corte do gel, no caso do sistema peroxidase que apresenta também bandas catódicas, foi feito sempre a 3,0 cm da ponte do polo negativo (-) e a 1,5 cm, no caso do Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT), sistema que não apresentou bandas catódicas.

As corridas eletroforéticas foram realizadas num balcão frigorífico, adaptado para este fim, à temperatura de 4° C, em cubas horizontais apropriadas. Estas cubas continham o mesmo tampão A que entrava na mistura para o preparo dos géis.

Antes de iniciada a corrida propriamente dita, era procedida uma pré-corrida de 20-25 minutos a 6 mA, após o que a fonte de corrente contínua era desligada e os papelotes retirados. A corrida, a 8 mA, durava em torno de 7 horas quando o marcador chegava a cerca de 5,5 cm da origem no gel para peroxidase e 7,0 cm no do GOT.

Interrompida a corrida era feita a revelação do gel, seguindo-se o seguinte protocolo:

Para a peroxidase (PER), adotou-se a técnica proposta por BREWBAKER et alii (1968), com algumas modificações. A solução corante era preparada com:

O-dianisidina.....	50,0 mg
Etanol absoluto (95%).....	33,2 ml
Água destilada.....	1,8 ml
H <sub>2</sub> O <sub>2</sub> (3,33%).....	1,0 ml
Tampão fosfato 1,0 M, pH 6,0	14,0 ml

A solução era preparada diluindo-se, inicialmente, a O-dianisidina na mistura etanol mais água, após o que era adicionado o tampão. Imediatamente antes do uso, adicionava-se o peróxido de hidrogênio.

O gel permanecia na solução corante por uma a duas horas, no escuro e à temperatura ambiente, após o que era lavado com água destilada e fixado numa solução de etanol e água, na proporção de 3:7, por 20 a 30 minutos. Feita a fixação, o gel era envolvido em plástico transparente e armazenado, após a leitura, em refrigerador



a 4° C, seguindo-se MARCON (1988).

O sistema Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT), também foi revelado pela técnica da BREWBAKER et alii (1968), com modificações. A solução corante era preparada com:

ácido alfa-cetoglutárico .....	35,5 mg
ácido L. aspártico.....	226,0 mg
Piridoxal fosfato.....	1,0 mg
Fast blue BB Salt.....	150,0 mg
P.V.P.....	250,0 mg
Tampão fosfato C (SCANDALIOS, 1969)...	8,0 ml
Tampão fosfato D (SCANDALIOS, 1969)..	42,0 ml

Para o preparo da solução corante, os reagentes eram adicionados aos 50 ml resultantes da mistura dos tampões C e D, tendo-se o cuidado de deixar por último o fast blue e o piridoxal, nesta ordem, os quais eram adicionados, um de cada vez, um pouco antes do uso.

O tempo de permanência do gel na solução corante era de 30-40 minutos, no escuro e à temperatura ambiente, procedendo-se depois a sua lavagem, fixação, embalagem, leitura e armazenamento.

A análise dos zimogramas consistiu na leitura dos géis e anotação dos resultados, transformando-se o valor de cada banda revelada num valor relativo em função da banda padrão, ou seja, considerou-se a migração relativa ( $R_m$ ) das bandas. Este procedimento, segundo MARCON (1988),

permite fazer a homologia das bandas presentes em diferentes tecidos de um mesmo indivíduo ou indivíduos diferentes, ou ainda entre condições ambientais, populações e períodos diferentes, além de permitir a comparação de cada banda de um indivíduo com as bandas que não tiveram as mesmas condições de migração, em decorrência da localização no gel.

Assim, o valor obtido para cada banda foi dividido pelo valor obtido para a banda padrão. E esta, por ser dividida pelo seu próprio valor, foi sempre igual à unidade.

### 3.3.3. Análise de componentes principais, estimativas das distâncias genéticas e agrupamentos dos acessos

Os fundamentos, definições, propriedades e metodologia para a análise de componentes principais seguidos neste trabalho estão descritos por MARDIA et alii (1979) e CRUZ (1987). Para a realização das análises utilizou-se os programas GENES e SISMUL, ambos em fase de desenvolvimento experimental, respectivamente pelos Professores Cosme Damião Cruz, da Universidade Federal de Viçosa, e Cássio Roberto de Melo Godoi, da ESALQ/USP.

Para os caracteres botânico-agronômicos foi feita, inicialmente, a análise com todos os 30 descritores, com a dispersão dos acessos sendo feita com o emprego dos

escores dos 21 primeiros componentes principais, responsáveis por cerca de 99% da variação total estimada. Seguiu-se a determinação das distâncias Euclidianas médias entre acessos, utilizando-se os dados padronizados, e o agrupamento dos acessos pelo método adotado. A padronização dos dados, efetuada com o objetivo de reduzir o erro numérico, uma vez que as variáveis apresentavam diferentes unidades métricas, foi feita por:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij}}{S_j}$$

Onde:

$Z_{ij}$  = valor padronizado do dado original  $X_{ij}$

$S_j$  = desvio padrão dos dados para caráter  $j$

$X_{ij}$  = valor original do descritor  $i$  no acesso  $j$ .

A distância Euclidiana média ( $\Delta_{ij}$ ) é dada por:

$$\Delta_{ij} = \frac{1}{\sqrt{p}} d_{ij}$$

onde:

$d_{ij}$  = distância Euclidiana que separa os indivíduos  $i$  e  $j$

$p$  = número de caracteres utilizados como descritores.

Os genótipos foram agrupados, tanto para os caracteres morfológicos como para os isoenzimáticos, pelo

método de Tocher, relatado por RAO (1951), da forma descrita e utilizada por PEREIRA (1989).

Para a estimativa das distâncias Euclidianas e a formação dos grupos, pelo método de Tocher, utilizou-se o programa GENES.

Para os caracteres isoenzimáticos, procedeu-se à análise de componentes principais considerando-se as frequências das bandas reveladas nos cinco descendentes de cada um dos 69 acessos, avaliados para os sistemas peroxidase e GOT. Os valores das frequências foram 0,0 (ausência); 0,2; 0,4; 0,6; 0,8 e 1,0 para a presença de cada banda em, respectivamente, um, dois, três, quatro e cinco indivíduos, com a análise de componentes principais sendo feita com base nos dados transformados.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Descritores botânico-agronômicos

#### 4.1.1. Análise dos componentes principais

A primeira estimativa dos componentes principais foi efetuada utilizando-se os 30 descritores botânico-agronômicos mensurados nos 67 acessos de cajueiros avaliados. As médias, os desvios padrões e os coeficientes de variação estimados para estes descritores são apresentados na Tabela 2. Verifica-se por esta tabela que ocorreu grande variação para os descritores estudados, sugerindo a existência de divergência entre os genótipos considerados. E, em decorrência, a necessidade de estimar-se esta divergência, a partir da discriminação da variabilidade detectada, associando-a à origem e tipo dos cajueiros, para melhor caracterização dos acessos avaliados.

#### 4.1.1.1. Variância dos componentes

A análise de componentes principais, realizada com os 30 descritores utilizados, revelou que foram necessários os oito primeiros componentes para explicarem 80% da variação total, sendo que os dois e três primeiros componentes expressaram, respectivamente, 44% e 57% do total da variação (Tabela 3). Observa-se também nesta tabela que foram justamente estes três primeiros componentes os que apresentaram a maior variância (autovalores) em comparação com a variância das variáveis originais padronizadas, com 8,50, 4,88 e 3,75, o que demonstra, conforme MANLY (1986), a importância relativa destes componentes sobre as variáveis originais.

Outro aspecto importante a ser observado na Tabela 3 foi que a variação não ficou concentrada em poucos componentes, apesar dos quinze últimos expressarem menos de 5% da variação total. Esta diluição da variação pode ser explicada pelo grande número e pela diversidade dos caracteres avaliados.

Quando os dois e/ou três primeiros componentes principais não chegam a representar 70% da variação, muitas vezes a representação gráfica bi e/ou tridimensional pode ficar comprometida por falta de precisão, limitando a confiabilidade do agrupamento que venha a ser realizado. Entretanto, em muitos casos tem sido possível uma discrimina

ção razoavelmente consistente dos grupos de observação (genótipos), mesmo quando os primeiros componentes respondem por uma fração baixa da variação total. Isto porque um componente, mesmo com pouca variação pode, em muitos casos, ser importante para a discriminação de materiais genéticos em razão de ser específico para determinados caracteres. Como do ponto de vista da análise multivariada, o importante é a combinação dos caracteres para a classificação das variáveis, advém a importância de seguir-se buscando novas combinações, mesmo quando as primeiras alternativas, apesar de responsáveis por uma fatia maior da variação, não possibilitam uma boa discriminação das variáveis.

#### **4.1.1.2. Dispersão multivariada dos acessos com base nos componentes principais.**

A discriminação gráfica unidimensional dos acessos, com base nos quatro primeiros componentes principais, apresentada respectivamente nas Figuras 1, 2, 3 e 4, possibilita um bom entendimento da dispersão dos acessos dentro dos grupos formados com base na origem e tipos (comum e anão precoce), apresentados na Tabela 1.

A existência de dispersão dentro destes grupos, indicada pelos primeiros componentes principais, considerados isoladamente (Figuras 1 a 4), não permite, no entanto, uma associação imediata da divergência com a origem ou tipo dos cajueiros, uma vez que indivíduos de determinados

grupos, embora perfeitamente discriminados nos gráficos de dispersão, estão mais próximos de integrantes de outros grupos do que de representantes do seu próprio grupamento, indicando maior identidade fenotípica, para os caracteres avaliados, com estes grupos.

Uma análise das Figuras 1 a 4 mostra, por exemplo, que o acesso número 7 pertencente ao grupo G1, de cajueiros do tipo anão precoce (Tabela 6), está mais próximo dos acessos 11, do grupo G2, de cajueiros do tipo comum oriundos de diversos locais do município de Pacajus no Estado do Ceará e propagados por sementes, do que dos acessos 1, 2, 3 e 4, do tipo anão precoce e de mesma origem. O mesmo pode ser observado para os acessos 17 e 18 do grupo G2 que estão mais próximos dos acessos pertencentes ao grupo G3, de cajueiros oriundos da Índia, do que dos acessos 12, 15 e 16, do próprio grupo. Outros posicionamentos similares podem ser identificados, nestas figuras, confirmando esta situação.

O ponto mais importante a ser considerado nestes gráficos relaciona-se com a amplitude da dispersão intragrupo dos acessos. Observa-se, pelas Figuras 1 a 4, que a maior dispersão dentro ocorreu nos grupos G2 e G6, sendo mais acentuada neste último o qual foi introduzido no BAG-Caju por meio de propagação vegetativa (Tabela 6). A menor dispersão verificou-se nos grupos G3 e G4; o primeiro apresentou os acessos mais próximos entre si. Estes grupos fo-



ram introduzidos, no BAG, por meio de sementes.

A maior dispersão dentro do grupo G6 pode ser explicada pelo fato de os indivíduos, selecionados fenotipicamente para produção e tamanho do fruto e do pedúnculo, terem sido propagados vegetativamente, resultando na fixação de todos os caracteres morfológicos das plantas coletadas nos locais de origem. Isto acentuou a divergência natural encontrada entre os acessos e demonstrou também que estas diferenças, fator da seleção por ocasião da coleta, têm forte componente genético. Como no grupo G2 a dispersão também foi bastante pronunciada, mesmo com os acessos tendo sido propagados por sementes, sendo bem próxima daquela observada no grupo G6, é possível concluir que os cajueiros do tipo comum coletados no Estado do Ceará, sem dúvida um centro de diversidade da espécie, são os que apresentam a maior variabilidade para os caracteres avaliados. Em consequência, um maior número de genótipos dentro de cada grupo pode ser discriminado na seleção de indivíduos para possíveis cruzamentos, tanto intra como intergrupos.

Este comportamento dos dois grupos de cajueiros do tipo comum coletados no Estado do Ceará e propagados de duas maneiras - sexuada e assexuadamente - é uma indicação indireta de que a espécie é predominantemente alógama. Isto porque em plantas alógamas espera-se menos divergência entre progênies do que em autógamas.

Por outro lado, a menor dispersão dentro dos

grupos G3 e G4, seguidos do grupo G5, pode ser indicativo de uma origem em uma ou poucas plantas-mãe bastante similares. Esta homogeneidade dentro destes grupos indica que um ou poucos indivíduos representam bem o grupo de origem. Em decorrência, no caso de uma seleção, por divergência, para possíveis cruzamentos, apenas um ou poucos indivíduos de cada grupo serão indicados.

Outro aspecto interessante observado nessas figuras é que o grupo de cajueiros do tipo anão precoce apresentou comportamento caracterizado por uma dispersão bem menor de que a observada nos grupos G2 e G6, ambos de cajueiros do tipo comum oriundos do Estado do Ceará. Entretanto, a sua dispersão foi mais acentuada do que nos três outros grupos, todos de cajueiros introduzidos.

É importante observar que nos cajueiros do tipo anão precoce, apesar da maior similaridade entre os acessos dentro do grupo, apareceram indivíduos mais próximos de representantes de todos os outros grupamentos do que de genótipos do mesmo tipo, sendo esta similaridade mais pronunciada com os grupos G3 e G4. Desta forma, uma possível indicação para cruzamentos, incluindo-se um parental do tipo anão precoce, mesmo considerando a tendência observada por ARUNACHALAM et alii (1984) dos extremos não significarem, automaticamente, maior possibilidade de heterose, deverá ser feita preferencialmente com representantes dos grupos G2 e G6, por serem mais divergentes para caracteres de fim

portância econômica, como a produção e o peso do fruto e pseudo-fruto, evitando os representantes dos grupos G3, G4 e G5 salvo exceções isoladas, por serem menos divergentes para estes caracteres.

As divergências e similaridades, tanto entre como dentro dos grupos, identificadas pelos quatro primeiros componentes principais, considerados de forma isolada, ficam perfeitamente caracterizadas quando utiliza-se a discriminação gráfica dos acessos por meio de dois componentes principais, considerados conjuntamente um contra outro.

Na Figura 5, representativa da dispersão dos acessos por meio do primeiro e segundo componentes principais, responsáveis por 44,6% da variação total (28,3% e 16,3%, respectivamente) fica claro que o grupo G6 é o mais divergente dos demais, além de ser o que apresenta a maior dispersão dentro. Segue-se o grupo G2, também com destacada dispersão de acessos dentro e notória divergência dos demais grupos; e, o grupo G1, no qual é possível identificar-se a maioria dos acessos, destacando-se o acesso 9 como o mais disperso, não só em relação ao seu grupo, como também em relação aos demais grupamentos.

A Figura 5 demonstra claramente, da mesma forma que as Figuras 1 a 4, que componentes de um determinado grupo de origem e ou tipo estão, as vezes, mais próximos de representantes de outros grupos do que do seu próprio grupamento. O acesso 4 do grupo G1, por exemplo, está mais próxi

mo do 28, do grupo G3, 38, do G4 e 53, do G5, do que dos acessos 2, 7, 8 e 9, do seu próprio grupo.

Com relação à dispersão dentro de grupos observa-se, pela Figura 5, que no grupo G6, formado por quatorze acessos de cinco locais de coleta (Tabela 1), há grande divergência entre e dentro de origens. Desta forma, a maior distância no gráfico de discriminação foi entre os acessos 61 e 65 que foram coletados na mesma localidade, no caso a Fazenda CAPESSÊ, no município de Russas-CE, numa zona enquadrada como caatinga. Neste sub grupo de acessos, o 61 e o 63 ficaram mais próximos entre si e distantes do 62 e 65 que também apareceram mais próximos um do outro. Estes últimos ficaram distantes dos acessos 66 e 67, coletados no município de Aracati-CE, região litorânea. Os acessos 58 e 60 apareceram próximos entre si e distantes do 59, todos coletados numa mesma localidade na transição litoral-caatinga, no município de Beberibe-Ce. Os dois primeiros acessos apareceram mais próximos do 56, coletado também numa zona de transição no município de Aracoiaba-CE. E, os acessos 54 e 55, numa mesma região do gráfico e distantes dos 56 e 57, os quais ficaram também distantes um do outro. Todos foram coletados no município de Aracoiaba-CE.

A Figura 5 mostra ainda que é possível identificar onze dos treze componentes do grupo G2 e que ocorreu também grande dispersão dos acessos dentro deste grupo. Assim, os acessos 12, 15 e 16 ficaram relativamente próxi-

mos entre si e consideravelmente distantes dos acessos 17 e 20, os quais posicionaram-se mais próximos do 19 e 22, deste mesmo grupo, do acesso 6 do grupo G1, do acesso 38 do grupo G4 e do acesso 44 do grupo G5. O acesso 13 apareceu mais próximo do 7, do grupo G1, do que dos acessos 12, 15, 16, 17 e 20, do seu próprio grupamento.

Também no grupo G2, apesar das plantas terem sido propagadas por sementes e serem todas originadas do município de Pacajus-CE, transição litoral-caatinga, observou-se divergência entre e dentro de locais de coleta, o que acentua a marcante variabilidade, para os caracteres avaliados, nos cajueiros do tipo comum, coletados no Estado do Ceará. Os acessos 15 e 16, que ficaram relativamente próximos um do outro, foram coletados num mesmo local, diferente do local da coleta do acesso 17, do qual posicionaram-se muito distantes. Os acessos 14 e 21, posicionados muito próximos entre si, foram coletados na mesma localidade que o 19, do qual ficaram distantes. Isto significa que tanto é possível encontrar-se divergência entre acessos coletados próximos - às vezes são plantas vizinhas - como semelhança entre acessos coletados em localidades distantes entre si.

Na Figura 6, onde é apresentada a dispersão gráfica dos acessos por meio do primeiro e terceiro componentes principais, responsáveis por 40,8% da variação total (28,3% e 12,5%, respectivamente), o grupo G1 apareceu bem discriminado, com nove dos dez componentes agrupados e dis-

tantes dos demais grupamentos. Nesta figura, o acesso 4 aparece distante dos acessos 2, 7, 8, e 9; e o acesso 6, distante dos acessos 4, 7, 8 e 9, todos do mesmo grupo. Os acessos 1 e 5, não discriminados na Figura 5, apareceram relativamente próximos e num posicionamento, em relação aos acessos 3 e 4, que permite identificá-los como mais divergentes dos acessos 6 e 7, do mesmo grupo, do que entre si e do que dos demais acessos do grupo.

A Figura 6 mostra também que os grupos G2 e G6, ambos de cajueiros do tipo comum coletados no Estado do Ceará, foram os que apresentaram maior divergência no espaço de dispersão multivariada dos genótipos, com a maioria dos acessos destes grupos sendo os de maior distância em relação aos demais grupamentos. Observa-se, então, que o acesso 65, do grupo G6, apresentou a maior distância em relação a todos os outros acessos avaliados, com exceção de uns poucos acessos do grupo G2 (15 e 16) e G6 (54, 55, 58, 60 e 62), sendo as maiores distâncias com os acessos 1, 4 e 5 do grupo G1, 17 e 20 do grupo G2, 38 do grupo G4 e 53 do grupo G5.

A Figura 7, que representa a dispersão dos acessos com base no terceiro e quarto componentes principais os quais, apesar de responsáveis por apenas 19,48% da variação total (12,49 e 6,49%, respectivamente), também discriminaram perfeitamente nove dos dez acessos do grupo G1, exatamente os mesmos discriminados pelo primeiro e terceiro

componentes (Figura 6), possibilitando associar-se o terceiro componente principal com os cajueiros do tipo anão precoce. Esta associação de um componente principal com um grupo de genótipos com características definidas, como verificou-se neste trabalho, também foi observada por VERONESI e FALCINELLI (1988), na espécie *Festuca arundinaceae*; CARADUS et alii (1989), no trevo branco; e RISI E GALWEY (1989), na espécie *Chenopodium quinoa*.

Pela Figura 7 observa-se também que, da mesma forma que na Figura 6, o acesso 6 localizou-se numa posição intermediária entre os outros genótipos de seu grupo, com exceção do acesso 7, e os demais grupamentos. Esta figura permite ainda deduzir-se que o acesso 7, que não apareceu identificado, deve ocupar um espaço mais próximo dos componentes dos grupos G3, G4 e G5 do que dos demais acessos de seu próprio grupo.

Essa figura permitiu, ainda, a identificação de subgrupos de divergência dentro do grupo G1, como os formados pelos acessos 2 e 10; 1 e 8; 9, 3, 4 e 5; e, o 6, que formou um subgrupo isolado dos demais.

A discriminação e identificação dos acessos por meio de componentes principais que expressam uma baixa porcentagem da variação total também foi relatada por RISI e GALWEY (1989), em estudos com a espécie *Chenopodium quinoa*; CARADUS et alii (1989), com o trevo branco; e, VENTURIERI (1990), após estudos com caracteres morfológicos

em cupuaçu.

A maior variabilidade observada nos cajueiros coletados no Estado do Ceará e a menor com os cajueiros introduzidos, antes de indicar uma associação da variação com a origem geográfica, podem ser consideradas uma indicação da origem de cultivo do cajueiro no Nordeste brasileiro. Neste caso, a variabilidade observada para os caracteres avaliados estaria associada muito mais ao estágio de domesticação da planta do que a diferenças em função da geografia, já que o material estudado é, provavelmente, mais variável por manipulação pelo homem do que por alterações adaptativas com relação ao ambiente.

#### 4.1.2. Distância Euclidiana média entre os acessos e agrupamento pelo método de Tocher

Em razão de ter-se utilizado um exemplar por acesso, empregaram-se as estimativas das distâncias Euclidianas médias como indicadoras da distância genética entre genótipos.

Na Tabela 4 são apresentadas as distâncias Euclidianas médias entre todos os pares formados com os 67 acessos, estimados com base na matriz de dados transformados. Desta tabela foi retirada a Tabela 5, que mostra as distâncias Euclidianas média, máxima e mínima de cada um dos 67 acessos, e elaborada a Tabela 6, que apresen



ta estes mesmos parâmetros para cada um dos seis grupos formados com base na origem e/ou tipo (comum e anão precoce) dos acessos, e a Tabela 7, que apresenta os valores médios das distâncias Euclidianas dos acessos de cada um destes grupos em relação aos demais acessos.

Na Tabela 5 verifica-se que a distância Euclidiana média entre todos os pares de acessos foi 1,35 e que a distância Euclidiana máxima estimada foi de 2,69 entre os acessos 65, coletado no município de Russas, zona de caatinga, Estado do Ceará, e o 38, introduzido da região de Valinhos-SP. A distância Euclidiana mínima foi 0,32 entre os acessos 40 e 42, ambos oriundos da região de Valinhos-SP.

O acesso 65, além de ter apresentado a maior entre as distâncias Euclidianas estimadas (2,69) com o acesso 38, apresentou também os maiores valores para a média das distâncias Euclidianas (2,08) e para a distância Euclidiana mínima (1,20) com o acesso 55. Foi responsável também pela máxima distância Euclidiana com todos os acessos dos grupos G1, G3, G4 e G5 e seis dos treze acessos do grupo G2 (Tabela 5).

O acesso 65 apresentou ainda valores bastante elevados para algumas distâncias Euclidianas dentro do seu próprio grupo como com os acessos 61(2,28), 63 (2,25) e 67 (2,09), confirmando a grande dispersão dentro deste grupo apontada pelas Figuras 1, 5 e 6 que demonstram a dispersão

multivariada dos acessos com base, respectivamente, no primeiro, primeiro e segundo e primeiro e terceiro componentes principais.

Excetuando-se o acesso 65, que pode formar pares de divergência com a quase totalidade dos demais acessos avaliados, diversos outros pares podem ser formados em função da distância genética estimada. Entre estes relacionam-se, na Tabela 7, os principais pares de divergência envolvendo o maior número de diferentes acessos.

Na Tabela 6 verifica-se que o maior valor obtido para a média das estimativas das distâncias Euclidianas entre pares de acessos dentro dos grupos ocorreu no grupo G6, com 1,43. Logo, foi neste grupo que ocorreu a maior diversidade dentro, fato comprovado pela maior distância Euclidiana registrada para pares de acessos intragrupo (2,28 entre os acessos 61 e 65), como também pelo mais alto valor para a menor distância Euclidiana dentro do grupo (0,94 entre os acessos 58 e 60, 59 e 63 e 57 e 67). Esta maior dispersão dentro do grupo G6, indicada pelas estimativas da distância genética entre todos os seus pares de acessos, também foi apontada nos gráficos de dispersão multivariada (Figuras 1 a 6), obtidos com os quatro primeiros componentes principais e as combinações entre o primeiro e segundo e primeiro e terceiro componentes principais.

Além da maior dispersão dentro, representada pela maior média para as distâncias Euclidianas intragrupo

(1,43, na Tabela 6), o grupo G6 foi o mais divergente dos demais, uma vez que apresentou o mais alto valor (1,67) para a média das distâncias entre os seus componentes e os demais acessos de todos os outros grupos (Tabela 5). Em razão disto, na formação dos grupos de similaridade genética por meio do método de Tocher, os seus acessos distribuíram-se em seis grupos de 5, 3, 2, 2, 1 e 1 indivíduos (Tabela 8), sem a participação de genótipos dos outros grupos de origem ou tipo.

A segunda maior média das distâncias genéticas entre pares de acessos intragrupo, 1,26, foi observada no grupo G2, onde a maior distância registrada, 2,06 entre os acessos 15 e 17, também foi um valor elevado (Tabela 6). Estes valores indicam igualmente grande dispersão dos acessos dentro do grupo, fato igualmente revelado pelas Figuras 1 a 6, demonstrativas da dispersão dos acessos com base nos componentes principais. Esta grande dispersão dentro deste grupo, cujos acessos foram coletados em diferentes locais do município de Pacajus, na transição litoral caatinga, e propagados por sementes, pode ser considerada uma evidência forte da presença de grande variabilidade genética para muitos dos 30 caracteres avaliados nestes materiais, indicando que uma coleta nesta região é mais importante do que a introdução de plantas de outras regiões, a não ser que apresentem características específicas para uso imediato em programas de melhoramento.

Na Tabela 6 verifica-se ainda que o grupo G1, dos cajueiros do tipo anão precoce, ocupou um posicionamento intermediário entre os dois grupos (G2 e G6) de cajueiro do tipo comum coletados no Estado do Ceará e os grupos G3, G4 e G5, oriundos, respectivamente, da Índia, São Paulo e Venezuela, com média de 1,11 para as distâncias genéticas entre pares de acessos dentro do grupo. Este valor, quando comparado com os registrados para os demais grupos, indica a existência de uma razoável variabilidade dentro do grupo com conseqüente possibilidade de formação de pares de divergência, para cruzamentos entre genótipos do tipo anão precoce, como os formados pelos acessos 1 e 7, 1 e 9, 2 e 5, 4 e 7, 5 e 7, 7 e 9 e 9 e 10 (Tabela 4), por apresentarem as maiores distâncias genéticas dentro do grupo.

Este comportamento diferenciado do grupo G1 em relação aos demais grupos de acessos, revelado pelas estimativas das distâncias genéticas, também está bem explicitado nas Figuras 6 e 7, que representam a dispersão gráfica com base, respectivamente, no primeiro e terceiro e terceiro e quarto componentes principais. Por estas figuras fica claro que os acessos deste grupo, com exceção do acesso 7, ocupam uma localização própria no espaço bidimensional delimitado pelos pares de componentes principais considerados, apesar da fatia da variação total que explicam, respectivamente, 40,32% e 18,98%, ser muito baixa, sobretudo no segundo conjunto. Isto significa que as propriedades caracterís

tics do grupo que o diferenciaram dos demais são tão marcantes que, mesmo numa situação como a apresentada, foi possível uma identificação pelo gráfico de dispersão multivariada com base em componentes principais com pequena percentagem de variação em relação ao total.

Considerando-se que a provável origem do cajueiro anão precoce é a Amazônia (BARROS et alii, 1984), é possível associar-se estas características identificadoras como um polimorfismo decorrente da formação de um ecotipo.

Nos gráficos unidimensionais demonstrativos da dispersão multivariada dos acessos (Figuras 1 a 4), também fica patente que há variabilidade dentro do grupo G1 e que esta variabilidade é menor do que a apresentada pelos grupos G2 e G6 e superior à observada para os grupos G3, G4 e G5.

Na Tabela 8 verifica-se que o grupo 2 de similaridade genética foi formado por sete dos dez acessos do grupo G1 dos cajueiros do tipo anão precoce e que apenas dois acessos deste grupo, o 6 e o 7, apareceram no agrupamento 1, onde localizaram-se todos os acessos dos grupos G3, G4 e G5, além de seis dos treze acessos do grupo G2. Houve, pois, concordância na discriminação pelo método de Tócher, que considera as distâncias genéticas mínimas, com a discriminação pelos gráficos de dispersão, feitos a partir da análise de componentes para os mesmos caracteres botânico-agronômicos empregados na estimativa das distâncias genéticas.

Ainda na Tabela 8 verifica-se que os acessos do grupo G2 distribuíram-se em quatro grupamentos, com, respectivamente, 6, 5, 1 e 1 indivíduos, sendo que os acessos 11, 17, 18, 19, 20 e 22 agruparam-se juntamente com todos os dos grupos G3, G4 e G5 e os acessos 6 e 7 do grupo G1.

Por outro lado, pela Tabela 5 verifica-se que os cajueiros do tipo anão precoce apresentaram um valor relativamente alto para a média das distâncias genéticas entre os seus genótipos e os genótipos dos demais grupos (1,48), sendo muito próximo do mesmo parâmetro estimado para o grupo G1 (1,50). Estes valores, quando confrontados com as médias das distâncias intragrupo (Tabela 6), demonstraram que os genótipos do grupo G1 apresentaram uma maior divergência entre do que dentro do grupo, quando comparados com o grupo G2. Isto significa que é possível a formação de maior número de pares de divergência com valores mais elevados das distâncias genéticas dentro do grupo G2 do que no G1. E, um número aproximadamente semelhante de pares entre acessos destes grupos com os outros grupos.

Na Tabela 4 verifica-se que os dez pares de divergência, dentro do grupo G1, com maior distância foram entre os acessos 1 e 7 (1,66), 1 e 9 (1,56) 5 e 7 (1,45) 9 e 10 (1,45), 2 e 5 (1,44), 7 e 9 (1,40), 7 e 10 (1,39) 4 e 9 (1,37) e 3 e 7 (1,35), com média de 1,45, valor abaixo da média registrada para todas as distâncias entre os genótipos deste grupo e os dos demais grupos que foi 1,48 (Tabela

6).

Os dez pares de divergência dentro do grupo G2 com maior distância foram 15 e 17 (2,03) 15 e 20 (1,91), 16 e 17 (1,73), 12 e 17 (1,76), 16 e 20 (1,76), 15 e 19 (1,79), 11 e 16 (1,71), 12 e 20 (1,71), 15 e 22 (1,61) e 14 e 17 (1,59) com média de 1,77. Este valor é superior à média entre os acessos do grupo com acessos dos demais grupos que foi 1,50, indicando ser possível a formação de pares de divergência intragrupo com razoáveis possibilidades de obtenção de heterose, no caso de programas de cruzamentos.

Entre acessos do grupo G1 e acessos de outros grupos, os dez pares com maior distância genética foram 4 e 65 (2,52), 1 e 65 (2,51), 3 e 65 (2,25), 1 e 15 (2,27), 4 e 15 (2,23), 10 e 65 (2,20) e 5 e 15 (2,13), 4 e 54 (2,13) e 1 e 62 (2,13), com média de 2,28 que é bem mais significativa do que a média dentro que foi 1,45, comprovando ter sido maior a divergência entre os acessos do tipo anão precoce e os acessos do tipo comum coletados no Estado do Ceará, uma vez que todas as maiores distâncias foram com acessos do grupo G2 e G6.

Com os acessos dos outros três grupos, as maiores distâncias foram entre o 9 e 38 (1,98), 10 e 24 (1,97), 9 e 53 (1,90) 9 e 29 (1,87) 9 e 28 (1,74), 9 e 24 (1,72), 9 e 30 (1,71) 9 e 37 (1,70), 8 e 29 (1,69) e 9 e 33 (1,67), com média de 1,80, também maior do que a média das

maiores médias dentro do grupo, o que possibilita a formação de alguns pares de divergência entre cajueiros do tipo anão precoce e pelo menos um genótipo de cada um dos grupos de cajueiros introduzidos.

As maiores distâncias genéticas entre acessos do grupo G2 e genótipos pertencentes a outros grupos foram aquelas entre os acessos 17 e 65 (2,48), 20 e 65 (2,44), 15 e 61 (2,43), 16 e 61 (2,42), 15 e 38 (2,38), 15 e 1 (2,27), 12 e 61 (2,26), 19 e 65 (2,26), 16 e 63 (2,23), com média de 2,34 que foi realmente muito próxima da média entre as maiores distâncias de acessos do grupo G1 e acessos dos demais grupos. Entretanto, o número de pares formados com valores mais altos (acima de 2,00 por exemplo), foi bem maior no grupo G2 do que no grupo G1 (Tabela 4), confirmando ser maior a variabilidade no primeiro grupo, fato já sugerido pelos valores para a distância genética intra-grupo (Tabela 6), com os pares de divergência dentro apresentando maiores distâncias do que os pares formados no grupo G1.

Os grupos G3, G4 e G5, dos acessos oriundos, respectivamente, da Índia, Estado de São Paulo e Venezuela além dos menores valores para a média das distâncias intra-grupo, apresentaram também os menores valores para as médias das distâncias entre os seus genótipos e os genótipos dos demais grupos (Tabela 5), indicando menor variabilidade, para os caracteres avaliados, tanto dentro como entre gru



pos. E, conseqüentemente, menor possibilidade de formação de pares de divergência envolvendo genótipos destes grupos.

As maiores distâncias entre os acessos do grupo G3 (Tabela 4) foram com o acessos, 65 do grupo G6, e 15 do grupo G2, destacando-se os pares entre o 24 (2,21), 25 (2,28), 26 (2,30), 27 (2,36), 28 (2,28), 29 (2,31), 30 (2,17) e 31 (2,20) com o 65 e 27 (2,08) e 29 (2,11) com o 15, com média de 2,23 que é similar àquela observada entre as maiores distâncias do grupo G1. Entretanto, os pares da divergência com maior distância do grupo G3 restringiram-se a dois genótipos, justamente os mais divergentes entre todos os acessos avaliados (Tabela 5). Dentro do grupo, a média das maiores distâncias foi muito baixa (0,87), sendo os acessos 29 e 30 (1,00), 30 e 32 (0,92), 29 e 31 (0,90), 29 e 32 (0,90), 30 e 31 (0,90), 26 e 30 (0,90), 27 e 29 (0,87), 25 e 29 (0,82), 25 e 30 (0,81) e 26 e 32 (0,78), os mais divergentes.

Para o grupo G4, as dez maiores distâncias Euclidianas também envolveram o acesso 65 em oito pares, completando a relação os acessos 54 e 62, ambos do mesmo grupo G6. Os pares com maiores distâncias foram 38 e 65 (2,69), 37 e 65 (2,35), 41 e 65 (2,32), 38 e 54 (2,29), 39 e 65 (2,29), 35 e 65 (2,28), 40 e 65 (2,27), 42 e 65 (2,27), 36 e 65 (2,25) e 38 e 62 (2,23), com média de 2,32 que é maior do que a registrada para o grupo G1, e similar à do grupo G2, indicando que não obstante a menor dispersão interna é

possível a formação de pares de divergência com alto valor para a distância genética, desde que haja interesse nas características botânico-agronômicas dos genótipos envolvidos.

As maiores distâncias dentro do grupo G4 foram entre os acessos 35 e 37 (1,03), 36 e 38 (1,00), 37 e 38 (0,99), 33 e 35 (0,96), 33 e 38 (0,95), 34 e 38 (0,94), 35 e 39 (0,89), 38 e 42 (0,89), 35 e 38 (0,87) e 38 e 41 (0,79), com média de 0,95 que também foi das mais baixas.

Dentro do grupo G5, dos acessos oriundos da Venezuela, os pares com maior distância foram 45 e 53 (1,13), 46 e 53 (1,12), 48 e 53 (1,10), 45 e 49 (0,94), 46 e 49 (0,94), 48 e 51 (0,90), 46 e 50 (0,90), 50 e 53 (0,88), 48 e 50 (0,88) e 45 e 51 (0,85), com média de 0,92, a maior entre os de cajueiros introduzidos. Entre acessos deste grupo e acessos dos outros grupos, em nove das dez maiores distâncias o acesso 65 está envolvido, como verificou-se também nos outros dois grupos de cajueiros introduzidos, sendo os pares mais divergentes o 53 e 65 (2,48), 47 e 65 (2,40), 49 e 65 (2,34), 51 e 65 (2,25), 44 e 65 (2,24), 43 e 65 (2,22), 48 e 65 (2,20), 52 e 65 (2,15), 46 e 65 (2,05) e 15 e 47 (2,05), com média de 2,24, valor muito similar àquele apresentado pelos grupos G1 e G3.

No grupo G6, dos cajueiros do tipo comum oriundos do Ceará e propagados vegetativamente, todas as distâncias com genótipos dos outros grupos envolveram o acesso 65 que formou pares com os acessos 38 (2,69), 4

(2,52), 17 (2,48), 53 (2,48), 20 (2,44), 5 (2,43), 47 (2,40), 27 (2,36), 37 (2,35) e 49 (2,34), com média de 2,55, a mais alta registrada para o mesmo parâmetro. Observa-se que o acesso 65 fez pares de divergência com valor elevado para a distância genética com acessos dos cinco outros grupos, indicando ser o genótipo mais divergente entre todos os avaliados.

Dentro do grupo G6, as maiores distâncias foram entre os acessos 61 e 65 (2,28) 65 e 66 (2,25), 63 e 65 (2,11), 65 e 67 (2,05), 59 e 65 (1,98), 54 e 61 (1,90), 61 e 62 (1,88), 54 e 63 (1,87), 54 e 64 (1,87) e 57 e 65 (1,87), com média de 2,01, a mais alta entre todos os grupos.

O significativo nível de concordância observado entre a dispersão multivariada dos acessos, com base nos quatro primeiros componentes principais e nos conjuntos compostos pelo primeiro e segundo e primeiro e terceiro componentes principais, e os agrupamentos destes mesmos acessos, com base nas distâncias Euclidianas médias, permitem um satisfatório grau de segurança na indicação da metodologia para emprego no auxílio da avaliação de genótipos em bancos de germoplasma com as características do BAG-Caju do CNPCa/ EMBRAPA, ou seja, em coleções de plantas perenes com um exemplar por acesso. Uma boa concordância entre métodos multivariados na avaliação de acessos em bancos de germoplasma também foi obtida por PEREIRA (1989), trabalhando

com uma coleção de 280 acessos de mandioca do Banco Ativo de Germoplasma de mandioca do Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura Tropical da EMBRAPA.

## 4.2. Descritores isoenzimáticos

### 4.2.1. Padrões isoenzimáticos

O elevado número de bandas reveladas (Tabela 9) e a diversidade de padrões destas bandas (Figuras 20 a 30), indicam a possibilidade de existência de grande diversidade genética entre e dentro das progênies dos acessos avaliados, para os sistemas estudados, sugerindo que diversos genes podem estar envolvidos no controle destas bandas.

A identificação de genótipos através das isoenzimas, entretanto, só é possível quando a espécie estudada apresenta níveis significativos de polimorfismos isoenzimáticos reprodutíveis e de boa resolução. Particularmente em espécies diplóides as análises genéticas a partir das isoenzimas são, geralmente, relativamente simples em razão das bandas enzimáticas serem codominantes e de segregação mendeliana simples, possibilitando a determinação do número de locos bem como do número de alelos por loco.

GOTTLIEB (1981) chama a atenção para a necessidade de análises genéticas em função da complexidade dos padrões eletroforéticos em plantas, porém estas não foram

realizadas, neste trabalho, em função da natureza do material estudado (uma progênie com apenas cinco indivíduos descendentes de cada um dos acessos avaliados). Entretanto, como a finalidade do trabalho foi a identificação de polimorfismos isoenzimáticos que pudessem ser utilizados como marcadores na caracterização de genótipos de cajueiros, em quaisquer épocas e de forma mais simples, é perfeitamente justificável o emprego dos padrões fenotípicos das bandas para uma interpretação e associação dos polimorfismos mais observados com a origem, tipo ou outras características botânico-agronômicas dos genótipos. E, em decorrência, facilitar o trabalho de manipulação e conservação em coleções de germoplasma de cajueiros, ou mesmo de outras espécies com características similares.

#### 4.2.1.1 Sistema Peroxidase (PER)

Foram identificadas seis bandas catódicas e 16 anódicas para a peroxidase (Tabela 9), possibilitando o uso deste sistema para a caracterização do cajueiro. Em diversas outras espécies a peroxidase tem se mostrado como uma enzima monomérica, com grande número de padrões de bandas, como observou GARCIA (1988) que encontrou padrões que permitiram a identificação de oito das 22 cultivares de abacaxi que avaliou; e, MENENDEZ et alii (1986) que encontraram dez padrões na maçã. Quanto à presença de bandas catódi

cas, parece ser um fato normal neste sistema, como observaram BYRNE e LITTLETON (1988).

Mesmo não sendo possível a identificação segura de alelos ou locos em razão de não terem sido utilizados materiais genéticos apropriados, como F1 e respectivos parentais, cruzamentos testes ou outros procedimentos usuais nestas situações, os padrões de bandas obtidas (Tabelas 9 e 10 e Figuras 20, 22, 24, 25, 26, 28 e 30), permitem formular algumas hipóteses. As bandas catódicas correspondem provavelmente a tres locos, com um par de alelos cada um. O primeiro loco codificaria as bandas de migração mais lenta, com  $R_m=0,31$  e  $0,42$ . O segundo loco, codificaria as bandas de migração intermediária com  $R_m=0,75$  e  $0,83$ . E, o terceiro, seria responsável pelas bandas de migração mais rápida, com  $R_m = 1,50$  e  $1,66$  (Tabela 9).

As 16 bandas catódicas (Tabela 9), assumindo ser a espécie diplóide, o sistema inteiramente monomérico e não tendo ocorrido superposição de bandas nem alelos nulos, seriam controladas por um máximo de nove locos, com pares de alelos controlando as bandas com  $R_m = 0,08$  e  $0,42$ ;  $0,75$  e  $0,83$ ;  $1,00$  e  $1,17$ ;  $1,33$  e  $1,46$ ;  $1,75$  (monomórfica);  $2,25$  (monomórfica);  $2,32$  e  $2,39$ ,  $2,50$  e  $2,69$ ;  $2,75$  e  $2,83$ .

Considerando-se que a interpretação dos zimogramas pode sofrer interferência da inclusão de bandas causadas pela degradação de certas enzimas, degradação de

bandas ou mesmo alelos nulos, além de possíveis duplicações, poliploidia ou até mesmo degeneração da enzima por procedimentos técnicos inadequados, como observam GOTTLIEB (1981) e KEPHART (1990), e considerando ainda o pequeno número de indivíduos de cada progênie avaliada, serão feitas algumas considerações sobre os padrões das bandas obtidas para cada grupo de acessos formados por origem, para as devidas comparações com os resultados obtidos no emprego das técnicas multivariadas nas frequências das bandas obtidas.

Observa-se que um grande número de alelos da peroxidase ocorre no cajueiro, sendo que este número máximo de 12 locos proposto situa-se na faixa relacionada por KHEPART (1990) que é de 2 a 13. Em decorrência, podem se constituir em excelentes marcadores para estudos genéticos e evolutivos, além de valioso auxílio na caracterização de germoplasma

Em outras situações, como ocorrência de duplicações, poliplóidia, degeneração da enzima ou mesmo procedimentos técnicos inadequados, é praticamente impossível quaisquer especulações, como a realizada.

**a - Cajueiros do tipo anão precoce, coletados do Estado do**

### Ceará e propagados por sementes (Grupo G1)

A estrutura formada pelas bandas mais frequentes na progênie do acesso 1 foi 1,2,5,13, que é muito similar à das progênies dos acessos 4, 7 e 10 (Tabela 10). Algumas diferenças, no entanto podem ser identificadas nos perfis obtidos (Figura 20), tanto para bandas catódicas como para algumas das anódicas. Com relação às bandas catódicas observas-se, na Tabela 10, que enquanto a progênie do acesso 1 apresentou dois indivíduos com a (-3) e outro com a (-4), na progênie 4 apareceu a banda (-4) em dois indivíduos e a (-5) em um. A progênie 7, além da banda (-4), também em dois indivíduos, apareceu a banda (-6), nestes mesmos indivíduos. E, na progênie 10, não foram reveladas bandas catódicas.

Além das diferenças em relação às bandas catódicas, essas progênies apresentaram também algumas divergências em relação às bandas anódicas. A banda 3 apareceu em apenas um indivíduo da progênie 1 e dois da 10; a banda 11, neste subgrupo de progênies só foi encontrada na progênie em dois indivíduos da progênie 1; e, a banda 7, em dois indivíduos da progênie 4 e um da 7. Além disto as progênies 7 e 10 não apresentaram a banda 16, encontrada em um indivíduo da progênie 1 e dois da quatro (Tabela 10).

Na Figura 12, onde é apresentada a dispersão multivariada com base nos dois primeiros componentes princi



pais, as progênies dos acessos 1, 4 e 10 apareceram juntas e um pouco mais distantes das demais do grupo, incluindo-se a 7. Estas quatro progênies constituíram-se exatamente nas quatro primeiras integrantes do grupo 2, formado pelo método de Tocher, sendo que a 7 apareceu mais próxima da 1, enquanto a 10 ficou mais próxima da 4. Apesar de não ter havido uma perfeita concordância, pode-se considerar que estas quatro progênies são similares pelos três processos de avaliação (dispersão multivariada com base nos dois primeiros componentes principais, agrupamento com base nas distâncias Euclidianas médias e análise da estrutura de bandas do perfil isoenzimático obtido).

A estrutura das bandas mais freqüentes no perfil da progênie do acesso 2, (-4),1,2,3,5,7,13,16 (Tabela 10 e Figura 20), foi bastante similar àquela do acesso 6, sendo inclusive observada a mesma banda 6 catódica em um indivíduo da progênie 6 e em dois da progênie 2 (Tabela 10). Neste caso, apesar das diferenças nas freqüências das bandas das duas progênies (Tabela 10), as duas progênies ocuparam lugares vizinhos tanto no agrupamento feito pelo método de Tocher, como no gráfico de dispersão multivariada com base nos dois primeiros componentes principais (Figura 12).

Na progênie 3 não ocorreu a banda padrão e a estrutura de bandas mais representativa foi 2,3,5,13,16, tendo sido reveladas, ainda, as bandas catódicas 3, 4, 5 e 6 e a banda anódica 11 (Tabela 10 e Figura 20). Esta estru

tura não tem similar dentro do grupo de cajueiros do tipo anão precoce e não obstante esta progênie ter sido agrupada, com base nas distâncias genéticas, no mesmo grupo das progênies 34, 40 e 42 dos cajueiros oriundos de Valinhos-SP, as estruturas que podem ser formadas com os perfis das bandas mais frequentes destas progênies (Figura 24), diferem consideravelmente, não só entre si como também do da progênie 3.

Desta forma, se a localização da progênie 3 em outro grupo, no caso o 6, com base nas distâncias Euclidianas, foi correta, o mesmo não pode ser afirmado com relação à análise do perfil das bandas. Entretanto, com relação ao agrupamento, com base nas distâncias Euclidianas, conjuntamente com as progênies 34, 40 e 42, todas oriundas de Valinhos-SP, observa-se que não só não houve concordância em termos de avaliação do perfil isoenzimático (Figuras 20 e 24), como também no gráfico de dispersão multivariada com base nos dois primeiros componentes principais (Figura 12).

O gráfico de dispersão multivariada baseado nos dois primeiros componentes principais (Figura 12), apesar de não ter havido concordância com o agrupamento feito em função das distâncias genéticas (Tabela 15), pode ser considerado explicativo e correlato com os agrupamentos possíveis de serem formados a partir da análise do perfil das bandas.

A estrutura mais representativa das bandas da progênie 5 pode ser considerada aquela formada apenas pe

las bandas 5 e 10, apesar de dois indivíduos terem apresentado as bandas 6 e 8, não encontradas em nenhuma outra progênie do tipo anão precoce. O surgimento destas bandas pode ter sido decorrência de cruzamentos ocorridos entre o acesso 5 e cajueiros do tipo comum, uma vez que cruzamentos naturais entre os dois tipos ocorrem normalmente.

Esta discriminação visual da progênie 5 foi confirmada pelo agrupamento feito com base nas distâncias Euclidianas médias, que localizou esta progênie junto com progênies de todos os outros grupos de origem (Tabela 15). Pelo gráfico de dispersão (Figura 12), apesar de não ser possível a identificação da progênie 5, deduz-se que ela encontra-se mais distante dos demais integrantes do grupo, concordando com os outros agrupamentos e possibilitando concluir que entre as progênies de cajueiro do tipo anão precoce existe variabilidade para caracteres possivelmente associados à peroxidase.

A estrutura de bandas que melhor representou a progênie 8 foi (-4),5,13,16, embora a presença das bandas 1 (padrão), em dois indivíduos, e, a 9, noutro indivíduo indique a falta de homogeneidade dentro da progênie. Este padrão de bandas não teve similar dentro do grupo G1, embora esta progênie tenha sido localizada no mesmo grupo onde agruparam-se as demais do tipo anão precoce, pelas distâncias Euclidianas médias. No gráfico de dispersão multivariada com base nos dois primeiros componentes

principais, esta progénie apareceu mais próxima das progénies 2, 6 e 7, todas de casueiros do grupo G1. Houve, pois, neste caso, um razoável nível de concordância entre o agrupamento com base nas distâncias e a discriminação gráfica obtida. A localização desta progénie, no entanto, com base nos padrões de bandas, não concordou com os dois processos estatísticos utilizados, evidenciando a falta de correlação entre os caracteres morfológicos tratados conjuntamente nos processos estatísticos adotados com os padrões de bandas obtidos.

A estrutura de bandas da peroxidase que melhor explicou os padrões obtidos para a progénie 9 foi (-4),5, com a presença, ainda, das bandas 1 e 2 em dois indivíduos; as bandas 7, 13 e 16, noutra indivíduo; e, a banda 9 num terceiro indivíduo. Esta estrutura, com apenas duas bandas, reflete as possibilidades de terem ocorrido falhas técnicas ou outros problemas inerentes ao processo de eletroforese. Pelo agrupamento com base nas distâncias Euclidianas, esta progénie situou-se no grupo 3, onde apareceram sete outros acessos do tipo anão precoce (Tabela 15)

Com relação à dispersão gráfica com base no primeiro e segundo (Figura 12) e terceiro e quarto componentes principais (Figura 13), a progénie 9 aparece próxima da 4, também do tipo anão precoce, embora não seja possível uma localização segura das progénies deste grupo.

avaliado.

A análise dos perfis das bandas obtidas para a peroxidase, no grupo dos cajueiros do tipo anão precoce, permite a formação de cinco subgrupos, com as progênie 1, 4, 7 e 10 constituindo o maior de todos, as progênie 2 e 6 formando outro subgrupo e as progênie 3, 5 e 8 formando tres subgrupos unitários. A progênie 9, pelo pequeno número de bandas reveladas não foi agrupada, pelo risco de erros, sendo possível que forme um grupo isolado ou seja similar a qualquer outra progênie do grupo.

Este agrupamento com base nos perfis de bandas não apresentou homologia completa com aquele feito pelo método de Tocher, com base nas distâncias Euclidianas médias, através do qual as progênies de conjunto do tipo anão precoce ocuparam três grupos (Tabela 15). Entretanto, considerando-se a forma operacional do método, é possível que, retiradas as progênies 67 e 41 da análise (Tabela 15), as progênies 8 e 9 ocupassem outro grupo, juntas ou isoladamente, o que levaria a uma maior similaridade nos dois processos de discriminação.

b Cajueiros do tipo comum coletados no município de Pacajus-CE e propagados por semente (Grupo G2).

Neste grupo de plantas também verificou-se uma grande variação de perfis isoenzimáticos do sistema

peroxidase, tanto entre, como dentro da progênie dos acessos avaliados.

A progênie do acesso 11 apresentou a estrutura 3,5,12,15 como a mais representativa dos padrões revelados (Tabela 10 e Figura 22), além das bandas 6, 11 e 14, presentes num único indivíduo. Destas, as bandas 6 e 14 não foram encontradas nos cajueiros do tipo anão precoce. Este perfil não tem similar dentro deste grupo, não obstante esta progênie ter sido agrupada juntamente com a 15, 18 e 22, pelo método de Tocher, com base nas frequências das bandas reveladas (Tabela 15).

A localização da progênie 11, com base na avaliação do perfil das bandas, num grupo isolado, concorda com a dispersão gráfica através dos dois primeiros componentes principais (Figura 12), onde é possível a sua identificação de forma isolada e consideravelmente distante das progênies 18 e 22. A progênie 15 não foi identificada neste gráfico.

Da mesma forma que a progênie 11 as demais, com exceção do subgrupo formado pelas progênies 17,18 e 22, que mostraram alguma afinidade entre si, apresentaram estruturas de bandas sem similar dentro deste grupo, o que possibilitou isolá-las em subgrupos unitários de divergência (Tabela 10).

A estrutura representativa das bandas mais frequentes nas progênies 17, 18 e 22 foi 3,5,16, o que as

classificariam, numa primeira análise, num mesmo subgrupo de divergência. Na tabela 10 verifica-se, no entanto, que na progénie 17 apareceram também as bandas 7 e 15, não encontradas nas outras duas progénies. Na progénie 18, além das bandas catódicas 3 e 5, foram reveladas as bandas anódicas 2 e 10; e, na 22, as bandas 6, 10 e 13. Isto significa que a análise estatística multivariada com base nas frequências, por mais baixas que estas sejam, pode separá-las em grupos de dissimilaridade. Na Tabela 15 verifica-se que as progénies 18 e 22 ocuparam lugares vizinhos no mesmo grupo de dissimilaridade, formado pelo método Tocher a partir das distâncias Euclidianas. Este agrupamento é similar àquele feito pelo gráfico de dispersão com base nos dois primeiros componentes principais (Figura 12). Neste gráfico, as progénies 18 e 22 ocuparam espaços vizinhos e próximos da progénie 17. Ficaram mais próximas, no entanto, das progénies 33 e 38, oriundas do Estado de São Paulo.

Além da grande variação entre progénies para os perfis isoenzimáticos obtidos, os cajueiros do tipo comum oriundos de diferentes sítios do município de Pacajus-CE apresentaram também variação dentro, apesar da reduzida amostragem ( 5 indivíduos) analisada. Esta variação dentro foi reflexo, possivelmente, do modo de reprodução da espécie que é predominantemente alogâmico.

Esta variação que fez com que as progénies ocupassem seis grupos (1, 7, 9, 10, 11 e 14) de

dissimilaridade (Tabela 15) também ocorreu quando da utilização dos descritores botânico-agronômicos (Tabela 8). Não verificou-se, porém, uma concordância perfeita nesta distribuição. Mesmo assim observou-se que os acessos 11, 17, 18 e 22 que foram reunidos, pelo método de Tocher, num mesmo grupo, quando avaliados para 30 caracteres botânico-agronômicos, tiveram as suas progêneses também num mesmo grupo quando avaliadas, pelo mesmo método, para as frequências das bandas da peroxidase (Tabela 15). O mesmo observou-se para os acessos 12 e 23 e as respectivas progêneses; e, para o acesso 13, que da mesma forma que na sua progênie também ocupou um grupo unitário nos dois processos de análise estatística multivariada.

c - Cajueiros do tipo comum oriundos da Índia e propagados por sementes (Grupo G2).

No grupo de acessos oriundos da Índia verificou-se também que ocorreu variação entre e dentro das progêneses para os perfis isoenzimáticos da peroxidase. Pela Tabela 10 e Figura 24 observa-se que as progêneses 27 e 30 diferenciaram-se das demais do grupo por apresentarem a banda 1 catódica, sendo que a 30 diferenciou-se ainda pela banda 1 anódica, também só encontrada na progênie 32.

A progênie 32 apresentou, além da banda 1 anódica, a banda 4 anódica, não encontrada em nenhum outro



grupo. Como as progênies 30 e 32 foram agrupadas juntas, pelo método de Tocher (Tabela 15), é possível associarem-se as frequências observadas para a banda 1 anódica como causa de separação dos demais acessos, uma vez que a banda 1 catódica do acesso 30 também ocorreu no 27. Além disso, esta foi a única banda não encontrada no acesso 31, que apresentou estrutura de bandas similar à do acesso 32 (Tabela 10).

Pela Tabela 10 e Figura 24 observa-se que se forem consideradas as bandas de maior frequência, a estrutura 2,3,5,6 caracteriza melhor as progênies 24, 25, 27; a estrutura 3,5,6, é comum às progênies 26, 28, 31; a estrutura 5,6, à progênie 29; a estrutura (-1) 1,3,5,7 foi característica da progênie 30; e, a 1,3,4,5,7, da 32.

Mesmo atribuindo-se às possíveis falhas técnicas o fato de não terem sido reveladas todas as bandas na progênie, é possível concluir que o acesso 29 é mais semelhante ao 24, 25, 26, 27 e 28 pela estrutura 5,6. E, que o 30 e o 31 são mais similares entre si pela estrutura 3,5,7, apesar das bandas 1 catódica do 30 e 15 anódica do 31 terem sido fator de diferenciação. O acesso 32 diferenciou-se de todos pela banda 4, anódica, presente em todos os cinco indivíduos avaliados. É possível, então, concluir que uma avaliação pelo perfil das bandas obtidas para peroxidase levaria à formação de pelo menos quatro subgrupos de acessos dentro do grupo formado pelos cajueiros oriundos da Índia. O primeiro pelas progênies dos acessos 24, 25, 26, 27, 28 e

29; o segundo pelo acesso 30; o terceiro pelo 31; e o quarto pelo 32.

d - Cajueiros oriundos de Valinhos-SF e propagados por sementes (Grupo G4).

O comportamento das progênies dos acessos oriundos de Valinhos-SF, com relação ao agrupamento em função das frequências de bandas não foi diferente daquele observado para os cajueiros oriundos da Índia no que se refere às estruturas dos perfis observados. Por estas estruturas é possível distribuir as progênies em pelo menos dois subgrupos com duas progênies. E, o restante, em subgrupos com apenas uma progênie.

As progênies 36 e 37, além da estrutura de bandas 3,5,7, apresentaram também as frequências destas bandas muito próximas. Isto não foi o suficiente para serem reunidas num mesmo grupo de dissimilaridade, quando tratadas estatisticamente pelo método de Tocher (Tabela 15). Nos gráficos de dispersão multivariada com base no primeiro e segundo (Figura 12) e terceiro e quarto componentes principais (Figura 13), não é possível a identificação destas progênies.

Da mesma forma que ocorreu com os outros grupos de origem já discutidos, a análise visual dos perfis de bandas deste grupo apresentou resultados diferentes e

algumas vezes contrastantes com o grupamento pelo método de Tocher, pela frequência das bandas. Assim, as progênies 36 e 37 que apresentam apenas as bandas 3,5 e 7, com frequências bem próximas, posicionaram-se em grupos diferentes, enquanto a 35, com as bandas 3, 5 e 6, foi posicionada no mesmo grupo da 37 (Tabela 15).

Um aspecto interessante observado não só no perfil, mas também nas análises multivariadas realizadas com as frequências de bandas da peroxidase, relacionou-se com o posicionamento das progênies cujos acessos apresentaram a maior e menor distância na análise com os caracteres botânico-agronômicos.

A maior distância Euclidiana média estimada com o emprego dos descritores botânico-agronômicos foi entre o acesso 38 (do grupo ora em discussão) e o 65 (Tabela 8), cujas progênies formaram no mesmo grupo (o 5) resultante do emprego da mesma técnica nas frequências de bandas da peroxidase (Tabela 15). Esta proximidade entre as duas progênies também foi discriminada nos gráficos de dispersão formados pelo primeiro e segundo (Figura 12) e terceiro e quarto (Figura 13) componentes principais.

Por outro lado, os dois acessos mais similares em termos de descritores botânico-agronômicos, o 40 e 42, igualmente pertencentes ao grupo de cajueiros oriundos de Valinhos, também foram agrupados juntos (no grupo 6) e discriminados muito próximos nos gráficos de

dispersão multivariada (figuras 14 a 19).

Na Tabela 10, entretanto, verifica-se que a formação mais representativa das bandas destes dois conjuntos guardam menos similaridades do que aquela revelada pelos processos multivariados. A estrutura encontrada na progênie 42, 2,3,5,7,11, apresentou uma banda a mais (a 7) do que a da progênie 40 que apresentou o perfil 2,3,5,11, sendo que nesta última um indivíduo apresentou as bandas 6 e 13, enquanto na 42 todos os indivíduos apresentaram as mesmas bandas.

A estrutura de bandas da progênie 38, (-4),2,5,7,12 (Figura 25) também diferiu bastante daquela apresentada pela progênie 65 que foi 2,5,7,16 (Figura 28). Houve pois, uma menor similaridade entre os padrões destas progênies do que entre os de algumas progênies que foram agrupadas juntas, como por exemplo a 35 e a 37.

O aspecto mais conclusivo da análise deste grupo de cajueiros é que para a peroxidase também houve maior variabilidade entre progênies do que nos cajueiros de origem indiana. E, como estes dois grupos foram similares em termos dos caracteres botânico-agronômicos avaliados, uma indicação para a formação de pares de divergências poderia ser apoiada nos descritores isoenzimáticos.

Por outro lado, os acessos 56 e 64, e respectivas progênies, ficaram num mesmo grupo de similaridade, tanto na avaliação com caracteres

botânico-agronômicos (Tabela 8), quanto naquela envolvendo as frequências de bandas da peroxidase (Tabela 15), não obstante apresentarem, respectivamente, as estruturas 4,5,7,14 e 3,4,5,6,7 (Figura 28) que são diferentes pelas bandas 14 na progénie 56 e 3 na 64. (Tabela 10).

Outro aspecto interessante observado neste grupo foi a distribuição das progénies num maior número de grupos (Tabela 15), com uma separação menor do que a verificada com os acessos que lhes deram origem, os quais foram mais uniformes em termos de descritores morfométricos (Tabela 8).

**e - Cajueiros do tipo comum oriundos da Venezuela e propagados por sementes (Grupo 65).**

O perfil de bandas obtido para os cajueiros oriundos da Venezuela (Figura 26) revelou que houve uma maior uniformidade tanto entre como dentro das progénies dos acessos, com a presença de algumas bandas que separaram este grupo do grupo de cajueiros oriundos da Índia e do grupo oriundo do Estado de São Paulo. Estes três grupos foram agrupados juntos quando por meio dos descritores botânico-agronômicos (Tabela 8).

A banda 3 catódica só não foi revelada na progénie 53, cuja estrutura de bandas (3,5,12), a diferenciou das demais do grupo (Tabela 10). Além do perfil (Figura

26), a frequência das bandas também influenciou na diferenciação desta progênie em relação às demais do grupo, uma vez que nos agrupamentos formados a partir do emprego das frequências das bandas (Tabela 15), a 53 ficou no grupo 1 e as outras dez progênies no grupo 2.

A banda 9 foi revelada apenas nas progênies 49, 51 e 52; a primeira apresentou a estrutura  $(-3), 1, 3, 5, 6, 9, 12, 16$ , e, as duas últimas, respectivamente, as estruturas  $(-3), 1, 3, 5, 7, 9, 12$  e  $(-3), 1, 3, 5, 7, 9, 12, 16$ . Houve, pois, similitude entre as três progênies para a parte correspondente às bandas  $(-3), 1, 3, 5, 12$  (Figura 26).

A estrutura de bandas  $(-3), 1, 3, 5, 12$  só não foi encontrada nas progênies 47 e 53, que diferenciaram-se entre si pela presença da banda 3 catódica na 47 (Tabela 10).

A presença de grande número de banda na quase totalidade das plantas deste grupo (Tabela 10) fez com que a sua diferenciação, em termos de estrutura de bandas dos perfis, fosse em função de uma ou poucas bandas, já que matematicamente apenas a progênie 53 ficou fora do grupo 2, constituído exclusivamente por progênies oriundas da Venezuela (Tabela 15).

Esta diferenciação multivariada da progênie 53 em relação ao restante do grupo de cajueiros da Venezuela, e deste em relação aos demais grupos de origem e/ou tipo, também ficou bem discriminada no gráfico formado

a partir do primeiro e segundo componentes principais (Figura 12), indicando que este grupo de progênies foi diferenciado de todos os outros, incluindo-se os grupos de cajueiros oriundos da Índia e os oriundos do Estado de São Paulo, que foram agrupados juntos quando do uso dos descritores botânico-agronômicos (Tabela 8).

f - Cajueiros do tipo comum coletados no Estado do Ceará e propagados vegetativamente (Grupo G6).

Semelhantemente aos cajueiros do tipo comum propagados por sementes, verificou-se grande variação entre e dentro das progênies dos cajueiros do tipo comum coletados nos municípios de Russas, Aracati, Aracoiaba e Beberibe, no Estado do Ceará, e propagados vegetativamente. Praticamente nenhuma homologia entre grupos de progênies foi identificada.

As progênies 54 e 55, agrupadas vizinhas pelo método de Tocher aplicado nas distâncias Euclidianas, estimadas com base nas frequências de bandas (Tabela 15), apresentaram também as estruturas de bandas mais similares dentro deste grupo (Figura 28). Esta similaridade também foi identificada nos gráficos de dispersão com base nos quatro primeiros componentes principais (Figuras 8 a 11).

Os acessos 54 e 55, que originaram as progênie mais similares deste grupo em discussão, foram

coletados na mesma localidade. Apesar disto, não formaram num mesmo grupo quando da avaliação com base nos descritores botânico-agronômicos (Tabela 8). não obstante a distância entre eles ter sido das mais baixas dentro do grupo (Tabela 4).

g - Progenies da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke e *Anacardium sp.*, introduzidas por sementes.

Na Tabela 10 e Figura 30 verifica-se que as progenies do acesso 68 (*Anacardium microcarpum* Ducke) e 69 (*Anacardium sp.*), não diferenciaram-se das demais no que se refere ao número e posicionamento das bandas reveladas. Também nos gráficos de dispersão com base no primeiro e segundo (Figura 12) e terceiro e quarto componentes principais (Figura 13), não é possível a identificação destas progenies como elementos isolados no espaço multivariado delimitado pelos dois conjuntos de componentes principais considerados. Apesar disto, a progénie 68 ocupou um grupo individual e a 69 um grupo conjunto com as progenies 58 e 62 quando do agrupamento com base nas distâncias Euclidianas estimadas com o emprego das frequências de bandas (Tabela 15).

Neste caso, a frequência de bandas foi o fator de diferenciação entre as espécies *Anacardium microcarpum* e *Anacardium occidentale*, possibilitando, ainda identificar o acesso *Anacardium sp.*, oriundo de Camocim como



similar aos cajueiros do tipo comum coletados em outros municípios do Estado do Ceará e avaliados neste estudo.

#### 4.2.1.2. Sistema Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT)

Foram reveladas 22 bandas, todas anódicas, para o sistema GOT (Tabela 9), o que sugere, da mesma forma que verificou-se com a peroxidase, a existência de diversos locos e alelos envolvidos no controle destas bandas. Como este sistema é dimérico (KEPHART 1990) e o grande número de bandas envolvidas pode dificultar a identificação de locos e alelos, além de não terem sido utilizados materiais genéticos apropriados, optou-se por não se fazer nenhuma especulação sobre o número de locos e alelos presentes.

Uma avaliação qualitativa dos perfis obtidos para todas as progênies avaliadas permite uma comparação com os agrupamentos feitos com base nos dois processos multivariados empregados.

a - Cajueiros do tipo anão precoce coletadas no Estado de Ceará e propagado por sementes (Grupo G1).

Pela Tabela 11 observa-se que houve menor variação, tanto entre como dentro das progênies, para o perfil das bandas do GOT nos cajueiros do tipo anão precoce. As progênies 1, 2, 3, e 7 apresentaram

praticamente as mesmas bandas, com frequências também similares na estrutura 10,14,15,20 (Figura 21).

As progênies 4, 6, 8, 9 e 10 diferiram daquelas em razão da substituição da banda 20 pelas bandas 18, na 4; e 19, na 8 e 9 (Tabela 11). A progénie 6 apresentou apenas a estrutura 10,14,15, enquanto a progénie 10 apresentou substituição da banda 15 pela 16, além de dois indivíduos terem apresentado a banda 4 e outro a banda 20 (Tabela 11).

A progénie mais diferenciada neste grupo foi a 5 por apresentar as bandas 11 e 12, não encontradas nas demais progênies, além da banda 6, encontrada apenas na progénie 2.

Esta maior homogeneidade dentro deste grupo em relação aos perfis isoenzimáticos do GOT (Figura 21), quando comparado com o da peroxidase (Figura 20), repetiu-se nos dois processos de identificação pelos procedimentos estatísticos multivariados. Em decorrência, verificou-se o agrupamento conjunto de todas as progênies, pelo método de Tocher, com todas as progênies oriundas de Valinhos-SF, oito oriundas da Índia, treze das quatorze coletadas no Estado do Ceará e propagadas vegetativamente, todas as coletadas em Pacajus, Ceará e propagadas por sementes, uma das onze oriundas da Venezuela e a oriunda de Camocim, Estado do Ceará (Tabela 16).

Este agrupamento feito pelo método de Tocher

concorda com o gráfico de dispersão feito com o primeiro e segundo componentes principais (Figura 18) no qual não foi possível isolar-se nem o grupo de cajueiros do tipo anão precoce dos demais e nem qualquer das progênes deste grupo. O gráfico de dispersão com base no terceiro e quarto componentes principais (Figura 19) discriminou a progênie 10 como a mais diferenciada do grupo. Entretanto a baixa percentagem da variação total que explica estes componentes (Tabela 13) não permite segurança na informação.

**b - Cajueiros do tipo comum coletados no município de Pacajus-CE e propagados por sementes (Grupo G2).**

Neste grupo foram reveladas algumas bandas não encontradas nos cajueiros anões precoces, como a 5, 21 e 22 (Figura 23). Além disto, a banda 12 que só apareceu na progênie 5, foi encontrada em quatro progênes deste grupo; a banda 11, também exclusiva da progênie 5 do primeiro grupo analisado, também apareceu em três indivíduos da progênie 15 e um da 20 (Tabela 11).

Neste grupo de progênes, da mesma forma que no grupo anterior, poucas foram as bandas com valores de  $R_m$  abaixo de 1,0 (banda padrão), como também foi muito difícil o estabelecimento de estruturas de bandas representativas, dada a grande dispersão das bandas dentro das progênes (Tabela 11). Esta dispersão tanto pode ter sido por falta de

atividade da enzima ou falhas técnicas, como também o reflexo da grande variação dentro das progêneses, o que seria explicado pelo sistema alogâmico característico do cajueiro.

**c - Cajueiros do tipo comum oriundos da Índia e propagados por sementes (Grupo G4).**

Neste grupo foram reveladas duas bandas não encontradas nos dois grupos já analisados, quais sejam a 2 e a 7 (Figura 25). Não foram reveladas as bandas 11 e 12, presentes naqueles grupos, nem as bandas 21 e 22, encontradas nos cajueiros oriundos de Pacajus-CE (Tabela 11), o que demonstra, de início, a divergência deste grupo em relação ao cajueiro anão precoce e aqueles do tipo comum oriundos do Estado do Ceará

Observa-se, pela Tabela 11, que ocorreram variações dentro de todas as progêneses, sendo estas variações mais indicativas de segregação do que as variações observadas nos dois grupos de progêneses anteriormente analisados. Isto em razão não só da presença de um maior número de bandas, como também de maior variação nos padrões destas bandas entre as progêneses deste grupo. A variação entre os perfis é de magnitude tal que seria possível dividir-se o grupo, com base na estrutura de bandas, em dez subgrupos de uma progênie cada um. Esta possibilidade, no entanto, não foi suportada pelos agrupamentos feitos com base nas técnicas

cas multivariadas aplicadas nas frequências de bandas (Tabela 16), nem na dispersão multivariada com base nos quatro primeiros componentes principais, isolados e em conjunto (Figuras 14 a 19).

d - Cajueiros do tipo comum oriundos de Valinhos-SP e propagados por sementes (Grupo G4).

Neste grupo também foram reveladas muitas bandas para todos os indivíduos de cada progênie (Figura 25), com algumas progênies apresentando grande uniformidade dentro, como verificou-se com a 33 e a 34 (com a estrutura 10,14,22 para todos os indivíduos,) e a 40 (10,14,15), sendo que a maioria apresentou dois padrões de bandas, como ocorreu com a 36 e 37 que também apresentaram as mesmas estruturas, respectivamente, 10,14,18 e 10,14,19 (Tabela 11).

Todas as progênies foram reunidas no grupo 1, pelo método de Tocher (Tabela 16), sendo que a menor distância Euclidiana estimada verificou-se entre duas progênies deste grupo (33 e 35), cujo valor foi 0,0 (Tabela 14).

Os gráficos de dispersão com base nos quatro primeiros componentes principais, isolados e em conjunto, (Figuras 14 a 19), também não discriminaram nem o grupo em relação aos demais, nem nenhuma progênie dentro do grupo, confirmando as indicações dos outros dois processos de ava

liação sobre a pequena divergência dentro das progênes e entre este e os demais grupos.

e - Cajueiros do tipo comum oriundos da Venezuela e propagadas por sementes (Grupo G5).

Este grupo apresentou um comportamento diferenciado em relação aos demais grupos para o sistema GOT pelo fato de terem sido reveladas as bandas 1 e 9, não encontradas em nenhum dos grupos já avaliados (Figura 27). Além disso, não foi encontrada a banda 18, presente em todos os outros grupos (Figuras 21, 23, 24, 26 e 27). Este fato foi suficiente para demonstrar a existência de divergência deste em relação aos demais grupos de cajueiros estudados.

Verificou-se também grande variação tanto entre como dentro das progênes, com quase todas apresentando grande número de bandas em todos os indivíduos (Tabela 11). Além disso, oito das onze progênes não apresentaram a banda padrão (Figura 27), acentuando a diferença existente entre este grupo e os demais, o que foi confirmado pelo processo de agrupamento pelo método de Tocher.

Esta grande variação dentro das progênes também pode ser identificada pela análise das estruturas de bandas apresentadas. É possível, então, diferenciar-se este grupo dos demais pelo emprego dos perfis de bandas do sistema GOT (Figura 29). Esta diferenciação também foi captada

pelo agrupamento feito com as estimativas das distâncias genéticas, pelo método de Tocher, uma vez que cinco progênies formaram o grupo 2, dois outros grupos (3 e 4) foram formados com duas progênies cada um, com um grupo de uma progênie (o grupo 9), e a última progênie integrando o grupo 1 (Tabela 16).

A discriminação com base no primeiro e segundo componentes principais também foi eficiente para a identificação destas progênies (Figura 18). Esta homologia entre a análise do perfil de bandas e a análise por meio das duas técnicas multivariadas adotadas permite formular a hipótese de que os cajueiros oriundos da Venezuela apresentam algum caráter ligado ao sistema GOT não encontrado nos demais materiais estudados. Esta característica, possivelmente adaptativa e relacionada ao ambiente onde evoluiu, deve ser identificada e melhor estudada na busca por uma associação com algum caráter morfométrico, o que possibilitará melhor aproveitamento deste material em programas de melhoramento.

e - Cajueiros do tipo comum coletados em quatro municípios do Ceará e propagados vegetativamente (Grupo G6).

Neste grupo, o perfil de bandas também foi da maior importância para a identificação de algumas progênies, diferenciadas das demais para o sistema GOT.

Assim, enquanto a banda 22 foi encontrada apenas na progênie 63, a banda 9, antes só encontrada no grupo de origem venezuelana e na espécie *Anacardium microcarpum* Ducke, também apareceu nas progênies 58 e 66.

O grande número de bandas reveladas (Figura 29) e a variação no arranjo destas bandas (Tabela 11), dificultaram a organização de grupos de similaridade com base nos perfis obtidos. Entretanto, algumas diferenças mais marcantes possibilitam a caracterização de algumas progênies dentro deste grupo.

Pela Figura 29 verifica-se que as progênies 54 e 60, por não apresentarem a banda padrão, as progênies 63 e 58 por não apresentarem a banda 9 e a 66, por não apresentar a banda 22, diferenciaram-se do restante do grupo. Em decorrência, um estudo no sentido de identificarem-se caracteres morfométricos associados a estas bandas poderá resultar em melhor aproveitamento da variabilidade encontrada para o sistema GOT, notadamente se a característica associada for adaptativa.

A variação encontrada, no entanto, não foi inteiramente captada pelos dois processos multivariados adotados. Em decorrência, apenas as progênies 58 e 60 foram discriminadas, tanto no agrupamento feito com base nas distâncias Euclidianas estimadas, como pela dispersão com base nos dois primeiros componentes principais. As demais progênies, diferenciadas pela análise do perfil, ocuparam



um mesmo grupo de dissimilaridade (Tabela 16), além de não terem sido discriminadas pelos gráficos de dispersão (Figuras 14 e 19).

g - Progénies da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke e *Anacardium sp.*, propagadas por sementes.

A progénie do acesso 69, material genético registrado como *Anacardium sp.*, oriundo do município de Camocim, litoral norte do Estado do Ceará, apresentou apenas dois padrões de banda (Tabela 11), os quais foram encontrados na maioria das progénies avaliadas. Portanto, também para o GOT este material genético não foi divergente do cajueiro do tipo comum, sendo possível que as diferenças morfológicas que apresenta em relação ao cajueiro cultivado sejam puramente ambientais.

A progénie da espécie *A. microcarpum*, por outro lado, apresentou as bandas 3, 8, 13 e 17 (Figura 30) que não foram encontradas em nenhum dos outros 340 indivíduos analisados (Tabela 11), razão pela qual foi discriminada pelos diversos métodos de identificação utilizados. Apresentou ainda a banda 9 que foi encontrada apenas em três progénies de origem venezuelana e em duas originadas do Estado do Ceará e propagadas por sementes.

Estes resultados permitem concluir que o acesso classificado como *Anacardium microcarpum*, além das

características morfológicas e do sistema PER, também diferencia-se do cajueiro cultivado pelo sistema GOT.

#### 4. 2. 2. Análise de componentes principais

##### 4. 2. 2. 1. Variância dos componentes

Da mesma forma que com os descritores botânico-agronômicos, na análise de componentes principais com as frequências de bandas isoenzimáticas, obtidas para os sistemas PER e GOT, também verificou-se grande dispersão da variação entre os componentes. Na Tabela 12 verifica-se que foram necessários onze componentes para explicarem 80% da variação observada com os dados do sistema PER, com os quatro primeiros expressando apenas 47% do total.

Para os dados do sistema GOT, a análise de componentes principais foi bastante similar à do sistema PER, sendo necessários dez componentes para explicarem 80% da variação, com os quatro primeiros explicando 50% do total (Tabela 13), sendo que os dois primeiros componentes foram responsáveis por 33%, contra 24% no sistema PER.

Por estas duas tabelas verifica-se que nove componentes na peroxidase e onze no GOT apresentaram autovalores (variância do componente), menores do que 0,70, o que significa que nove e onze descritores (no caso bandas isoenzimáticas), respectivamente, poderiam ser descartados, considerando-se a metodologia de descartes proposta por

JOLLIFFE (1973). Entretanto, num estudo de isoenzimas todas as bandas devem ser consideradas, uma vez que um padrão de bandas repetitivo e bem definido é fundamental para o emprego da técnica na caracterização em bancos de germoplasma ou na identificação de cultivares.

Na Tabela 11 verifica-se, por exemplo, que a banda 3 ( $R_m=0,30$ ), do sistema GOT, foi revelada apenas na progênie do acesso 68 que é da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke. Isto significa que, não obstante contribuir pouco para a variação total, esta banda teve mais importância na discriminação do que as bandas comuns a todas as progênies, razão pela qual não deve ser aplicado o processo de descartes quando do emprego da análise de componentes principais no estudo de isoenzimas.

Esta dispersão da variância dos componentes principais, indicando não ter havido predominância acentuada de um ou poucos componentes sobre os demais, pode ser indicativa da importância da maioria das bandas encontradas, dentro dos padrões obtidos, para a caracterização da coleção avaliada.

#### 4.1.2.2. Dispersão multivariada dos acessos

Objetivando-se a redução da dimensionalidade dos dados obtidos, procedeu-se à análise de componentes principais a partir da qual as progênies foram distribuídas

num gráfico de dispersão multivariada, com base nas coordenadas dos conjuntos compostos pelo primeiro e segundo e terceiro e quarto componentes principais. O resultado desta dispersão gráfica foi a identificação de alguns grupos relacionados com a origem ou tipo, além de uma indicação sobre a dispersão dentro das progênies, o que significou uma avaliação preliminar da variabilidade entre e dentro de progênies dos acessos avaliados com base nas frequências de bandas isoenzimáticas dos sistemas estudados.

Com isto foi possível não só relacionar-se os polimorfismos observados, para os dois sistemas, com a origem ou tipo dos cajueiros da parte da coleção do BAG - Caju do CNFCa/EMBRAPA, como também com caracteres botânico-agronômicos empregados na avaliação dos acessos que geraram as progênies em discussão.

#### 4.2.2.2.1. Sistema Peroxidase (PER).

As Figuras 8 a 11, representativas da dispersão multivariada das progênies com base, respectivamente, nos quatro primeiros componentes principais, obtidos da análise efetuada com o emprego das frequências de bandas do sistema PER, e considerados isoladamente, oferecem uma visão unidimensional da distribuição das progênies, demonstrando a existência de

variabilidade tanto entre grupos como dentro de alguns grupos relacionados com as origens dos cajueiros.

Pela Figura 8, representativa do primeiro componente principal, verifica-se que as progênies dos acessos oriundos da Venezuela diferenciaram-se das demais, o que não ocorreu com a dispersão com base nos caracteres morfométricos. Ficou claro, também, que para o sistema PER a variação dentro dos grupos foi mais generalizada do que com os caracteres botânico-agronômicos.

Esta ligação do grupo de progênies da Venezuela com um polimorfismo isoenzimático identificável pode perfeitamente estar associada a alguma característica adaptativa relacionada com o ambiente onde evoluiu, não relacionada com os caracteres morfométricos avaliados. Esta hipótese pode ser sustentada na possibilidade deste grupo ter evoluído, sob domesticação, de uma forma diferente daquela ocorrida com os demais grupos, o que levaria a padrões enzimáticos diferentes, de acordo com NEVO et alii (1979).

A Figura 9 permitiu associar-se o segundo componente principal com as progênies do tipo anão precoce e com as progênies da Venezuela. Este componente foi informativo também em termos da variabilidade dentro do grupo de cajueiros oriundos do Ceará e propagados vegetativamente, exatamente o de maior dispersão e mais divergente em relação aos outros grupos, pelos caracteres botânico-agronômicos.

Os gráficos de dispersão com base no terceiro e no quarto componentes principais (Figuras 12 e 13) não apresentaram informações de destaque em função, provavelmente, da baixa porcentagem da variação total que representaram (respectivamente, 8,99% e 7,56%).

Estes quatro gráficos, além de terem demonstrado a existência de variabilidade em todos os grupos de progênies, demonstraram também que as progênies 38 e 65, oriundas dos acessos com maior distância Euclidiana, estimada com base nos caracteres botânico-agronômicos, localizaram-se muito próximas uma da outra e que as progênies dos acessos 40 e 42, os de menor distância para aqueles caracteres, também localizaram-se próximas com base nas bandas isoenzimáticas reveladas. Estes posicionamentos revelados pelos gráficos de dispersão demonstraram, de início, que não houve concordância entre os níveis de variabilidade revelados pelos dois grupos de caracteres considerados. Esta não concordância tem sido discutida por diversos autores como PRICE et alii (1984); MILLAR (1986); HAMRICK, (1989).

No gráfico de dispersão com base nos dois primeiros componentes principais (Figura 12), ficou caracterizada a divergência das progênies oriundas dos acessos venezuelanos e as do tipo anão precoce em relação às demais, bem como os posicionamentos, já discutidos, das progênies 38 e 65 e 40 e 42, entre outros contrastes, em relação à dispersão feita com base nos dois primeiros

componentes principais para os caracteres morfométricos (Figura 5). Entre estes contrastes pode-se relacionar os verificados com os pares 66 e 63, 56 e 64 e 54 e 55. Algumas concordâncias também puderam ser identificadas, como entre os pares 59 e 65, 38 e 59, 53 e 38, entre outras, sendo que ocorreram mais discordâncias do que concordâncias entre os dois gráficos (Figuras 5 e 12).

#### 4.1.2.2.2. Sistema Glutamato oxaloacetato transaminase (GOT)

No gráfico de dispersão das progênes com base no primeiro componente principal, obtido com as bandas do sistema GOT (Figura 14), caracterizou-se a divergência da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke em relação à espécie *Anacardium occidentale* L. Este comportamento não foi associado à possível variabilidade existente entre as outras 68 progênes avaliadas.

No gráfico de dispersão com base no segundo componente principal (Figura 15), as progênes oriundas dos acessos dos cajueiros introduzidos da Venezuela separaram-se das demais, da mesma forma que verificou-se para o sistema PER. Também nestes gráficos as progênes 38 e 65, dos acessos de maior distância com base nos descritores botânico-agronômicos, ficaram muito próximas uma da outra, caracterizando a não concordância entre os

dois grupos de descritores utilizados. Da mesma forma que no sistema PER, verificou-se mais discordâncias do que homologias entre os gráficos de dispersão com base nos dois grupos de descritores empregados.

Os gráficos da dispersão com base no terceiro e no quarto componentes principais (Figuras 16 e 17), também foram pouco expressivos em termos de diferenças conspícuas para a variação entre e dentro dos grupos de progênies. Mesmo assim, apresentaram alguns indícios da variação dentro dos grupos, variação esta observada nos perfis de bandas (Figuras 20 a 30) e não captada na dispersão gráfica.

Na Figura 18, representativa do gráfico de dispersão das progênies com base nos dois primeiros componentes principais, identificou-se mais precisamente a divergência entre as espécies *Anacardium occidentale* L. e *Anacardium microcarpum* Ducke, mostrando que também para este sistema enzimático houve diferenças entre os perfis genéticos, o que possivelmente define diferentes estruturas hierárquicas de variação.

Neste gráfico, as progênies dos acessos oriundos da Venezuela também apareceram isoladas das demais, caracterizando uma divergência associada ao segundo componente principal e relacionada, provavelmente, ao ambiente onde evoluiu. Esta descontinuidade, apresentada no perfil isoenzimático deste grupo de progênies em relação



aos cajueiros do tipo comum oriundos do Estado do Ceará e aos cajueiros introduzidos da Índia, pode ser indicativa da caracterização de um ecotipo associado às condições ambientais onde evoluiu.

Essa menor variação entre os grupos de acessos para o sistema GOT em relação ao sistema PER, apontada pelos gráficos de dispersão, também foi identificada pelo agrupamento feito com base nas distâncias Euclidianas estimadas com base na frequências de bandas (Tabela 9), bem como pelos gráficos dos perfis isoenzimáticos (Figuras 20 a 30).

#### 4.2.3. Agrupamento das progênies pelo método de Tocher.

Utilizando-se os valores obtidos para as distâncias Euclidianas médias, estimadas com base nas frequências de bandas isoenzimáticas, resultantes da eletroforese, nos dois sistemas estudados, as progênies foram agrupadas pelo método de Tocher.

Na tabela 15 verifica-se que para o sistema PER foram necessários 17 grupos para a descrição das progênies, concordando com a diversidade apresentada pelos gráficos de dispersão (Figuras 8 a 13) e pelos perfis isoenzimáticos (Figuras 20, 22 24, 25, 26, 27 e 29).

Da mesma forma que nos gráficos de dispersão

com base nos dois primeiros componentes principais, os cajueiros do tipo anão precoce foram diferenciados, com oito das progênies formando um grupo de dissimilaridade, demonstrando um certo grau de descontinuidade em relação aos cajueiros do tipo comum, caracterizando um ecotipo, diferenciação esta também encontrada na avaliação dos acessos com base nos descritores botânico-agronômicos.

Dez das onze progênies dos acessos oriundos da Venezuela formaram um grupo isolado, sem representantes de nenhuma outra origem ou tipo, ratificando o posicionamento relativo apontado pelos gráficos de dispersão com base nos dois primeiros componentes principais, isolados e em conjunto. Considerando-se esta homologia observada entre os dois processos, é possível afirmar que os cajueiros oriundos da Venezuela, por apresentarem algumas características adaptativas associadas ao sistema PER, constituem um grupo de variabilidade que deve ser melhor estudado com relação a outros caracteres morfométricos, bem como para aquelas já consideradas, buscando-se caracteres genéticos de interesse não só para programas de melhoramento de curto prazo, mas também para a preservação como reserva genética.

A espécie *Anacardium microcarpum* Ducke também ocupou um grupo de dissimilaridade que, por ser unitário, a diferenciou da espécie *A. occidentale* L. Esta diferenciação não ficou muito clara nos gráficos de dispersão (Figuras

14 a 19), nem nos perfis isoenzimáticos (Figura 30). Entretanto, apoiado nas ponderações de BASFORD et alii (1990) que consideram que a análise de componentes principais oferece, na verdade, uma representação espacial que, não obstante importante para a caracterização em bancos de germoplasma, nem sempre agrupa tão claramente como os métodos específicos, os quais podem descrever mais eficientemente as características dos genótipos, é possível concluir que a progênie dessa espécie tem características relacionadas com a peroxidase que a diferencia das progênies da espécie *A. occidentale*. Estas características podem estar associadas às diferenças no perfil genético que a diferencia hierarquicamente, como também com a origem, uma vez que a primeira é uma espécie de cerrado e a segunda é característica da transição da Amazônia com as matas de restinga, nordeste brasileiro.

Na Tabela 15 verifica-se que os grupos formados não concordaram, necessariamente, com aqueles formados com base nos descritores botânico-agronômicos, com os acessos mais divergentes (o 38 e o 65), tendo as suas progênies agrupadas juntas.

Esta maior variabilidade para as bandas da peroxidase, em relação àquela para os caracteres botânico-agronômicos, pode ser indicativo da menor influência da seleção artificial nos caracteres enzimáticos do que nos caracteres morfométricos, possibilidade advogada

pela escola neutralista, em contraste com a selecionista.

Para o sistema GOT, o número de grupos de similaridade (nove), bem com o número de indivíduos por grupo, (Tabela 16), foi um indicativo de um menor nível de variabilidade, comparado com aquele observado para o sistema PER.

Da mesma forma que no sistema PER, as progênies dos acessos oriundos da Venezuela diferenciaram-se das demais, mostrando divergência em relação aos cajueiros de origem brasileira, comuns e anões precoces, e indianos. Além disso, ao ocuparem quatro grupos de dissimilaridade, ficou demonstrado, também, a existência de variabilidade dentro do grupo para o sistema GOT e, conseqüentemente, para algum caráter a ele associado.

A espécie *Anacardium microcarpum* Ducke, da mesma forma que para o sistema PER, ocupou um grupo unitário, demonstrando ser realmente diferenciado da espécie *A. occidentale* L.

A discriminação dos grupos pelo método de Tocher foi bastante similar àquela feita graficamente com base nos dois primeiros componentes principais, homologia não verificada em relação à dispersão gráfica com base nos caracteres botânico-agronômicos.

#### 4.2.4. Análise comparativa da relação entre a varia

**bilidade botânico-agronômica e a variabilidade isoenzimática.**

A análise visual dos perfis isoenzimáticos obtidos, tanto para o sistema GOT como para o sistema PER, mostrou a existência de variação para os padrões de bandas tanto entre como dentro dos grupos de progênies avaliados, independente da origem ou tipo do cajueiro.

Esta variabilidade, identificada por meio da análise visual, também foi bem discriminada na formação dos grupos de dissimilaridade, pelo método de Tocher, o qual utiliza as distâncias Euclidianas estimadas com base nas frequências de bandas, obtidas de ambos os sistemas estudados.

Para o sistema GOT, no entanto a variabilidade apresentada não teve a mesma magnitude que para o sistema PER em termos de grupos formados, não obstante as médias máximas e mínimas distâncias estimadas (Tabela 14), tenham sido bastante similares. Em decorrência, o número de grupos formados foi bem menor, com o primeiro comportando 55 progênies contra 24 no sistema PER.

Da mesma forma que na formação dos grupos de dissimilaridade, a discriminação gráfica com base nas coordenadas dos primeiros componentes principais permitiu a identificação de alguns grupos associados à origem ou tipo de progênie, bem como indicações sobre a diversidade dentro

e entre estes grupos.

Através do gráfico obtido com os dois primeiros componentes principais foram discriminadas as progênies do tipo anão precoce, reforçando as indicações obtidas através dos descritores morfométricos de que este material genético constitui, provavelmente, um ecotipo originado em função do ambiente onde provavelmente originou-se, no caso a Amazônia (BARROS et alii, 1984).

Foram discriminadas, também, as progênies dos acessos oriundos da Venezuela, o que poderia caracterizar, igualmente, uma associação com a origem geográfica ou processos de domesticação.

O mesmo procedimento para os dados obtidos com o sistema GOT também permitiu a discriminação das progênies dos acessos venezuelanos, além da espécie *Anacardium microcarpum* Ducke, conspicuamente posicionada em relação às outras 68 progênies estudadas.

A variabilidade discriminada pelos sistemas isoenzimáticos empregados, para o grupo de progênies dos cajueiros introduzidos da Venezuela, não guarda nenhuma associação com a discriminação feita com o emprego de 30 caracteres botânico-agronômicos. Nesta, este grupo de acessos apareceu fortemente associado aos cajueiros oriundos do Estado de São Paulo e aos oriundos da Índia e bastante diferenciado dos cajueiros do tipo anão precoce e os comuns oriundos do Estado do Ceará.

Também contrastante com a discriminação com base nos descritores morfométricos foi o agrupamento conjunto, para ambos os sistemas enzimáticos, das progênies dos acessos 38 e 65, os de maior distância na avaliação com o emprego destes descritores.

Sobre a discordância entre o padrão de variação para caracteres morfométricos e isoenzimáticos, HAMRICK (1989), afirmou que, apesar de ainda não estar bem clara a questão sobre o relacionamento entre os padrões de variação aloenzimática e os padrões de variação genética associados a outros caracteres, os resultados disponíveis não são elucidativos, uma vez que indicam associação positiva, em alguns casos, enquanto noutros inexistente associação entre a variação dos locos enzimáticos com os caracteres morfométricos geneticamente controlados.

MILLAR (1986), revisando a questão, relatou que em muitas coníferas a variação para caracteres morfológicos e fisiológicos é bem mais pronunciada do que para os caracteres isoenzimáticos avaliados, tendo verificado, numa variedade de pinus diferenças para os padrões da variação isoenzimática, sobrevivência e crescimento, morfologia do cone, anatomia do canal resinífero, composição de monoterpenos e relações entre cruzamento e reprodução, tendo concluído que discordâncias podem ocorrer mesmo em caracteres dentro de quaisquer destas categorias o que, se é um pesadelo para taxonomistas e conservacionistas, está, porém, in

teiramente de acordo com as regras da evolução.

FRICE et alii (1984) também já haviam observado a não associação entre a variação com base em caracteres quantitativos e os polimorfismos isoenzimáticos numa espécie alógama (*Clarkia williamsonii*), em contraste com três espécies autógamas (*Avena barbata*, *Hordeum jubatum* e *Hordeum vulgare*), nas quais houve forte associação entre os dois grupos de caracteres, concordando inclusive com HAMRICK e ALLARD (1975), que também encontraram esta associação em *A. barbata*, levando-os a concluir que os marcadores enzimáticos podem ser importantes na identificação de características desejáveis em plantas predominantemente autógamas.

NEVO et alii (1979) já haviam considerado a pouca correlação entre a variação aloenzimática e a variação morfométrica como decorrência dos padrões evolutivos sob domesticação serem diferentes em razão de, se é possível a seleção intencional para os caracteres botânico-agronômicos, o mesmo não ocorre com as enzimas adaptativas.

O conhecimento do sistema de reprodução, bem como dos níveis de variabilidade associados com a origem dos genótipos, é da maior importância para as estratégias a serem adotadas na caracterização, uso e novas introduções de acessos em coleções de germoplasma, especialmente em espécies com as características do cajueiro, perene e com grande diversidade dentro e entre populações.



A variabilidade fenotípica observada neste estudo, não só para os caracteres morfológicos, como também para os isoenzimáticos não reflete, obviamente, toda a variabilidade existente nos acessos avaliados. Mesmo assim, o nível da diversidade observada permitiu, além da separação das duas espécies pelos caracteres isoenzimáticos, a identificação do cajueiro do tipo anão precoce como um provável ecotipo da espécie *Anacardium occidentale* L. associado à origem. E, não obstante a não correspondência entre a discriminação da variabilidade pelos dois grupos de caracteres, também pelos descritores botânico-agronômicos o cajueiro do tipo anão precoce apresentou-se como uma forma da espécie, uma vez que as suas características são reprodutíveis.

## 5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos e discutidos neste trabalho permitem as seguintes conclusões:

1. O grau de variabilidade entre os acessos avaliados e a grande diferença apresentada entre os grupos de origem, para os caracteres botânico-agronômicos empregados, parecem ter relação com as características do ambiente onde cada genótipo foi coletado.

2. A pouca variabilidade apresentada pelos cajueiros introduzidos do Estado de São Paulo, Índia e Venezuela, comparada com aquela presente nos cajueiros coletados no Estado do Ceará, reforçam a hipótese de ser o Nordeste brasileiro um centro de diversidade da espécie *Anacardium occidentale* L..

3. A manutenção da divergência entre acessos de origens diferentes, cultivados num mesmo ambiente, no BAG-Caju, especialmente naqueles propagados vegetativamente, indica que a variabilidade observada para os caracteres morfométricos avaliados é mais de natureza genética.

4. O cajueiro anão precoce constitui uma forma ou ecotipo da espécie *Anacardium occidentale* L. e apresenta variabilidade suficiente para a formação de pares de divergência entre genótipos do mesmo tipo.

5. É possível uma estimativa da variabilidade em bancos de germoplasma com as características do BAG Caju do CNPCa/EMBRAPA pela análise de componentes principais, conjunta com o emprego da distância Euclidiana e agrupamen

to pelo método de Tocher. Estas técnicas multivariadas, quando empregadas na avaliação de grande número de caracteres morfométricos, constitui-se em importante auxílio na caracterização de genótipos em bancos de germoplasma;

6. A qualidade da resolução e os padrões de bandas obtidas para os sistemas PER e GOT criam perspectivas de sucesso na utilização de marcadores isoenzimáticos em estudos de caracterização e identificação de genótipos de cajueiro e outras espécies do gênero *Anacardium*.

7. A variabilidade enzimática presente nos descendentes dos acessos não corresponde inteiramente àquela discriminada diretamente nos acessos através de descritores botânico-agronômicos.

8. A discriminação do cajueiro do tipo anão precoce pelo sistema PER reforça a hipótese sobre a relação que guarda com o cajueiro do tipo comum, constituindo-se num ecotipo ou numa forma da espécie *Anacardium occidentale* L. .

9. A discriminação das progênes dos cajueiros oriundos da Venezuela pelo do sistema GOT indica a possibilidade destes acessos constituírem um ecotipo associado com a origem, não identificado por meio dos descritores botânico-agronômicos empregados.

10. A divergência existente entre as espécies *Anacardium occidentale* L. e *Anacardium microcarpum* Ducke, detectada pelos sistemas PER e GOT, reforçam a validade do emprego de marcadores isoenzimáticos na identificação e caracterização de acessos em bancos de germoplasma.

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

- ADAMS, W.T. Application of isozymes in tree breeding. In: TANKSLEY, S.D. & ORTON, T.J. *Isozymes in plants genetics and breeding* : Part A. Amsterdam, Elsevier Science Publishers, 1983. p. 381-400.
- AKORODA, M.O. Principal components analysis and metroglyph variation among Nigerian yellow yams. *Euphytica*, Wageningen, 33(2): 365-74, 1983.
- ALMARAJ, S.F.A. Genetic divergence in *Gossypium barbadense* L. *Genética Agrária*, Roma, 36(1): 23-30, 1982.
- ARGLES, G.K. *Anarcadium occidentale*. Cashew. In: ~~The~~ *propagation of tropical trees*. Farnham Royal, CAB, 1976. p. 182-222. (Horticultural Review, 4).
- ARULSEKAR, S. & BRINGHURST, R.S. Strawberry. In: TANKSLEY, S.D. e ORTON, T.J. *Isozymes in Plant Genetics and Breeding*. Part B. Amsterdam. Elsevier Science Publishers, 1983. p. 391-400.
- ARULSEKAR, S.; BRINGHURST, R.S.; VOTH, V. Inheritance of PGI and LAF isozymes in octoploid cultivated strawberries. *Journal American Society Horticultural Science*, Geneva, 106(5):679-83, 1981.

- ARULSEKAR, S.; McGRANAHAN, G.H.; PARFITT, D.E. Inheritance of phosphoglucomutase and esterase isozyme in Persian Walnut. *The Journal of Heredity*, Washington, 77(3):220-1, 1986a.
- ARULSEKAR, S.; PARFITT, D.E.; KESTER, D.E. Comparison of isozyme variability in peach and almond cultivars. *The Journal of Heredity*, Washington, 77(4):272-4, 1986b.
- ARUNACHALAN, V. Genetic distance in plant breeding. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 41(2):226-36, 1981.
- ARUNACHALAM, V. & BANDYOPADHYAY, A. Limits to genetic divergence for occurrence of heterosis - experimental evidence from crop plants. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 44(3): 548-54, 1984.
- ARUNACHALAM, V.; BANDYOPADHYAY, A.; NIGAM, S.M.; GIBBONS, R.W. Heterosis in relation to genetic divergence and specific combining ability in groundnut (*Arachis hypogaea* L.) *Euphytica*, Wageningen. 33:(1) 33-9, 1984.
- ASTHANA, A.N. & PANDEY, V.K. Genetic divergence in linseed. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 40(1):247-50, 1980.
- BARROS, L.M. *Origem, Dispersão e Perspectivas de Melhoramento do cajueiro (Anacardium occidentale L.)* Piracicaba. ESALQ, Departamento de Genética, 1987. 36 p.
- BARROS, L.M. Aspectos Técnicos do Plantio e Condução do Cajueiral. In: Lima, V.P.M.S. *A Cultura do cajueiro no*

- nordeste do Brasil*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil /ETENE, 1988a. p. 159-93, (Estudos Econômicos e Sociais, 35).
- BARROS, L.M. Biologia Floral, Colheita e Rendimento. In: LIMA, V.P.M.S. *A Cultura do Cajueiro no Nordeste do Brasil*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil/ETENE, 1988b. p. 301-19 (Estudos Econômicos e Sociais, 35).
- BARROS, L.M. Melhoramento. In: LIMA, V.P.M.S. *A Cultura do Cajueiro no Nordeste do Brasil*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil/ETENE, 1988 c. p 321-55 (Estudos Econômicos e Sociais, 35).
- BARROS, L.M.; ALMEIDA, J.I.L.A; ARAUJO,L.M. O cajueiro anão uma alternativa para pequeno e médio produtores.Fortaleza Banco do Nordeste do Brasil, 1986. p. 214-6. (Trabalho apresentado no Seminário de Tecnologias Agropecuárias Inovadoras Para o Nordeste. ANAIS).
- BARROS, L.M.; ARAUJO, F.E.; ALMEIDA, J.I.L.; TEIXEIRA, L.M.S. *A Cultura do Cajueiro Anão*. Fortaleza, Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará, 1984. 67 p. (EPACE, Documento, 3).
- BARROS, L.M. & MELO, Q.M.S. Alguns aspectos sobre a Cultura do Caju (*Anacardium occidentale* L.) *Revista Brasileira de Fruticultura*, Cruz das Almas, 9:29-38, 1987.
- BASFORD, K.E.; KROONENBERG, P.M.; DeLACY, I.H.; LAWRENCE,F.K. Multiattribute evaluation of regional cotton variety trials. *Theoretical and Applied Genetics*,Berlin, 79:225-

34. 1990

- BONNER, J.W.; WARNER, R.M.; BREWBAKER, J.L. A cheosystematic study of *Musa* cultivars. *HortScience*, St.Joseph, **9**(4): 324-30. 1974.
- BREETTING, P.K.; GOODMMAN, M.M. STUBER. C.W. Kariological and isozyme variation in west Indian and allie American mainland races of maize. *American Journal of Botany*, New York, **74**(11): 1601-13, 1987.
- BREWBAKER, J.L.; UPADHYA, M.D.; MAKINEN, Y.; MACDONAL, D.T. Isoenzyme polimorphism in flowering plants III gel electrophoretic metnods and applications. *Physiologia Plantarum*, Kobenharn, **21**: 939-40, 1968.
- BRINGHURST, R.S.; ARULSEKAR, S.; HANCOCK JR, J.F.; VOTH, V. Electrophoretic characterization of strawberry cultivars. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, **106**(5): 684-7, 1981.
- BROWN, A.H.D. & WEIR, B.S. Measuring genetic variability in plant populations. In: TANKSLEY, S.D. & ORTON, T.J. *Isozymes in plant genetics and breeding: Part A*. Amsterdam, Elsevier Science Publishers, 1983. p. 219-39.
- BUTTON, J.; VARDI, A.; SPIEGEL-ROY, P. Root peroxidase isoenzymes as an aid in citrus breeding and taxonomy. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, **47**(3): 119-23, 1976.
- BYRNE, D.H. Isozyme Variability in four diploids stone fruits compared with other woody perennial plants. *The*

- Journal of Heredity*, Washington, 81(1):68-71, 1990.
- BYRNE, D.H. & LITTLETON, G. Electrophoretic characterization of diploid plant of the Southeastern United States. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, 113(6): 918-24, 1988.
- BYRNE, D.H. & LITTLETON, G. Characterization of isozyme variability in apricots. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, 114(4): 674-8, 1989.
- CARADUS, J.R.; MACKAY, D.R.; FIELD, D.R.W.; BOSCH, J.V.D.; WEWALAS, S. Classification of a world collection of white clovers cultivars. *Euphytica*, Wageningen, 42(2): 183-96, 1989.
- CARTER, G.E. & BROCK, M.M. Identification of peach cultivars through protein analysis. *HortScience*, St. Joseph, 15(3):292-3, 1980.
- CHAUHAN, V.S. & SING, B.B. Heterosis and genetics variability in relation to genetic divergence in soybean. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 42(3): 324-8, 1982.
- CHAWLA, B.K. & SINGH, P. Genetic divergence in linseed. *Indian Journal of Agricultural Science*, New Delhi, 54(4): 266-68, 1984.
- CHEVALLIER, M.H. & DATTEE, Y. Variabilité enzymatique chez maïs. *Journal Canadien de Génétique et de Cytologie*, Ottawa, 26(2): 214-28, 1984.
- CHYI, Y.S. & WEEDEN, N.F. Relative isozyme band intensities



- permit the identification of the 2n gamete parent of triploid apple cultivars. *Hortscience*, St. Joseph, 19(6): 818-9, 1984.
- COPELAND, H.F. Observations on the reproductive structures of *Anacardium occidentale* L. *Phytomorphology*, New Delhi, 11(4): 315-24, 1961.
- COWEN, N.M. & FREY, K.J. Relationships between three measures of genetic distance and breeding behavior in oats (*Avena sativa* L.). *Genome*, Ottawa, 29(1): 97-106, 1987.
- CRUZ, C.D. *Algumas técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas*. Piracicaba, ESALQ - Departamento de Genética, 1987. 75 p.
- CRUZ, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, 1990. 188 p. (Doutorado, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz").
- CURI, F.R. Análise de agrupamento: métodos seqüenciais adlomerativos e hierárquicos. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 35(10): 1416-29, 1983.
- DAMODARAN, V.K. Hybrid vigor in cashew (*Anacardium occidentale* L.). *Agricultural Research Journal of Kerala*. 4: 78-84, 1976.
- DAMODARAN, V.K.; VILASACHAN, Y.; VALSALAKUMAR, P.L. Research in Casnew India. *Technical Bulletin of Kerala Agricultural University*. 1979. p.10-35.

- DARLINGTON, C.D. *Chromosome atlas of cultivated plants*. London, 1945. 397 p.
- DAS, G.R. & BORTHAKUR, D.N. Genetic divergence in rice. *Indian Journal Genetics and Plant Breeding*. New Delhi. 33(3): 436-43, 1973.
- DAS, P.K. & GUPTA, T.D. Multivariate analysis in black gram (*Vigna mungo* (L.) Hepper). *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*. New Delhi, 44(2): 243-7, 1984.
- DECKER, D.S. Numerical analysis of allozyme variation in *Cucurbita pepo*. *Economic Botany*, New York, 39(3): 300-9, 1985.
- DEWALD, M.G.; GLORIA, A.M.; SHERMAN, W.B. Identification of pineapple cultivars by isozyme genotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, 113(6): 135-8, 1988.
- EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - Centro Nacional de Pesquisa de Caju. *Relatório Técnico Anual do Centro de Pesquisa de Caju*. 1988/1989. Fortaleza, 1990. 88 p.
- ESEN, A. & SCORA, R.W. Amylase polymorphism in *Citrus* and some related genera. *American Journal of Botany*, New York, 64(3): 305-9, 1977.
- ESEN, A. & SODST, R.K. Peroxidase polymorphism *Citrus*. *The Journal of Heredity*. Washington, 67(4): 199-203, 1976.
- FALUYI, M.A. The natural breeding system of cashew (*Anacardium occidentale* L.) and its influence on yield in

- southwestern Nigeria. *Nigeria Journal Science*, Ibadan, 17(1): 51-60, 1983.
- GARCIA, M.L. *Estude taxonomique du genre Ananas. Utilization de la variabilite enzymatique*. Languedoc, 1988. 157 p. (Doutorado - Universite des Sciences et Thechniques du Languedoc).
- GARCIA, A. & TSUNEWAKI, K. Cytogenetical studies in genus *Persea* (Lauraceae) III. Electrophoretical studies on peroxidase isozymes. *Japanese Journal of Genetics*, Mishima, 52(5): 379-86, 1977.
- GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. *Crop Science*, Madison, 24(1): 37-42, 1984.
- GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; SAETTLER, A.W. Environmental response patterns in comercial classes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical applied Genetics*, Berlin, 63(1): 17-22, 1982.
- GODOI, C.R.M. *Análise estatística multidimensional*. Piracicaba, FEALQ, 1985, 187 p.
- GOLDER, R.A. & YEOMANS, K.A. The use of cluster analysis for stratification. *Applied Statistics*, London, 22(2): 213-19, 1973.
- GOODMAN, M.M. Distance analysis in biology. *Systematic Zoology*, Washington, 21(2): 174-86, 1972.
- GOODMAN, M.M. & STUBER, C.W. VI Isozyme variation among

- racess of maize in Bolivia. *Maydica*, Roma, 28(2): 169-87, 1983.
- GOTTLIEB, L.D. Gel electrophoresis: new approach to the study of evolution. *Bioscience*, Washington, 21(18): 939-44, 1971.
- GOTTLIEB, L.D. Electrophoretic evidence and plant systematic. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, Saint Louis, 64(2): 161-80, 1977.
- GOTTLIEB, L.D. Conservation and duplication of isozyme in plants. *Science*, Washington, 216: 373-9, 1982.
- GUMBER, R.K.; SOHOO, M.S.; BHARDWAS, B.L.; GARG, H.R. Genetic divergence in persian clover (*Trifolium resupinatum* L.). *Genética Agrária*, Roma, 41(2): 179-86, 1987.
- GUPTA, M.F. & SING, R.B. Genetic divergence for yield and its components in green gram. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*. New Delhi, 30(1): 212-21, 1970.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468 p.
- HAMIL, D.E. & BREWBAKER, J.L. Isoenzyme polymorphysm in flowering plants; IV The peroxidase isoenzymes of maize (*Zea mays*). *Physiologia Plantarum*, Kobenharn, 22: 945-58, 1969.
- HAMRICK, J. L. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations. In: SOLTIS, D.E. &

- SOLTIS, P.S. *Isozymes in plant biology*. Portland, Dioscorides Press, 1989. p. 87-105.
- HAMRICK, J.L. & GODT, J.W. Allozyme diversity in plant species In: SOLTIS, D.E. & SOLTIS, P.S. *Isozymes in Plant Biology*. Portland, Dioscorides Press, 1989. p. 43-63.
- HARLAN, J.R. & WET, J.M.J. On the quality of evidence for origin and dispersal of cultivated plants. *Current Anthropology*, 14(1/2): 51-5, 1973.
- HARRIS, H. Applications of monoclonal antibodies in enzyme genetics. *Annual Review of Genetics*, Palo Alto, 17: 279-314, 1983.
- HERBERT, Y. & VINCOURT, P. Mesures de la divergence génétique 2. Distances calculées sur des critères biométriques. In: *LES DISTANCE GÉNÉTIQUES; estimations et applications*. Institute National de la Recherche Agronomique, Paris, 1985. p. 23-37.
- HILLIG, K.W. & IEZZONI, F. Multivariate analysis of a sour cherry germoplasm collection. *Journal American Society for Horticultural Science*, Geneva, 113(6): 928-34, 1988.
- HUANG, F.H.; TSAI, S.; ROM, R.C. An electrophoresis method for water-soluble protein of *Prunus*. *Hortscience*, St. Joseph, 19(2): 242-3, 1984.
- HUBBY, J.L. & LEWONTIN, R.C. A molecular approach to the study of genetic heterozygosity in natural populations. I the number of alleles at different loci in *Drosophila pseudoobscura*. *Genetics*, Princeton, 54(2): 577-94, 1966.

- HUNTER, R.L. & MARKET, C.L. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis in starch gels. *Science*, Washington, 1294-5, 1957.
- HUSSAINI, S.H.; GOODMAN, M.M.; TIMOTHY, D.H. Multivariate analysis and the geografic distribution of the world collection of finger millet. *Crop Science*, Madison, 17(2): 257-63, 1977.
- IGLESIAS, L.; LIMA, H.; SIMON, J.F. Isoenzyme identification of zygotic and nucellar seedlings in *Citrus*. *The Journal of Heredity*, Washington, 65(2): 81-4, 1974.
- JACQUARD, A. *The Genetic structure of populations*. New York, Sunger-Verlag, 1974. 569 p.
- JAIN, A.K.; DHAGAT, N.K.; TIWARI, A.S. Genetic divergence in finger millet. *Indian Journal Genetics and Plant Breeding*, New Delhi, 41(3): 346-8, 1981.
- JAIN, K.C.; PANDYA, B.P.; PANDEY, K. Genetic divergence in chickpea. *Indian Journal Genetic & Plant Breeding*, New Delhi, 41(2): 346-8, 1981.
- JARADAT, A.A. Diversity within and betwen populations of two sympatrically distributed *Hordeum* species in Jordan. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 78(5): 653-6, 1989.
- JARRET, R.L. & LITZ, R.E. Isozymes as genetic markers in bananas and plantains. *Euphytica*, Wageningen, 35(2): 539-49, 1986 a.

- JARRET, R.L. & LITZ, R.E. Enzyme polymorphism in *Musa acuminata* Colla. *The Journal of Heredity*, Washington, 77(3): 183-8, 1986 b.
- JESWANI, L.M.; MURTY, B.R.; MEHRA, R.B. Divergence in relation to geographical origins in a world collection of linseed. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi. 30(1): 11-35, 1970.
- JINDAL, S.K. Genetic divergence in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) walp.) under rainfed conditions. *Genetica Agraria*, Roma, 39(1): 19-29, 1985.
- JOHNSON, D.V. O cajá do Nordeste do Brasil. Um Estudo Geográfico. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil/ETENE, 1974. 169 p.
- JOHNSON, D.V. The botany origin and spread of the cashew (*Anacardium occidentale* L.). *Journal of Plantation Crops*, Kasaragod, 1(1): 1-7, 1973.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis; II. Real data. *Applied Statistics*, London. 22(1): 21-31, 1973.
- JOSEPH, K.T. The Cashew flower. *Indian Cashew Journal*, Cochin. 12(2): 7-8, 1979.
- KALOO, J.D. & SIDHU, A.S. Genetic divergence in muskmelon (*Cucumis melo* L.). *Genetica Agraria*, Roma. 36(1): 1-7, 1982.
- KANWAL, K.S.; SINGH, R.M.; SINGH, J.; SINGH, R.B. Divergent gene pools in rice improvement. *Theoretical and Applied*

- Genetics*, Berlin, 65(3): 263-7, 1983.
- KATIYAR, R.P. & SINGH, S.P. Genetic divergence in chickpea. *Indian Journal Genetics e Plant Breeding*, New Delhi, 39(3): 354-8, 1979.
- KEPHART, S.R. Starch gel electrophoresis of plant isozymes. A comparative analysis of techniques. *American Journal of Botany*, New York, 77(5): 693-712, 1990.
- KHOSLA, P.K.; SAREEN, T.S. & MEHRA, P.N. Cytological studies on hymalaian *Anacardiaceae*. *The Nucleous*, New Delhi, 4(3): 205-9, 1973.
- KIANG, Y.T. & CHIANG, Y.C. Comparing differentiaton of wild soybean (*Glycine soja* Seb & Zucc.) populations based on isozymes and quantitative traits. *Botanical Bulletin of Academia Sinica*, Taipei, 31(2): 129-42, 1990.
- KNERR, L.D.; STAUB, J.E.; HOLDER, D.J.; MAY, B.F. Genetic diversity in *Cucumis sativus* L. assessed by variation at 18 allozyme coding loci. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 78(1): 119-28, 1989.
- LEFORT-BUSON, M. Mesures de la divergence génétique 1. Identité: parenté et consanguinité: In: *LES DISTANCES GÉNÉTIQUES: estimations e aplications*. Institute National de la Recherche Agronomique, Paris, 1985 a. p. 13-21.
- LEFORT-BUSON, M. Distance génétique et hétérosis 1. Mise en évidence d'une relation entre hétérosis et divergence génétique. In: *LES DISTANCES GÉNÉTIQUES: estimations e aplications*. Institute National de la Recherche



- Agronomique, Paris, 1985 b. p. 109-118.
- LEFORT-BUSON, M. Distance génétique et hétérosis 2. Aspects Théoriques. In: *LES DISTANCES GÉNÉTIQUES: estimations e applications*. Institute National de la Recherche Agronomique, Paris, 1985 c. p. 119-130.
- LEFORT-BUSON, M.; DATTEE, Y.; GUILLOT-LEMOINE, B. Heterosis and genetic distance in Rapeseed (*Brassica napus* L.): use of kinship coefficient. *Genome*, Ottawa, 29(1): 11-8, 1987.
- LIMA, V.P.M.S. Origem e distribuição geográfica. In: LIMA, V.P.M.S. *A cultura do Cajueiro no Nordeste do Brasil*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil/ETENE, 1988 a. p. 1-13.(Estudos Econômicos e Sociais, 35).
- LIMA, V.P.M.S. Botânica. In: LIMA, V.P.M.S. *A cultura do Cajueiro no Nordeste do Brasil*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil/ETENE, 1988 b. p. 15-61.(Estudos Econômicos e Sociais, 35).
- LOPES NETO, A. *A agroindústria do caju na Nordeste do Brasil e em outros países grandes produtores*. Fortaleza, Banco do Nordeste do Brasil, 1981. 472 p.
- LOUKAS, M. & PONTIKIS, C.A. Pollen isozyme polymorphism in type of *Pistacia vera* and related species as an aid in taxonomy. *Journal of Horticultural Science*, London. 52(2): 95-102, 1979.
- LOUKAS, M.; STAVRAKAKIS, M.N. & KRIMBAS, C.B. Inheritance of polymorphic isoenzymes grape cultivars. *The Journal of*

- Heredity*, Washington, 74(3): 181-3, 1983.
- MACHADO, O. Estudos novos sobre uma planta velha - o cajueiro (*Anacardium occidentale* L.). *Rodriguesia*, Rio de Janeiro, 8: 19-48, 1944.
- MALUF, W.R. & FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). *Horticultura Brasileira*, Brasília, 1(1): 31-4, 1983.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. & MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F<sub>1</sub> hybrids. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 6(3): 453-60, 1983.
- MANLY, B.F.J.P. *Multivariate statistical methods A PRIMER*. London, Chapman and Hall, 1986. 159 p.
- MARCON, G. *Estrutura genética de populações de Stylosanthes humilis* H.B.K. (Leguminosae) de três regiões ecogeográficas do estado de Pernambuco. Piracicaba, 1987. 179 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz").
- MARDIA, K.V.; KENT, J.I.; BIBBY, J.M. *Multivariate Analysis*. London, Academic Press, 1979. 521 p.
- MARKET, C.L. & MOLLER, F. Multiple forms of enzymes: tissue, autogene and species specific patterns. *Proceedings of the National Academy of Science*, Washington, 45(5): 753-63, 1959.
- MARSHALL, D.R. & BROWN, A.H.D. The charge-state model of protein polymorphism in natural populations. *Journal of*

- Molecular Evolution*. New York, 6(3): 149-63, 1975.
- MARTINEZ, O.J.; GOODMAN, M.M.; TIMOTHY, D.H. Measuring racial differentiation in maize using multivariate distance measure standardized by variation in F<sub>2</sub> populations. *Crop Science*, Madison, 23(4): 775-81, 1983.
- MENENDEZ, R.A.; LARSEN, F.E.; FRITT JR, R. Identification of apple cultivars by isozyme analysis. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, 111(6): 933-7, 1986.
- MILLAR, C. I. The californian closed cone pines (subsection *Oocarpae* little and critchfield): a taxonomic history and review. *Taxon*, Bekerley, 35 (4): 647-56. 1986.
- MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D. & PEREIRA, A.S. Análise de trilha e divergência genética de cultivares e clones de batata doce. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 11(4): 881-92, 1988 b.
- MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D. & COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum*) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 11(40): 929-37, 1988 b.
- MITCHELL, J.D. & MORI, S.A. The cashew and its relatives (*Anacardium: Anacardiaceae*). *Memoirs of the New York Botanical Garden*, New York, 42(1). 1-76, 1987.
- MOHAN, K.V.J.; BHAGAVAN, S.; KUMARAN, P.M. Classification of cashew (*Anacardium occidentale* L.) acessions in

- germoplasm using score method. *Turrialba*, Turrialba, 37(4): 369-73, 1987.
- MOLL, R.H.; LONNQUIST, ST.; FORTUNO, J.V.; JOHNSON, E.C.  
The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. *Genetics*, Princeton, 52: 139-44. 1965.
- MOLL, R. W.; SALHUANA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Science*, Madison, 2: 197-9. 1962.
- MOORE, G.A. & CASTLE, W.S. Morphological and isozymic analysis of open-pollinated citrus rootstock populations. *The Journal of Heredity*, Washington, 76(1): 59-63, 1988.
- MORTON, J.F. The cashew's brighter future. *Economic Botany*, New York, 15(1): 57-78, 1961.
- MOTA, M. O. *Cajueiro Nordestino*. 3a. ed. Recife, Fundação de Cultura Cidade do Recife, 1982. 183 p. (Coleção Recife, 29).
- MURTY, B.R. & ARUNACHALAM, V. The nature of genetic divergence in relation to breeding system in crop plants. *Indian Journal Genetic & Plant Breeding*, New Delhi, 26: 188-98. 1966.
- NEGRILLO, B.G. & PERRE, M.A. Métodos multivariados e aplicações. Londrina, UEL, 1987. 91 p. (Trabalho apresentado no 2º Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica, 32º Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria.

- Londrina. 1987).
- NEVO, E.; ZOHARY, D.; BROWN, A.H.D.; HABER, M. Genetic diversity and environmental associations of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in Israel. *Evolution*, 33:815-33, 1979.
- OHLER, J.G. *Cashew*. Amsterdam, Department of Agricultural Research, 1979. 260 p.
- OKAMOTO, M. Optimality of principal components. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON MULTIVARIATE ANALYSIS, 2. Dayton 1968. *Multivariate analysis - II. Proceedings*, edited by P.R. Krishnaiah, New York Academic Press, 1969. p.673-85.
- OLIVEIRA, E.J. Análise Multivariada no Estudo da Divergência Genética entre Cultivares de Feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Viçosa, U.F.V., 1989. 91 p. (Mestrado Universidade Federal de Viçosa, MG).
- PARENTE, J.I.G.; PESSOA, P.F.A.P.; NAMEKATA, Y. *Diretrizes para recuperação da cajucultura do Nordeste*. Fortaleza, Centro Nacional de Pesquisa de Caju/EMBRAPA, 1981. 38p. (EMBRAPA/CNPCa, Documentos, 04).
- PARFITT, D.E.; ARULSEKAR, S.; RAMMING, D.W. Identification of plum x peach hybrids by isoenzyme analysis. *Hortscience*, St. Joseph, 20(2). 246-8, 1986.
- PERCY, R.G. & WENDEL, J.F. Allozyme evidence for the origin and diversification of *Gossypium barbadense* L. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 79(4): 529-42, 1990.

- PEREIRA, A.V. Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta Crantz*). Piracicaba, 1989. 180 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (USP)).
- PETER, K.V. & RAI, B. Genetic divergence in tomato. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **36(3)**: 379-83, 1978.
- PETERS, J.P. & MARTINELLI, J.A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collections. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, **78(1)**: 42-8, 1989.
- PETERS, J.P.; WILKS, H.G.; SALWEY, N.W. The use of ecogeographical data in the exploitation of variation from gene banks. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, **80(1)**: 110-12, 1990.
- PIERCE, L.C. & BREWBAKER, J.L. Applications of isoenzyme analysis in horticultural science. *Hortscience*, St. Joseph, **8(1)**: 17-22, 1973.
- PRAKASH, S.; LEWONTIN, R.C.; HUBBY, J.L. A molecular approach to the study of genetic heterozygosity in natural populations. IV Patterns of genic variation in central, marginal e isolated populations of *Drosophila pseudoobscura*. *Genetics*, Princenton, **61(4)**: 841-58, 1969.
- PRICE, S. C., SHUMAKER, K. M., KAHLER, A. L., ALLAERD, R.W. HILL, J. E. Estimates of population differentiation obtained from enzyme polymorphisms and quantitative

characters. *The Journal of Heredity*, Washington, 75: 141-2.1984.

✓PURSEGLOVE, J.W. *Tropical crops dycotiledons*. London, Longman, 1974. p. 18-29.

RAJORA, D.P. Characterization of 43 *Populus nigra* L. clones representing seletions, cultivars and botanical varieties based on their multilocus allozyme genotypes. *Euphytica*, Wageningen, 43(3): 197-206, 1989 a.

RAJORA, D.P. Identification of some *Populus deltoides* Marsh x *P. nigra* L. clones developed in North American, with the aid of allozymes. *Euphytica*, Wageningen, 43(3): 207-14, 1989 b.

RAM, J. & PANWAR, D.V.S. Intraspecific divergence in rice. *Indian Journal Genetics & Plants Breeding*, New Delhi, 30(1): 1-10, 1970.

RAMANUJAM, S.; TIWARI, A.S.; MEHRA, R.S. Genetic divergence and hybrid performance in mung bean. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 45(5): 211-14, 1974.

RAO, A.V. *Advanced statistical methods in biometrics research*. New York, John Wiley and Sons, 1952. 390 p.

RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHMA, T.; SESHU, D.V.; SRINIVASAN, T.E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 43(2): 179-185, 1981.

RAO, C.P.; RAHMAN, M.A.; REDDY, J.R. Genetic divergence

- analysis in sugarcane. *Genetica Agraria*. Roma. 39(3): 237-48. 1985.
- RAD, V.N.M. & HASSAN, M.V. Preliminary studies on the floral biology of cashew (*Anacardium occidentale* L.). *Indian Journal Agricultural Science*, New Delhi, 27(3): 277-88, 1957.
- RATHO, S.N. Genetic divergence in scented varieties of rice. *Indian Journal Agricultural Science*, New Delhi, 54(9): 699-701, 1984.
- RAVEENDRAN, T.S. & APPADURAI, R. Genetic divergence and heterosis in pearl millet. *Indian Journal Agricultural Science*, New Delhi. 54(10): 888-93, 1984.
- RISI, C.J. & GALWEY, N.W. The pattern of genetic diversity in the Andean grain crop quinoa (*Chenopodium quinoa* willd). II. Multivariate methods. *Euphytica*, Wageningen, 41(2): 135-45, 1989.
- SCANDALIOS, J.G. Genetic control of multiple molecular forms of enzymes in plants: a review. *Biochemical Genetics*, 3(1): 37-79, 1969.
- SEDIYAMA, C.S.; SEDIYAMA, T.; SAKIYAMA, N.S. Seleção de caracteres fenotípicos para diferenciação de genótipo de soja, pela análise de componentes principais. *Revista Ceres*, Viçosa, 36(206): 330-5, 1989.
- SHAMSUDDIN, A.K.M. Genetic diversity in relation to heterosis and combining ability in spring wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 70(3): 306-08,



1985.

- SHANNON, L.M. Plant isoenzymes. *Annual Review of Plant Physiology*, Stanford, 19: 187-210, 1968.
- SHAW, C.R. Electrophoretic variations in enzymes. *Science*, Washington, 149(3687): 936-43, 1965.
- SHIELDS, C.R.; ORTON, T.J.; STUBER, C.W. An outline of general resource needs and procedures for the electrophoretic separation of active enzymes from plant tissue. In: TANKSLEY, S.D. & ORTON, T.J. *Isoenzymes in plant genetics and breeding*, Part A. Amsterdam, Elsevier. Science Publishers, 1983. p. 443-67.
- SIDHU A.S. & PANDITA, M.L. Genetic divergence for yield and its components in potato (*Solanum Tuberosum* L.) *Genetica Agraria*, Roma, 34(3-4): 235-44, 1980.
- SIMMONDS, N.W. Chromosome behavior in some tropical plants. *Heredity*, London, 8(11): 139-52, 1954.
- SINGH, A; JATASRA, D.S.; RAM, C; SINGH, R. & PANWAR, D.V.S. Studies on divergence in rice. *Genetica Agraria*, Roma, 34(1-2): 49-58, 1980.
- SINGH, A. & SINGH, H.N. Inheritance of quantitative characters in chilli. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 36(3): 420-30, 1976.
- SINGH, R.R. & GUPTA, M.P. Multivariate analysis of divergence in upland cotton. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 28(2): 151-7, 1968.
- SINGH, R.B. & GUPTA, P.K. Genetic divergence in pearl

- millet. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **39**(2): 210-5, 1979.
- SINGH, S.P. Clustering of genotypes for selection for heterosis in yield and response to environmental variations in mung bean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek): a proposed method. *Genome*, Ottawa, **30**(6): 835-7, 1987.
- SINGH, S.P. & RAMANUJAN, S. Genetic divergence and hybrid performance in *Cicer arietinum* L. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **41**(2): 268-76, 1981.
- SING, T.H. & GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **44**(3): 522-7. 1984.
- SINGH, V.P.; SWAMINATHAN, M.S.; MEHRA, R.B.; SIDDIQ, A. Divergence among dwarfs of cultivated rice. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **39**(2): 315-22, 1979.
- SINGH, Y.P.; KUMAR, A.; CHAUHAN, B.P.S. Genetic divergence in pearl millet. *Indian Journal Genetics and Plant Breeding*, New Delhi, **41**(2): 186-90, 1981.
- SKIEBE, K. & SELIGER, F. Isoenzymes and their importance for breeding autopolyploids. *Plant Breeding*, Berlin, **30**(2): 106-11, 1990.
- SMITH, J.C.S. Genetic variability within U.S. hybrid maize, multivariate analysis of isozyme data. *Crop Science*, Madison, **24**(6): 1041-5, 1984.
- SMITHIES, D. Zone electrophoresis in starch gel: group

- variations in the serum proteins of normal human adults. *Biochemical Journal*, Colchester, **61**: 629-41. 1955.
- SMITH, J.C.S.; GOODMAN, M.M.; STUBER, C.N. Genetic variability within maize germoplasm: II. Widely used inbred lines 1970 to 1979. *Crop Science*, Madison, **25**(5): 681-5, 1985.
- SOMAYAJULU, A.B.; JOSHI A.B.; MURTY, B.R. Genetic divergence in wheat. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, **30**(1): 47-58, 1970.
- SOOST, R.K. & WILLIAMS, T.E. Identification of nucellar and zygotic seedlings of *Citrus* with leaf isozymes. *Hortscience*, St. Joseph, **15**(6): 728-9, 1980.
- TORRES, A.M. Fruit trees. In: TANKSLEY, S.D. & ORTON, T.J. *Isozymes in plant genetics an breeding; Part A*. Amsterdam, Elsevier Science Publishers, 1983. p. 401-21.
- TORRES, A.M. & BERG, B.D. Fruit and leaf isozymes as genetic markers in avocado. *Journal American Society Horticultural Science*, Geneva, **105**(4): 614-9, 1980.
- TORRES, A.M.; DIEDENHOFEN, U.; BERGEH, B.D. & KNIGHT, R.J. Enzyme polymorphisms as genetic markers in avocado. *American Journal Botany*, New York, **64**(2): 134-9, 1978 a.
- TORRES, A.M.; SOOST R.K.; DIEDENHOFEN, U. Leaf isozymes as genetic markers in *Citrus*. *American Journal of Botany*, New York, **65**(8): 869-81, 1978 b.
- TORRES, A.M.; SOOST, R.K.; MAU-LASTOVICKA, T. Citrus isozymes. *The Journal of Heredity*, Washington, **73**(5):

335-9, 1982.

TORRES, A.M. & TISSERAT, B. Leaf isozyme as genetic markers in date palms. *American Journal of Botany*, New York, 67(2): 162-7, 1980.

TOSTAIN, S.; RIAANDEY, M.F.; MARCHAIS, L. Enzyme diversity in pearl millet (*Pennisetum glaucum*). *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 74(2): 188-93, 1987.

UPADHAYAY, M.K. & MURTY, B.R. Genetic divergence in relation to geographical distribution in pearl millet. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 30(3): 704-15, 1970.

VAIRAVAN, S.; SIDDIQ, E.A.; ARUNACHALAM, V. & SWAMINATHAN, M.S. A study on the nature of genetic divergence in rice from Assam and North East Himalayas. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 43(5): 213-21, 1973.

VARMA, N.S. & GULATI, S.C. Genetic divergence in 2 - rowed and 6 - rowed barley. *Indian Journal Genetics & Plant Breeding*, New Delhi, 42(2): 314-8, 1982.

VEERARAGHAVAN, P.G. & GEORGE. A study on the performance of seedling progenies in cashew (*Anacardium occidentale* L.). *Indian Cashew Journal*, Cochin, 14(1): 5-6, 1981.

VENTURIERI, G.A. Variabilidades de Plantas Jovens de Cupuaçu (*Theobroma grandiflorum* (Willdenowea Sprengel) Schuman) Estimada por Descritores Morfológicos e Enzimáticos e Sua Utilização e Caracterização de Germoplasma. Manaus, 1990. 98 p. (Mestrado - Instituto

Nacional de Pesquisa da Amazônia. Fundação Universidade do Amazonas).

VERONESI, F. & FALCINELLI, M. Evaluation of an Italian germoplasm collection of *Festuca arundinacea* Schreb. through a multivariate analysis. *Euphytica*, Wageningen, **38**(3): 211-20, 1988.

WEEDEN, N.F. Evolution of plant isozymes. In: TANKSLEY, S.D. & ORTON, T.J. *Isozymes in plant genetics and breeding*. Part A. Amsterdam, Elsevier Science Publishers, 1983. p. 175-205.

WEEDEN, N.F. & LAMB, R.C. Identification of apple cultivars by isoenzyme phenotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, **110**(4): 509-15, 1985.

WOLF, W.H. Identification of grape varieties by isozyme banding patterns *American Journal of Enology and Viticulture*, Davis, **27**(2): 68-73, 1976.

Tabela 1 - Número código do CNPCa/EMBRAPA, tipo, idade e procedência dos 69 acessos de cajueiros pertencentes ao BAG- Caju, avaliados para 30 descritores botânico-agronômicos em Pacajus-CE e dois sistemas isoenzimáticos na ESALQ/USP Piracicaba-SP, em 1990/1991.

Nº	Código	Tipo	G (1)	Idade (2) (anos)	Procedência
1	CP 06	A	(G1)	34	Maranguape-CE
2	CP 09	A	"	34	"
3	CP 10	A	"	34	"
4	CP 27	A	"	34	"
5	CP 66	A	"	21	Pacajus-CE
6	CP 71	A	"	21	"
7	CP 75	A	"	34	Maranguape-CE
8	CP 76	A	"	34	"
9	CP 13	A	"	21	Pacajus-CE
10	CP 1001	A	"	34	Maranguape-CE
11	CP 17	C	(G2)	34	Pacajus-CE
12	CP 100	C	"	33	"
13	CP 109	C	"	31	"
14	CP 104	C	"	31	"
15	CP 110	C	"	33	"
16	CP 111	C	"	33	"
17	CP 117	C	"	28	"
18	CP 118	C	"	28	"
19	CP 124	C	"	31	"
20	CP 126	C	"	28	"
21	CP 127	C	"	34	"
22	CP 180	C	"	34	"
23	CP 133	C	"	34	"
24	ULLAL 1	C	(G3)	17	Índia
25	ULLAL 2	C	"	17	"
26	ULLAL 3	C	"	17	"
27	ULLAL 4	C	"	17	"
28	ULLAL 5	C	"	17	Índia
29	ULLAL 6	C	"	17	"
30	ULLAL 7	C	"	17	"
31	ULLAL 8	C	"	17	"
32	ULLAL 9	C	"	17	"
33	VALINHOS 1	C	(G4)	17	Valinhos-SP
34	VALINHOS 2	C	"	17	"
35	VALINHOS 3	C	"	17	"
36	VALINHOS 4	C	"	17	"
37	VALINHOS 5	C	"	17	"

Tabela 1 - (continuação).

Nº	Código	Tipo (1)	G (2)	Idade (anos)	Procedência
38	VALINHOS 6	C	"	17	"
39	VALINHOS 7	C	"	17	"
40	VALINHOS 8	C	"	17	"
41	VALINHOS 9	C	"	17	"
42	VALINHOS10	C	"	17	"
43	VENEZUELA1	C	(G5)	17	Venezuela
44	VENEZUELA2	C	"	17	"
45	VENEZUELA3	C	"	17	"
46	VENEZUELA4	C	"	17	"
47	VENEZUELA5	C	"	17	"
48	VENEZUELA6	C	"	17	"
49	VENEZUELA7	C	"	17	"
50	VENEZUELA8	C	"	17	"
51	VENEZUELA9	C	"	17	"
52	VENEZUELA10	C	"	17	"
53	VENEZUELA11	C	"	17	"
54	CIONE 6	C	(G)	14	Aracoiaba-CE
55	CIONE 11	C	"	14	"
56	CIONE 12	C	"	14	"
57	CIONE 17	C	"	14	"
58	FAISA 2	C	"	14	Beberibe-CE
59	FAISA 17	C	"	14	"
60	FAISA 19	C	"	14	"
61	CAPESE 2	C	"	14	Russas-CE
62	CAPESE 7	C	"	14	"
63	CAPESE 13	C	"	14	"
64	CAPESE 19	C	"	14	Russas-CE
65	CAPESE 20	C	"	14	"
66	ARACATI 18	C	"	14	Aracati-CE
67	ARACATI 20	C	"	14	"
68	<i>A. microcarpum</i> <sup>3</sup>			19	Desconhecida
69	<i>Anacardium sp</i> <sup>3</sup>			12	Camocim-CE

<sup>1</sup> - C - cajueiro do tipo comum; A - cajueiro do tipo  
anão precoce

<sup>2</sup> - Grupos de origem dos acessos

G1 - cajueiros do tipo anão precoce, oriundos do  
Estado do Ceará e propagados por sementes;

G2 - cajueiros do tipo comum coletados no municí-  
pio de Pacajus-CE e propagados por sementes;

G3 - cajueiros do tipo comum oriundos da Índia e  
propagados por sementes;

G4 - cajueiros do tipo comum oriundos de Valinhos-  
SP e propagados por sementes;

Tabela 1 - (continuação).

Nº	Código	Tipo (1)	G (2)	Idade (anos)	Procedência
	G5				cajueiros do tipo comum oriundos da Venezuela e propagados por sementes;
	G6				cajueiros do tipo comum coletados no Estado do Ceará e propagados vegetativamente.
<sup>3</sup>					- Acessos incluídos no estudo isoenzimático



Tabela 2 - Média, desvio padrão e coeficiente de variação (C.V.%) estimados para 30 descritores botânico-agronômicos em 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju CNPCa/EMBRAPA, em Pacajus-CE.

Descritor	Desvio (C.V.)		
	Média	Padrão	%
Altura de planta (AP)	5,68	1,56	27,46
Envergadura média (EM)	9,25	2,67	28,86
Número de panículas/m <sup>2</sup> (NP)	16,28	8,32	51,10
Comprimento da panícula (CP)	19,49	2,36	12,10
Número de ramificações/panícula (NR)	9,24	0,97	10,49
N <sup>o</sup> flores masculinas/panícula (NFM)	76,67	43,28	56,44
N <sup>o</sup> flores hermafroditas/panícula (NFH)	7,48	4,95	66,2
N <sup>o</sup> de botões florais/panícula (NBF)	196,21	78,45	39,98
Duração do florescimento (DF)	2,60	1,10	42,30
N <sup>o</sup> total de flores/panícula (NTF)	84,10	43,55	51,78
Índice I <sub>1</sub> (I <sub>1</sub> )	14,32	10,90	76,11
Índice I <sub>2</sub> (I <sub>2</sub> )	16,64	23,54	141,46
Comprimento do pedúnculo (CPd)	6,05	1,11	18,34
Diâmetro basal do pedúnculo (CBPd)	4,97	0,53	10,66
Diâmetro apical do pedúnculo (DAPd)	3,55	0,45	12,67
Peso do pedúnculo (PPd)	87,06	29,56	33,95
Peso do fruto (PFr)	7,82	2,99	38,23
Comprimento do fruto (CFr)	3,22	0,45	13,97
Largura do fruto (LFr)	2,39	0,32	13,38
Espessura do fruto (EFr)	1,79	0,21	11,73
Peso da amendoa (PA)	2,83	0,83	29,32
Peso da película (PP)	0,20	0,08	40,00
Peso da casca do fruto (PCFr)	5,36	2,09	38,99
Superfície do caule (SC)	2,03	0,30	14,77
Cor da brotação (CB)	1,16	0,37	31,89
Cor do pedúnculo (ClPd)	2,45	1,48	60,44
Início do florescimento (IFl)	3,12	0,84	26,92
Final florescimento (FFl)	2,78	0,98	35,25
Início da frutificação (IFr)	3,34	0,77	23,05
Final da frutificação (FFr)	2,86	0,95	33,21

Tabela 3 Variância do componente (VC) e variância acumulada em relação à variação total (VA %), da análise de componentes principais para 30 descritores botânico-agronômicos de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados em Pacajus-CE no ano de 1990.

Componente	V.C.	V.A.%
1	8,50	28,33
2	4,88	44,61
3	3,75	57,09
4	1,95	63,59
5	1,69	69,21
6	1,42	73,93
7	1,33	78,36
8	1,01	81,74
9	0,97	84,97
10	0,78	87,57
11	0,72	89,97
12	0,50	91,62
13	0,44	93,10
14	0,37	94,33
15	0,30	95,34
* <sup>1</sup>	*	*

<sup>1</sup> A VC dos 15 últimos componentes variou de 0,0024 a 0,27, representando 4,66% da variação total.







Tabela 4 - Distâncias Euclidianas médias (continuação)

	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42
1	1.32	1.34	1.36	1.35	1.39	1.59	1.41	1.32	1.30	1.39
2	1.23	1.22	1.37	1.33	1.35	1.67	1.32	1.32	1.30	1.38
3	1.16	1.03	1.15	1.11	1.18	1.50	1.23	1.14	1.10	1.18
4	1.15	0.98	1.17	1.17	1.13	1.20	1.07	1.02	1.04	1.14
5	1.35	1.24	1.29	1.37	1.37	1.44	1.36	1.28	1.20	1.40
6	0.89	0.85	1.19	1.07	0.97	1.22	0.92	0.99	0.94	1.09
7	0.94	0.94	1.23	1.09	1.02	1.43	1.04	1.08	1.00	1.08
8	1.31	1.09	1.37	1.25	1.40	1.65	1.29	1.30	1.33	1.31
9	1.67	1.36	1.41	1.47	1.70	1.98	1.67	1.59	1.57	1.61
10	1.22	1.17	1.34	1.23	1.34	1.53	1.25	1.21	1.24	1.25
11	0.98	1.13	1.30	1.26	1.08	1.38	1.13	1.22	1.24	1.31
12	1.59	1.56	1.78	1.75	1.74	2.12	1.75	1.77	1.72	1.79
13	1.08	1.27	1.27	1.40	1.27	1.43	1.29	1.28	1.25	1.37
14	1.43	1.35	1.43	1.41	1.57	1.68	1.52	1.51	1.43	1.47
15	1.86	1.76	1.98	1.91	2.01	2.38	1.96	2.00	1.99	2.00
16	1.66	1.66	1.82	1.77	1.79	2.13	1.79	1.83	1.72	1.85
17	0.83	1.07	1.17	1.20	0.84	0.94	0.93	1.06	0.97	1.21
18	0.99	0.81	0.99	0.95	1.05	1.37	1.02	1.01	0.96	1.11
19	1.01	1.20	1.30	1.26	1.07	1.31	1.23	1.27	1.17	1.36
20	1.00	1.11	1.30	1.16	0.92	1.28	1.15	1.24	1.14	1.28
21	1.53	1.51	1.55	1.44	1.60	1.90	1.72	1.68	1.56	1.63
22	0.92	1.05	1.42	1.07	0.96	1.40	1.03	1.16	1.10	1.20
23	1.33	1.33	1.66	1.41	1.42	1.85	1.50	1.43	1.46	1.53
24	0.60	0.82	1.08	0.86	0.73	0.99	0.68	0.68	0.69	0.77
25	0.54	0.73	0.98	0.80	0.59	1.01	0.61	0.66	0.62	0.75
26	0.78	0.80	0.99	0.88	0.80	1.10	0.80	0.78	0.73	0.85
27	0.74	0.89	0.76	0.92	0.74	0.87	0.84	0.81	0.75	0.86
28	0.50	0.77	0.98	0.72	0.62	0.95	0.62	0.60	0.60	0.60
29	0.80	1.17	1.37	1.28	0.87	1.24	1.01	1.03	0.95	1.11
30	0.85	0.80	0.94	1.01	1.00	0.82	0.76	0.80	0.93	0.94
31	0.55	0.58	0.90	0.70	0.54	1.09	0.67	0.65	0.60	0.72
32	0.57	0.70	0.91	0.76	0.64	1.19	0.81	0.70	0.67	0.78

Tabela 4 - Distâncias Euclidianas médias (continuação)

	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53
1	1.43	1.51	1.57	1.51	1.44	1.51	1.41	1.44	1.42	1.46	1.48
2	1.27	1.31	1.19	1.41	1.48	1.28	1.39	1.32	1.47	1.41	1.63
3	1.19	1.27	1.36	1.29	1.25	1.37	1.19	1.10	1.11	1.25	1.33
4	1.25	1.26	1.38	1.43	1.19	1.19	1.44	1.16	1.18	1.17	1.23
5	1.36	1.41	1.48	1.42	1.38	1.48	1.25	1.16	1.28	1.36	1.46
6	1.02	1.07	1.11	1.19	1.21	1.29	1.11	1.01	1.09	0.99	1.16
7	0.87	0.87	0.81	0.98	1.24	1.11	1.05	0.89	0.97	0.91	1.21
8	1.40	1.40	1.30	1.30	1.54	1.56	1.49	1.30	1.36	1.24	1.58
9	1.58	1.55	1.35	1.47	1.15	1.52	1.58	1.29	1.48	1.55	1.90
10	1.34	1.35	1.31	1.36	1.40	1.40	1.41	1.40	1.44	1.31	1.52
11	0.95	1.06	1.16	1.30	1.21	1.29	1.10	1.12	1.22	1.12	1.14
12	1.51	1.60	1.33	1.49	1.83	1.62	1.72	1.31	1.64	1.54	1.89
13	1.17	1.22	1.09	1.21	1.36	1.25	1.25	0.93	1.22	1.12	1.29
14	1.31	1.28	1.11	1.12	1.60	1.30	1.56	1.47	1.56	1.32	1.80
15	1.78	1.82	1.51	1.68	2.05	1.83	1.98	1.56	1.89	1.74	2.15
16	1.58	1.68	1.46	1.52	1.94	1.69	1.80	1.39	1.72	1.59	1.95
17	0.85	0.97	1.21	1.36	1.07	1.24	0.89	1.03	1.06	1.04	0.83
18	0.80	0.88	0.86	0.92	0.99	1.01	0.83	0.60	0.83	0.84	1.10
19	0.97	1.10	1.16	1.28	1.13	1.18	1.10	0.99	1.16	1.06	1.06
20	0.86	1.01	1.31	1.32	1.15	1.37	1.00	1.11	1.11	1.11	1.00
21	1.40	1.44	1.36	1.24	1.59	1.47	1.60	1.35	1.54	1.37	1.71
22	0.87	1.00	1.19	1.21	1.16	1.31	1.10	1.15	1.21	0.98	1.03
23	1.24	1.29	1.13	1.29	1.47	1.36	1.48	1.16	1.45	1.23	1.56
24	0.84	0.72	0.87	1.07	0.92	0.92	0.93	1.15	1.03	0.89	0.95
25	0.72	0.72	1.01	1.10	0.96	1.04	0.78	1.06	0.87	0.93	0.85
26	0.79	0.77	0.99	1.12	0.98	0.99	0.78	1.07	0.96	1.03	1.06
27	0.85	0.88	1.12	1.19	1.00	1.08	0.86	1.10	0.97	1.03	1.06
28	0.72	0.94	1.01	1.03	0.82	0.97	0.78	1.08	0.91	0.83	0.73
29	1.01	0.98	1.13	1.41	1.22	1.13	1.08	1.26	1.22	1.28	1.16
30	1.07	0.97	0.97	1.20	1.04	1.14	1.13	1024	1.15	0.93	1.08
31	0.56	0.62	0.87	1.00	0.75	0.90	0.59	0.74	0.65	0.81	0.77
32	0.69	0.70	0.81	0.97	0.75	0.80	0.68	0.64	0.68	0.82	0.78

TABELA 4 - Distâncias Euclidianas médias(continuação)

	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67
1	2.10	2.02	1.82	1.66	2.07	1.95	1.96	1.77	2.13	1.94	1.83	2.51	1.90	1.92
2	1.75	1.58	1.59	1.44	1.49	1.60	1.61	1.61	1.56	1.68	1.53	1.95	1.70	1.91
3	1.80	1.68	1.69	1.34	1.77	1.70	1.65	1.48	1.85	1.71	1.50	2.28	1.57	1.71
4	2.13	1.98	1.97	1.52	1.99	1.78	1.97	1.49	2.08	1.76	1.69	2.52	1.73	1.92
5	1.98	1.97	1.88	1.52	1.99	1.78	1.97	1.49	2.08	1.76	1.69	2.52	1.73	1.92
6	1.80	1.60	1.54	1.34	1.77	1.69	1.82	1.61	1.75	1.71	1.63	2.12	1.71	1.70
7	1.46	1.26	1.30	1.19	1.41	1.56	1.53	1.74	1.40	1.74	1.59	1.80	1.53	1.45
8	1.70	1.54	1.64	1.57	1.76	1.81	1.66	1.82	1.69	1.91	1.68	1.92	1.90	1.92
9	1.77	1.58	1.89	1.70	1.72	1.86	1.70	1.79	1.51	1.79	1.61	2.02	1.89	2.08
10	1.90	1.85	1.67	1.59	1.81	1.73	1.74	1.66	1.89	1.84	1.70	2.20	1.80	1.92
11	1.92	1.51	1.44	1.36	1.42	1.38	1.71	1.77	1.67	1.63	1.52	2.04	1.44	1.63
12	1.47	1.22	1.51	1.62	1.55	1.96	1.73	2.26	1.30	2.11	1.87	1.48	1.96	1.97
13	1.43	1.35	1.34	1.24	1.61	1.71	1.80	1.90	1.57	1.77	1.80	1.80	1.68	1.44
14	1.64	1.65	1.71	1.75	1.68	1.92	1.71	2.21	1.61	2.07	1.94	1.87	2.06	1.92
15	1.59	1.28	1.72	1.90	1.52	2.02	1.73	2.43	1.27	2.18	1.95	1.36	2.17	2.19
16	1.46	1.30	1.67	1.74	1.77	2.13	1.90	2.42	1.51	2.23	2.06	1.62	2.16	2.02
17	2.13	1.81	1.65	1.36	1.92	1.69	2.12	1.80	2.03	1.76	1.83	2.48	1.60	1.64
18	1.74	1.39	1.50	1.24	1.55	1.52	1.67	1.70	1.49	1.55	1.49	2.06	1.51	1.55
19	1.88	1.56	1.63	1.37	1.83	1.66	2.02	1.83	1.89	1.74	1.79	2.26	1.62	1.63
20	2.16	1.74	1.75	1.52	1.89	1.72	2.06	1.90	2.03	1.83	1.75	2.44	1.60	1.72
21	1.70	1.47	1.76	1.78	1.81	1.91	1.88	2.20	1.70	2.00	1.88	1.95	1.96	1.82
22	2.06	1.62	1.57	1.48	1.70	1.56	1.89	1.87	1.85	1.76	1.67	2.23	1.63	1.67
23	1.65	1.32	1.70	1.63	1.70	1.80	1.87	2.08	1.63	1.93	1.85	1.83	1.86	1.92
24	1.86	1.70	1.49	1.22	1.57	1.35	1.73	1.42	1.81	1.48	1.57	2.21	1.51	1.49
25	1.93	1.69	1.44	1.15	1.55	1.41	1.67	1.45	1.79	1.51	1.48	2.28	1.44	1.40
26	1.95	1.75	1.59	1.25	1.60	1.49	1.73	1.46	1.78	1.52	1.51	2.30	1.47	1.57
27	2.01	1.77	1.53	1.23	1.60	1.48	1.74	1.46	1.84	1.54	1.51	2.36	1.48	1.47
28	1.93	1.70	1.39	1.13	1.54	1.27	1.66	1.35	1.81	1.41	1.43	2.28	1.37	1.31
29	1.92	1.85	1.58	1.33	1.71	1.66	1.94	1.61	1.94	1.71	1.77	2.31	1.60	1.61
30	1.90	1.69	1.50	1.26	1.59	1.32	1.72	1.44	1.79	1.53	1.60	2.17	1.57	1.65
31	1.81	1.53	1.43	1.05	1.47	1.34	1.56	1.30	1.67	1.41	1.32	2.20	1.24	1.42
32	1.60	1.32	1.31	0.90	1.36	1.21	1.50	1.18	1.56	1.28	1.25	2.03	1.13	1.29









Tabela 5 Valores médios,<sup>1</sup> máximos e mínimos obtidos para a distância Euclidiana média dos 67 acessos de cajuzeiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, a partir da matriz de dados transformados de 30 descritores botânico-agronômicos, em Pacajus-CE, em 1990.

Acesso	<sup>2</sup> DEMédia	<sup>3</sup> S <sub>DE</sub>	DEMáxima	Acessos	DEMínima	Acessos
1	1.58 (1.65)	0.35	2.51	(65)	0.70	(10)
2	1.40 (1.44)	0.24	1.95	(65)	0.79	(10)
3	1.37 (1.44)	0.32	2.28	(65)	0.72	(04)
4	1.42 (1.48)	0.40	2.52	(65)	0.72	(03)
5	1.53 (1.59)	0.32	2.43	(65)	0.73	(04)
6	1.24 (1.29)	0.32	2.12	(65)	0.73	(04)
7	1.21 (1.19)	0.23	1.80	(65)	0.81	(45)
8	1.44 (1.50)	0.26	1.92	(65)	0.76	(06)
9	1.61 (1.65)	0.22	2.07	(65)	1.12	(18)
10	1.46 (1.53)	0.32	2.20	(65)	0.70	(01)
11	1.32 (1.35)	0.28	2.04	(65)	0.82	(20)
12	1.62 (1.69)	0.28	2.11	(38)	0.74	(15)
13	1.36 (1.40)	0.22	1.90	(62)	0.93	(51)
14	1.55 (1.58)	0.24	2.21	(61)	1.11	(45)
15	1.79 (1.87)	0.32	2.43	(61)	0.74	(12)
16	1.71 (1.78)	0.29	2.42	(62)	0.85	(12)
17	1.33 (1.34)	0.41	2.48	(65)	0.71	(20)

<sup>1</sup> A média de todas as 2211 distâncias estimadas foi 1,35

<sup>2</sup> Os valores entre parenteses referem-se às médias de cada acesso com os demais dos outros grupos, não sendo incluídos aqueles pertencentes ao grupo de origem.

<sup>3</sup> desvio padrão da média.

Tabela 5 - (continuação)

Acesso	DE <sup>2</sup> Média	S <sub>DE</sub> <sup>3</sup>	DE Máxima	Acessos	DE Mínima	Acessos
18	1.20 (1.20)	0.28	2.06	(65)	0.60	(50)
19	1.36 (1.41)	0.33	2.26	(65)	0.67	(20)
20	1.39 (1.43)	0.38	2.44	(65)	0.67	(19)
21	1.61 (1.69)	0.26	2.20	(61)	0.86	(23)
22	1.34 (1.37)	0.33	2.23	(65)	0.71	(20)
23	1.49 (1.39)	0.25	2.08	(61)	0.86	(21)
24	1.18 (1.26)	0.43	2.21	(65)	0.43	(28)
25	1.14 (1.22)	0.44	2.28	(65)	0.39	(26)
26	1.20 (1.27)	0.41	2.30	(65)	0.39	(25)
27	1.20 (1.27)	0.40	2.36	(65)	0.59	(25)
28	1.13 (1.20)	0.43	2.28	(65)	0.40	(25)
29	1.34 (1.41)	0.36	2.31	(65)	0.63	(24)
30	1.24 (1.30)	0.35	2.17	(65)	0.65	(24)
31	1.04 (1.09)	0.39	2.20	(65)	0.41	(32)
32	1.03 (1.07)	0.33	2.03	(65)	0.41	(31)
33	1.05 (1.11)	0.42	2.17	(65)	0.34	(37)
34	1.06 (1.13)	0.39	2.16	(65)	0.45	(40)
35	1.24 (1.31)	0.35	2.28	(65)	0.71	(36.40)
36	1.13 (1.21)	0.41	2.25	(65)	0.42	(42)
37	1.13 (1.20)	0.46	2.35	(65)	0.34	(33)
38	1.42 (1.51)	0.46	2.69	(65)	0.74	(39.40)
39	1.14 (1.22)	0.44	2.29	(65)	0.39	(40)
40	1.10 (1.19)	0.45	2.27	(65)	0.32	(42)
41	1.10 (1.20)	0.45	2.32	(65)	0.39	(40)
42	1.16 (1.25)	0.43	2.27	(65)	0.32	(40)

Tabela 5 - (continuação)

Acesso	DE <sup>2</sup> Média	S <sup>3</sup> DE	DE Máxima	Acessos	DE Mínima	Acessos
43	1.09 (1.16)	0.39	2.22	(65)	0.43	(44)
44	1.10 (1.19)	0.42	2.24	(65)	0.43	(43)
45	1.15 (1.22)	0.31	1.95	(65)	0.56	(44)
46	1.13 (1.19)	0.35	2.05	(65)	0.56	(52)
47	1.18 (1.27)	0.42	2.40	(65)	0.61	(44.49)
48	1.23 (1.31)	0.34	2.20	(65)	0.64	(49)
49	1.15 (1.23)	0.42	2.34	(65)	0.58	(51)
50	1.13 (1.19)	0.30	1.97	(65)	0.59	(51)
51	1.13 (1.21)	0.39	2.25	(65)	0.58	(49)
52	1.10 (1.17)	0.38	2.15	(65)	0.50	(34)
53	1.22 (1.29)	0.45	2.48	(65)	0.56	(33)
54	1.76 (1.79)	0.22	2.29	(38)	1.08	(55)
55	1.56 (1.62)	0.23	2.15	(38)	1.05	(62)
56	1.50 (1.54)	0.25	1.89	(09)	1.09	(57)
57	1.33 (1.35)	0.24	1.98	(50)	0.90	(32)
58	1.59 (1.67)	0.24	2.07	(1 e 38)	0.94	(60)
59	1.52 (1.57)	0.26	2.13	(16)	0.99	(58)
60	1.68 (1.74)	0.22	2.12	(17)	0.94	(58)
61	1.63 (1.65)	0.30	2.43	(15)	1.01	(66)
62	1.70 (1.75)	0.23	2.23	(38)	1.03	(58)
63	1.63 (1.67)	0.26	2.25	(65)	0.94	(59)
64	1.57 (1.62)	0.22	2.06	(16)	1.03	(60)
65	2.08 (2.16)	0.32	2.69	(38)	1.20	(55)
66	1.55 (1.58)	0.27	2.17	(15)	0.95	(57)
67	1.57 (1.60)	0.25	2.19	(15)	0.94	(57)

Tabela 6. Valores médios, máximos e mínimos para a distância Euclidiana média estimada dentro de cada grupo de acessos, formados por origem e tipo e discriminados pela análise de componentes principais efetuada com 30 descritores botânico-agronômicos de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados em Pacajus-CE, em 1990.

Grupo de Acessos <sup>1</sup>	DEM Máx (acessos)	DEM Mín (acessos)	DEM Méd (acessos)	s <sub>med</sub>
G <sub>1</sub>	1,66 ( 1 e 7)	0,72 ( 3 e 4)	1,11	0,26
G <sub>2</sub>	2,03 (15 e 17)	0,67 (19 e 20)	1,26	0,30
G <sub>3</sub>	1,00 (29 e 30)	0,39 (25 e 26)	0,69	0,16
G <sub>4</sub>	1,03 (35 e 37)	0,32 (40 e 42)	0,65	0,19
G <sub>5</sub>	1,13 (45 e 53)	0,43 (43 e 44)	0,74	0,15
G <sub>6</sub>	2,28 (61 e 65)	0,94 (58 e 60)	1,43	0,31
		(59 e 63)		
		(57 e 67)		

<sup>1</sup> G<sub>1</sub> = cajueiros do tipo anão precoce, oriundos do Estado do Ceará e propagados por sementes;

G<sub>2</sub> = cajueiros do tipo comum, coletados no município de Pacajus-CE e propagados por sementes;

G<sub>3</sub> = cajueiros do tipo comum, oriundos da Índia propagados por sementes;

G<sub>4</sub> = cajueiros do tipo comum, oriundos de Valinhos-SP e propagados por sementes;

G<sub>5</sub> = cajueiros do tipo comum, oriundos da Venezuela e propagados por sementes;

G<sub>6</sub> = cajueiros do tipo comum, coletados no Estado do Ceará e propagados vegetativamente.

Tabela 7 Pares de divergência formados com base na distância genética estimada entre todos os 67 acessos

Tabela 7 Pares de divergência formados com base na distância genética estimada entre todos os 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados em Pacajus-CE, em 1990.

Acessos <sup>1</sup>	Distância	Acessos <sup>1</sup>
38 (C, 1)	2,69	65 (C, 5)
4 (A, 2)	2,52	65 (C, 5)
1 (A, 2)	2,48	65 (C, 5)
15 (C, 4)	2,43	61 (C, 5)
16 (C, 4)	2,42	61 (C, 5)
15 (C, 4)	2,35	38 (C, 1)
54 (C, 3)	2,29	38 (C, 1)
1 (A, 2)	2,27	15 (C, 4)
16 (C, 4)	2,23	63 (C, 5)

<sup>1</sup>Acessos referem-se ao tipo e à origem do material genético. Os tipos anão precoce e comum foram codificados nesta tabela como A e C, respectivamente. Quanto à origem, adotou-se os números 1, 2, 3, 4 e 5 para codificar Valinhos em São Paulo e Maranguape, Aracoiaba, Pacajus e Russas no Ceará.





Tabela 9. Número e ordenação das bandas isoenzimáticas, com respectivos valores da migração relativa (R<sub>m</sub>), obtidos da análise dos zimogramas dos sistemas Peroxidase (PER) e Glutamato Oxaloacetato Transaminase (GOT), resultantes da eletroforese em amostras de cinco descendentes de cada um dos 69 acessos de cajueiros do BAG Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados no Laboratório de Genética Ecológica do Departamento de Genética da ESALQ/ USP, Piracicaba, SP, 1991.

PER				GOT	
A	R <sub>m</sub>	B	R <sub>m</sub>	B	R <sub>m</sub>
1	0,31	1	0,08	1	0,14
2	0,42	2	0,42	2	0,27
3	0,75	3	0,75	3	0,30
4	0,83	4	0,83	4	0,42
5	1,50	5	1,00	5	0,53
6	1,66	6	1,17	6	0,60
		7	1,33	7	0,76
		8	1,46	8	0,80
		9	1,75	9	0,88
		10	2,25	10	1,00
		11	2,32	11	1,15
		12	2,39	12	1,30
		13	2,50	13	1,35
		14	2,69	14	1,53
		15	2,75	15	1,66
		16	2,83	16	1,76
				17	1,80
				18	1,88
				19	1,94
				20	2,00
				21	2,07
				22	2,15

A = bandas catódicas; B = bandas anódicas.

Tabela 10 - representação das bandas que formam o perfil isoenzimático do sistema Peroxidase nos descendentes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados no Laboratório de Genética Ecológica da ESALQ/USP, em 1990/199.

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático				
1	1			1	5		11	
	2		3	1-2-3	5			13 16
	3			1	5			13
	4		3	1-2	5			13
	5		4	1-2	5		11	13
2	1			1-2-3				
	2	6	4	1-2-3	5	7		13 16
	3			1-2	5			
	4	6	4	1-2-3	5	7		13 16
	5		4	1-2	5	7		13 16
3	1			2-3	5			13
	2		4	2-3	5			13 16
	3	5	3	2-3	5		11	13 16
	4	6	3	2-3	5		11	13 16
	5		4	2-3	5			
4	1	5	4	1-2	5			13 16
	2			1	5			13 16
	3			1-2	5	7		
	4			1-2	5	7		
	5		4	1-2	5			
5	1	5	4		5		10	
	2				5		10	
	3				5		10	
	4				5-6	8		
	5				5-6	8		

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático						
6	1			1-2-3	5	7		11	13	
	2			1-2-3	5				13	
	3			1-2-3	5				13	16
	4		4	1-2	5				13	16
	5	6	4	1-2	5			11	13	16
7	1			1-2	5					
	2	6	4	1-2	5	7			13	
	3			1-2	5				13	
	4	6	4	1-2	5				13	
	5			1-2	5				13	
8	1		4		2-3	5	7		13	16
	2		4	-1	2-3	5			13	16
	3		3		3	5	7	11	13	16
	4		4	-1	2-3	5	7		13	16
	5		4	-1	2-3	5	7		13	16
9	1		4			5	7		13	16
	2		4			5		9		
	3		4			5				
	4		4		1-2	5				
	5		4		1-2	5				
10	1				1-2-3	5			13	
	2				1 3	5			13	
	3				1-2	5			13	
	4				1-2	5			13	
	5				1-2	5			13	
11	1				3	5			12	
	2				3	5			12	15
	3				3	6		11		14
	4				3	5			12	15
	5				3	5			12	15

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático				
12	1	5	3	2	5		13	16
	2	5	4	2	5-6		13	
	3			2	5-6		13	
	4	5	4	2	5-6		13	
	5			2	5		13	
13	1			1-2	5		13	
	2	4		1	5-6	10		16
	3	4			5-6	10		16
	4	4		1	5-6	10		
	5	4			5	10		16
14	1		3		4-5	10	13	
	2		3		4-5	10	13	
	3	4			5		13	
	4		3		4-5	10		
	5				5		13	
15	1			2	5			16
	2			2	5			
	3			2	5			16
	4			3	5			
	5	5		1	3	5		16
16	1			2	4-5		13	
	2			1	4-5		13	
	3	4				8	13	
	4		3		5	8	13	
	5	4				8	13	16
17	1			3	5			16
	2			3				
	3			3	5			
	4			3	5			15-16
	5			3	5	7		15-16

Tabela 10 -(continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático					
18	1			3	5				
	2			2-3	5				
	3			3	5				
	4	5	3	3	5		10		16
	5			3	5		10		16
19	1			3	6		10	13	16
	2			3	5	7	9	10	
	3			3	5	7			
	4	5	4	3	6		9	10	13
	5	5	4	3	6		9	10	13
20	1				4-5			11	
	2				4-5				13
	3				4-5				13
	4				4-5				
	5				4-5		9	11	13
21	1	6	4	1	3	5-6			13
	2	6	4	1	3	5-6-7	10		13
	3	5	3	1	3	5			13
	4			1	3	5			13
	5			1	3	5			13
22	1			3	5			11	16
	2			3	5				13
	3			3	5				
	4			3	5				16
	5			3	5-6		10	11	16
23	1			-1	2				13
	2	5-4					7	9	13
	3			2-3	6				
	4			2-3	6				13
	5	5-4		2-3	6				15

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático			
24	1	2-3	5-6	13	15
	2	3	5-6		
	3	2-3	5-6		
	4	2-3	5-6		
	5	3	5-6	13	15
25	1	2	5-6		
	2	2	5-6		
	3	2	5-6		
	4	2-3	5-6	13	
	5	2	5-6	13	
26	1		5-6		
	2	3	5-6		
	3		5-6		
	4	3	5-6		
	5	3	5		
27	1	-1	2-3	5-6	
	2		2-3	5-6	
	3		3	5-6	
	4		2-3	5-6	
	5	-1	3	5-6	
28	1		3	5-6	
	2		3	5	
	3			5	
	4		3	5-6	
	5		3	5-6	
29	1			5-6	15
	2			5-6	
	3			5-6	
	4			5-6	
	5			5-6	15-16

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático						
30	1	-1	1	3	5	7		
	2	-1	1	3	5	7		
	3	-1		3	5	7		
	4			3	5	7		
	5			3	5	7		
31	1			3	5	7	15-16	
	2			3	5	7	15	
	3			3	5	7		
	4				5	7	15	
	5				5	7		
32	1		1	4	5	7		
	2			3	4	5	7	15-16
	3		1	3	4	5	7	
	4			3	4	5	7	
	5		1	3	4	5	7	
33	1			2-3	5	7		
	2			2-3	5	7		
	3			2-3	5	7		
	4			2-3	5	7		
	5			2-3	5			
34	1	-1		2-3	5			
	2	-1		2-3	5-6			
	3			2-3	5-6	11	13	
	4	-1		2-3	5	11	13	
	5	-1		2-3	5	11		
35	1				5-6			
	2			3	5-6			
	3			3	5-6			
	4				5-6			
	5			3	5-6			



Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático		
36	1			3	5	
	2			3	5	7
	3			3	5	7
	4			3	5	
	5			3	5	7
37	1			3	5	7
	2			3	5	7
	3			3	5	
	4			3	5	7
	5				5	7
38	1			2	5	12
	2		-1	2	5	7
	3	4		2	5	7
	4	4		2	5	12
	5	4		2	5	7
					12	14
39	1	4		2	5	7
	2		-1	2	5	7
	3	4		2	5	7
	4		-1	2	5	7
	5	4		2	5	7
40	1			2-3	5-6	11
	2			2-3	5	11
	3			2-3	5	11
	4			2-3	5	11
	5			2-3	5	11
41	1	4	-1	2	5	13
	2	4		2	5	7
	3	4		2	5	7
	4			2	5	7
	5	4		2	5	13
					13	16

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático					
42	1		2-3	5	7		11	
	2		2-3	5	7		11	
	3		2-3	5	7		11	
	4		2-3	5	7		11	
	5		2-3	5	7		11	
43	1	3	3	5			12	
	2	3	1-2-3	5	7		12	16
	3	3	1-2-3	5	7		12	16
	4	3	1-2-3	5			12	
	5	3	3	5			12	16
44	1	3	3	5	8		12	
	2	3	3	5	7			
	3	3	2-3	5	7		12	
	4	3	1 3	5	7		12	
	5	3	3	5	8			
45	1	3	1				12	16
	2	3	1 3				12	16
	3	3	1 3		7		12	16
	4	3	1 3		7		12	
	5	3	1 3		7		12	
46	1	3	3				12	
	2	3	3				12	16
	3	3	3	5			12	16
	4	3	3	5			12	
	5	3	3	5			12	
47	1	3	3	5			12	
	2	3	3	5			12	
	3	3	3	5			12	
	4	3	3	5			12	16
	5	3	3	5			12	16

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático						
48	1	3	1-2-3		5		12	16	
	2	3	1-2-3		5		12		
	3	3	1-2-3		5-6		12	16	
	4	3	2-3		5		12		
	5	3	2-3		5		12	16	
49	1	3		3	5-6	9	12	16	
	2	3	1	3	5		12		
	3	3	1	3	5-6	9	12	16	
	4	3	1	3	5		12		
	5	3	1	3	5-6	9	12	16	
50	1	3	1-2-3		5-6		12	16	
	2	3	1-2-3		5-6		12		
	3	3	1-2-3		5		12		
	4	3	1-2-3		5		12		
	5	3	1-2-3		5-6		12		
51	1	3	1	3	5	7	9	12	
	2	3	1	3	5	7	9	12	
	3	3	1	3	5	7	9	12	
	4	3	1	3	5				
	5	3	1	3	5	7	9		
52	1	3	1	3	5	7	9	12	
	2	3	1	3	5	7	9	12	
	3	3	1	3	5	7	9	12	16
	4	3	1	3	5	7	9	12	16
	5	3	1	3	5	7	9	12	16
53	1			3	5			12	
	2			3	5			12	
	3			3	5			12	
	4			3	5			12	
	5			3	5			12	

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático					
54		1		3	5				
		2			5	8			
		3		3	5			14	
		4			5	8			
		5			5	8			
55		1		2	6				
		2		3	5	8		14	
		3		3	5	8			
		4		3	5			12	
		5		2	4-5	8			
56		1			5	7		14	
		2			4-5	7		14	
		3			4-5	7			
		4			4-5	7		14	
		5			4-5	7		14	
57		1			5	9-10			
		2			5	9			
		3			5	9-10			
		4			5	9-10			
		5			5	9-10			
58		1		1	5	8			
		2		1	5	8			
		3		1	5	8			
		4		1	5	8			
		5		1	5	8		11	
59		1	5	3	3	5		13	16
		2		3	3	5		13	
		3	5	3	3	5		13	
		4	5	3	3	5		13	
		5	5	3	3	5		13	

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático				
60	1			3-4	5	7		
	2			3-4	5			
	3			3		7		
	4			3	5		11	16
	5			3	5		11	13
61	1	3	1				11	13 14
	2						11	14
	3						11	14
	4							13 16
	5							14
62	1				5-6			
	2	-2	1	4	5-6		11	
	3		1		5		11	
	4		1		5		11	
	5	-2	1	4	5		11	
63	1			4	5		10	
	2				5		10	
	3			4	5		10	
	4			4	5	7		
	5			4	5			
64	1			3	4	5	7	
	2			3	4	5	7	
	3			3	4	5	7	
	4			3	4	5	7	
	5	-2		3	4	5	7	
65	1		2		5	7		16
	2		2		5	7		16
	3		2		5	7		
	4		2		5	7		16
	5		2		5	7		16

Tabela 10 - (continuação)

Acesso	Descendente			Perfil isoenzimático					
66	1		-2	1-2	4	5	7	10	
	2		-2			5		10	16
	3		-2	1-2	4	5	7	10	
	4		-2	1	4	5			16
	5		-2	1-2	4	5	7	10	
67	1			2	4	5		10	13
	2			1	4	5		10	
	3				4	5	7	10	
	4			2		5			13
	5			1 2	4	5	7		
68	1	4		1	4	5			
	2	4		1	4	5			
	3	4		1	4	5			
	4	4		1		5			15
	5	4		1	4				15
69	1	5		1		5-6			15
	2			1		5-6			15
	3			1		5-6			
	4			1		5-6			
	5			1		5-6			

Tabela 11 - Representação das bandas que formam o perfil isoenzimático do sistema GOT nos descendentes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju do CNPCa/EMBRAPA, avaliados no Laboratório de Genética Ecológica da ESALQ/USP, em 1990/1991.

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático			
1	1	10	14 15		
	2	10	14 15		
	3	10	15	20	
	4	10	14	20	
	5	10	14 15		
2	1	6	10	14	20
	2	6	10	14 15	
	3		10	14 15	20
	4		10	14 15	
	5		10	14 15	
3	1		10	15	
	2		10	14	20
	3		10	15	20
	4		10	15	20
	5		10	14 15	20
4	1		10	14	18
	2		10	14	18
	3		10	14 15	
	4		10	14 15	
	5		10	14 15	
5	1	10	12	14	
	2	10	11		
	3		12		
	4		11		
	5	10	11		

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático			
6	1		10	14	
	2		10	14 15	
	3		10	14 15	
	4		10	14 15	
	5		10	14 15	
7	1		10	14	20
	2		10	14 15	
	3		10	14 15	
	4		10	14	20
	5		10	15	20
8	1		10	14	
	2		10	15	
	3			14	
	4			15	19
	5			15	
9	1		10	14	
	2		10	15	19
	3		10	14	19
	4		10	15	
	5		10	15	
10	1		10	14 16	
	2	4	10	14 16	20
	3	4	10	14 16	
	4		10	14 16	
	5		10	14 16	
11	1		10	15	19
	2		10	14	2 1
	3		10	15	2 1
	4		10	15	2 1
	5		10	15	2 1



Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático				
12	1		10	12		18
	2		10	12	16	
	3		10	12		18
	4		10		14	
	5		10	12	14	16
13	1		10		15	
	2		10		14	
	3		10		14	
	4		10		14	
	5		10		14	
14	1	6	10	12		16
	2	5	10		14 15	
	3	5	10		14 15 16	
	4	6	10		14	
	5	6	10	12		15 16
15	1		10		15	21
	2			11	15	21
	3			11	15	21
	4			11	14	19
	5			10	14	19
16	1	4	10	12	15	
	2	4	10	12	15	
	3		10		15	20
	4		10		15	18
	5		10		15	18
17	1		10		14	
	2		10		14	
	3		10		15	19
	4		10		15	
	5		10		14	21

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático				
18	1		10		16	22
	2		10		15	20
	3		10		16	22
	4		10		15	20
	5		10		15 16	
19	1		10		15	18
	2		10		15	18
	3		10		15	20
	4		10		16	20
	5		10			18
20	1	6	10			20
	2		10		14	22
	3		10		14	22
	4	6	11		14	
	5		10		14	22
21	1	6	10	12		16
	2	6	10	12	14	
	3	6	10	12		
	4		10	12		
	5	6	10	12		16
22	1		10		14	20
	2		10		14	20
	3	6	10			
	4		10		14	20
	5	6	10		14	
23	1		10		15	21
	2		10		15	22
	3		10		15	21
	4		10		15	18
	5		10		15	18

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático				
24	1	2	7	10	14	16	
	2	2	7	10	14		
	3	2	7	10	14	16	
	4	2	7	10	14	16	
	5	2	7	10	14	16	
25	1		6	10		18	20
	2		6	10	15	18	
	3			10	15	18	
	4		6	10	15		20
	5		6	10	15		20
26	1		6	10	14		
	2		6	10	14		
	3			10	14		
	4		6	10	14		
	5	2	6	10	14		18
27	1			10	15		
	2	2	6	10	15		
	3			10	15		
	4	2	6	10		16	
	5	2		10		16	
28	1			10	14		18
	2			10	14		18
	3	2	7	10	15		19
	4	2	7	10	15		19
	5	2	7	10	15		19
29	1			10	15		
	2			10	15		
	3			10	15		
	4			10	15		
	5			10	15		

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático				
30	1		10	14	16	
	2		10	14	16	
	3		10	14	16	
	4	6	10	14	16	
	5	6	10	14	16	
31	1	7	10	15	16	20
	2	7	10	15	16	20
	3	7	10	15	16	20
	4	7	10			1819
	5	7	10			1819
32	1		10	15		
	2		10	15		
	3	6	10	15		
	4	6	10	15		
	5	6	10	15		
33	1		10	14		22
	2		10	14		22
	3		10	14		22
	4		10	14		22
	5		10	14		22
34	1		10	15	19	
	2		10	15		22
	3		10	15		22
	4	5	10	14	19	
	5	5 6	10	14	18	
35	1		10	14		22
	2		10	14		22
	3		10	14		22
	4		10	14		22
	5		10	14		22

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático		
36	1		10	14	18
	2		10	14	18
	3		10	14	18
	4		10	14	19
	5		10	14	19
37	1		10	14	18
	2		10	14	18
	3		10	14	19
	4		10	14	19
	5		10	14	19
38	1		10	14	
	2	6	10	14	
	3		10	14	
	4	6	10	14	22
	5		10	14	22
39	1		10	14	
	2	5	10	14	
	3		10	14	22
	4	5	10	14	
	5		10	14	22
40	1		10	14 15	
	2		10	14 15	
	3		10	14 15	
	4		10	14 15	
	5		10	14 15	
41	1	5 6	10	14	19
	2	5 6	10	15	19
	3		10	14	19
	4	5 6	10	14 15	19
	5	5 6	10	14 15	19

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático					
42	1		5 6	10	14	18	
	2		5 6	10	14	18	
	3			10	14		19
	4		5	10	14		19
	5		5	10	14		19
43	1		7		14	16	22
	2		7		14		
	3				14	16	22
	4		7		14	16	22
	5		7		14		
44	1		7			16	22
	2		7		12	16	22
	3		5	9	12	16	22
	4		7		12	16	21
	5		7	10			21
45	1	1	6 7		14		20
	2	1	6 7		14		20
	3	1	6 7			15	21
	4	1	5 7		14		20
	5	1	6 7		14		20
46	1	1	6	10	14		19 21
	2	1	6	10		15	22
	3	1	6	10		15	19 21
	4	1	6	10		15	19
	5	1	6	10	14		21
47	1		7			16	20
	2		7			16	20
	3		7			16	20
	4		7			16	20
	5		7			16	20

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático						
48	1	1	5	7		15	16	22	
	2	1		7		15		21	
	3	1	5	7			16	21	
	4		5	7		15	16	21	
	5	1		7		15	16	21	
49	1	1	6	9		14		22	
	2	1	6	9		14		22	
	3	1	6	9			15	22	
	4	1	6	9			15	20	
	5	1	6	9		14		19	
50	1	1	5	7			16	21	
	2	1	5	7		14	16	21	
	3	1	5	7		14		22	
	4	1	5	7			16	22	
	5	1	5	7		14	15	22	
51	1	1		7		14	15	21	
	2	1		7		14		21	
	3	1		7		14	15	19	21
	4			7		14	15	19	
	5	1		7		14	15		
52	1				9	14			
	2		6		10	14		19	
	3		6		10	14		19	
	4		6		10	14	16		
	5		6		10	14		20	
53	1	1	5	7			16	21	
	2	1	5	7			16	21	
	3	1	5	7	10		16	21	
	4			7			16		
	5	1		7	10		16		

Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente	Perfil isoenzimático						
54	1			12	16	20		
	2				14	16	21	
	3			12	14	16		
	4			12	14	16		
	5			12	14		20	
55	1	7		12		16		
	2		10		14	16		
	3		10		14	16		
	4		10		14		20	
	5	5	10		14		20	
56	1		10	12	14	16		
	2		10		14		20	
	3	6	10		14	16	20	
	4		10		14		20	
	5		10		14		20	
57	1		10	12		16	19	
	2		10	12		16		
	3		10	12			19	
	4		10		14	15		
	5		10		14		18	
58	1		9	10	12	16		
	2		9	10	12	16	19	
	3		9	10	12	16		
	4		9	10	12	16	19	
	5		9	10	12	16		22
59	1			10		14	18	20
	2			10		14		20
	3			10		14		20
	4			10		14		20
	5			10		14		20



Tabela 11 - (continuação)

Acesso	Descendente		Perfil isoenzimático			
60	1	2	7	12	15	21
	2	2	7	12	15	19
	3	2	7	12	15	19
	4			12	15	19
	5			12	15	21
61	1			10	15	21
	2			10		18
	3			10		18
	4			10	15	21
	5			10	15	21
62	1		7	10	14	19
	2		7	10	14	21
	3		7	10	14	21
	4		7	10	14	
	5		7	10	14	19
63	1			12		18
	2			12		18
	3			12		18
	4			10	15	19
	5			10	16	19
64	1		7	10	15	21
	2		7	10	14	21
	3		7	10	15	21
	4		7	10	14	21
	5		7	10	14	19
65	1				15	
	2			10		
	3			10	15	
	4			10	15	
	5			10	15	

Tabela 11 - (continuação)

Acesso Descendente		Perfil isoenzimático												
66	1			9	10		14		18					
	2						10		15	19				
	3			9	10		14		18					
	4	2		7			10		14	18				
	5	2						12	15		21			
67	1						10		14		18			
	2						10		15		19			
	3			6	7				14	15	18			
	4						10		14	16	19			
	5			7			10				19			
68	1						10		15		19	21		
	2		3				9	10	12	13	14	19		
	3						9	10			15	17	19	21
	4		3			8	9	10			15		21	
	5						9	10				19	21	
69	1						10				18		21	
	2						10				18	19		
	3						10				18	19		
	4						10				18	19		
	5						10				18		21	

Tabela 12- Variância do componente (V.C.) em valor absoluto e em percentagem (VC%), variância acumulada (V.A.%) da análise de componentes principais para a frequência de bandas do sistema Peroxidase (PER) em cinco descendentes de cada um dos 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju avaliados no Laboratório de Genética Ecológica da ESALQ/USP, no período 1990/1991.

Componente	(V.C.)	(VC%)	VA (%)
1 <sup>o</sup>	2,78	12,65	12,65
2 <sup>o</sup>	2,64	12,00	24,65
3 <sup>o</sup>	1,98	8,99	33,64
4 <sup>o</sup>	1,66	7,56	41,20
5 <sup>o</sup>	1,46	6,66	47,86
6 <sup>o</sup>	1,41	6,43	54,29
7 <sup>o</sup>	1,24	5,66	59,95
8 <sup>o</sup>	1,24	5,63	65,58
9 <sup>o</sup>	1,02	4,65	70,23
10 <sup>o</sup>	0,87	3,97	74,20
11 <sup>o</sup>	0,83	3,78	77,98
12 <sup>o</sup>	0,82	3,71	81,68
13 <sup>o</sup>	0,73	3,31	84,99
14 <sup>o</sup>	0,61	2,76	87,75
15 <sup>o</sup>	0,58	2,61	90,37
16 <sup>o</sup>	0,48	2,20	92,57
17 <sup>o</sup>	0,39	1,79	94,35
18 <sup>o</sup>	0,34	1,54	95,89
19 <sup>o</sup>	0,29	1,32	97,31
20 <sup>o</sup>	0,25	1,14	98,35
21 <sup>o</sup>	0,23	1,05	99,40
22 <sup>o</sup>	0,13	0,60	100,00

Tabela 13 Variância do componente em valor absoluto (V.C.) e em porcentagem (VC%) e variância acumulada (V.A.%) da análise de componentes principais para a frequência de bandas do sistema Glutamato Oxalocetato Transaminase (GOT) em cinco descendentes de cada um dos 69 acessos do BAG-Caju avaliados no Laboratório de Genética Ecológica da ESALQ/USP, no período 1990/1991.

Componente	(V.C.)	(VC%)	VA (%)
1 <sup>o</sup>	4,59	20,86	20,86
2 <sup>o</sup>	2,80	12,74	33,60
3 <sup>o</sup>	1,86	8,45	42,05
4 <sup>o</sup>	1,75	7,98	50,03
5 <sup>o</sup>	1,48	6,72	56,74
6 <sup>o</sup>	1,37	6,23	62,97
7 <sup>o</sup>	1,19	5,42	68,39
8 <sup>o</sup>	1,14	5,17	77,56
9 <sup>o</sup>	0,98	4,47	78,03
10 <sup>o</sup>	0,98	4,45	82,49
11 <sup>o</sup>	0,82	3,72	86,21
12 <sup>o</sup>	0,66	3,00	89,21
13 <sup>o</sup>	0,59	2,68	91,89
14 <sup>o</sup>	0,49	2,22	94,11
15 <sup>o</sup>	0,41	1,85	95,96
16 <sup>o</sup>	0,32	1,44	97,40
17 <sup>o</sup>	0,23	1,02	98,42
18 <sup>o</sup>	0,19	0,88	99,30
19 <sup>o</sup>	0,16	0,71	100,00
20 <sup>o</sup>	0,00	0,00	100,00
21 <sup>o</sup>	0,00	0,00	100,00
22 <sup>o</sup>	0,00	0,00	100,00

Tabela 14. Valores médios (DEM méd), máximos (DEM máx) e mínimos (DEM mín), para as distâncias Euclidianas médias estimadas, a partir da frequência de bandas isoenzimáticas de cinco escendentes de cada um dos 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju, avaliados para os sistemas PER e GOT no Laboratório de Genética Ecológica da ESALQ/USP, no período 1990/1.991.

Sistema	DEM méd	DEM máx (acessos)	DEM mín (acessos)
PER	0,40	0,61 (12 e 52)	0,04 (26 e 35)
GOT	0,34	0,61 (45 e 58)	0,00 (33 e 35)





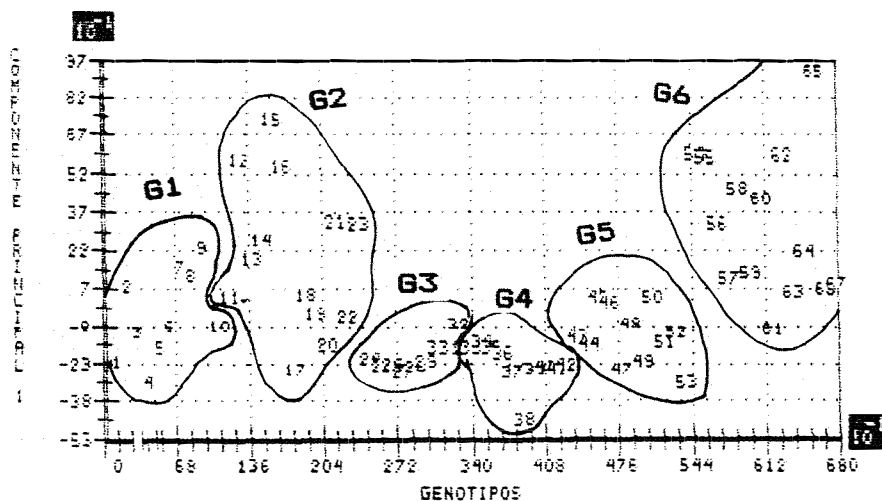


Figura 1. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo primeiro componente principal, obtido com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

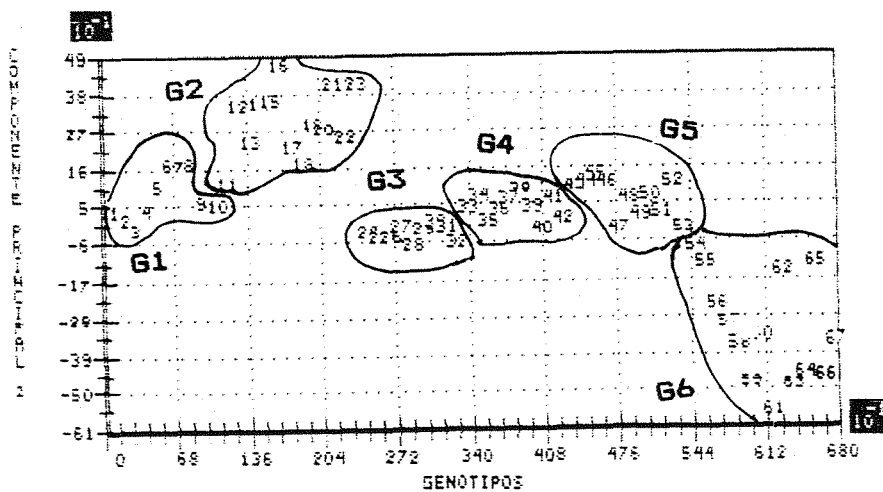


Figura 2. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo segundo componente principal, obtido com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.



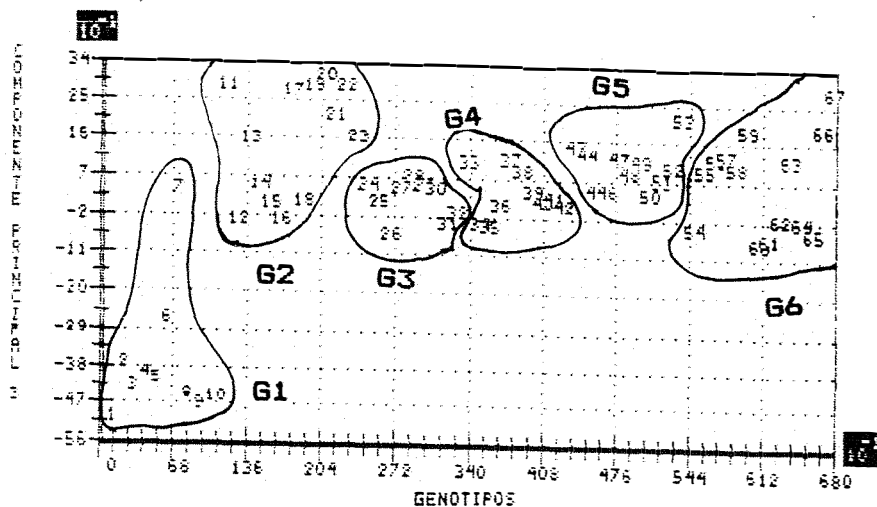


Figura 3. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo terceiro componente principal, obtido com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

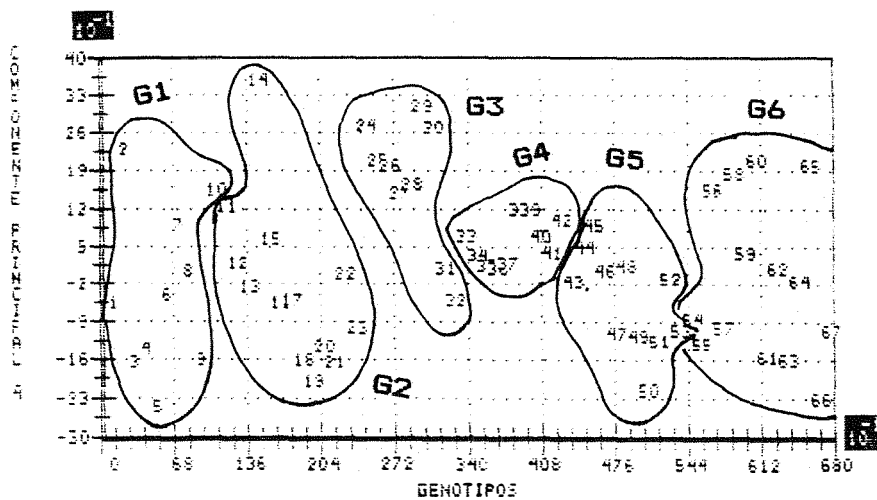


Figura 4. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo quarto componente principal, obtido com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

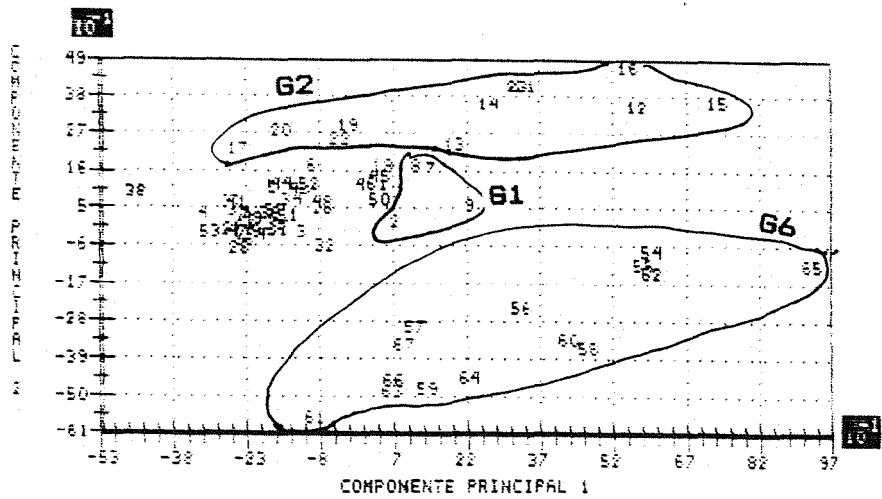


Figura 5. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo primeiro e segundo componentes principais, obtidos com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

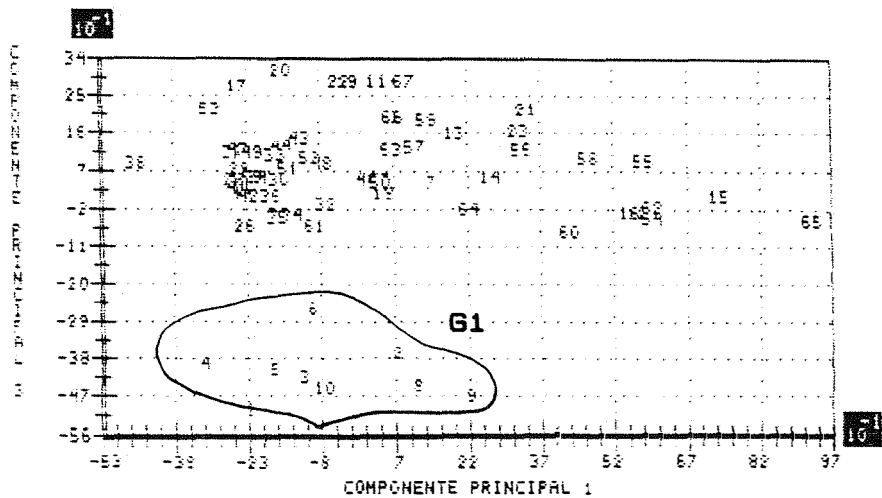


Figura 6. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo primeiro e terceiro componentes principais, obtidos com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

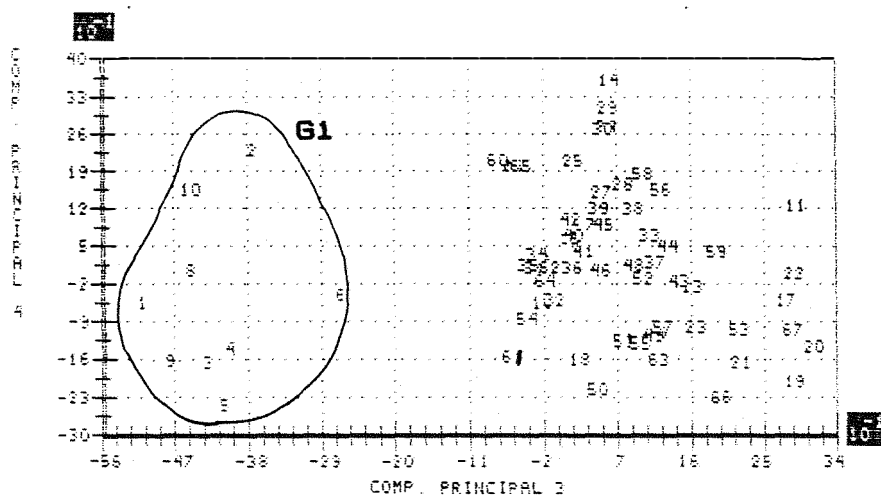


Figura 7. Discriminação de 67 acessos de cajueiros do BAG-Caju pelo terceiro e quarto componentes principais, obtidos com o emprego de 30 descritores botânico-agronômicos.

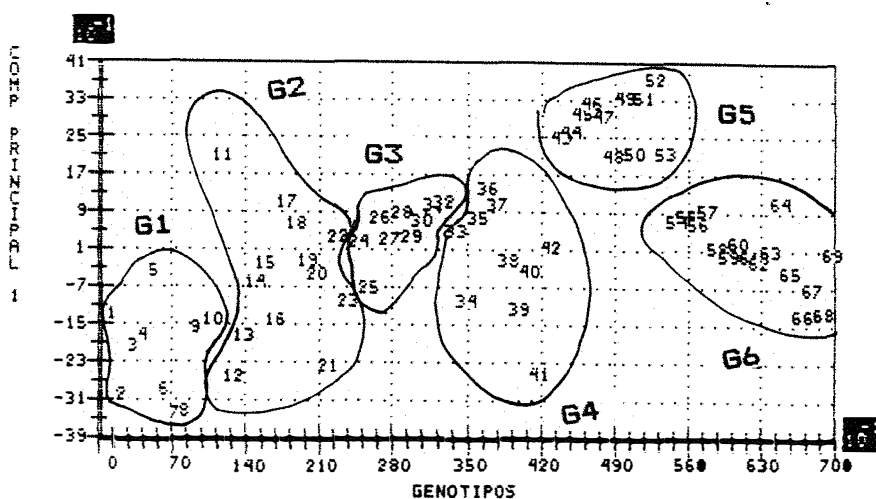


Figura 8. Discriminação das progênies de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do primeiro componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema PER.

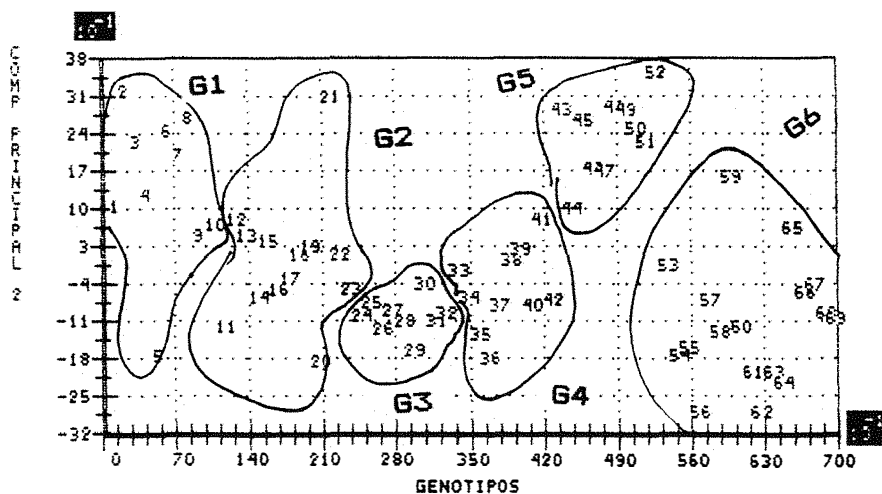


Figura 9 Discriminação das progênies de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do segundo componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema PER.

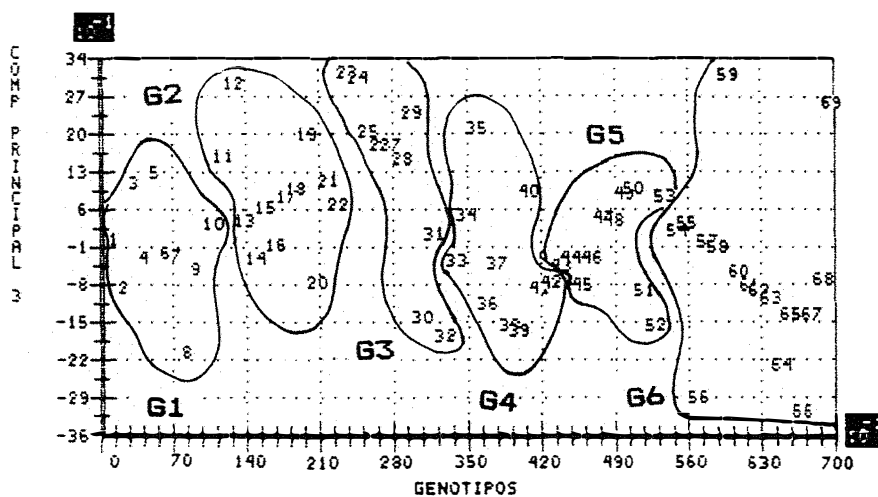


Figura 10. Discriminação das progênies de 69 acessos de ca jueiros do BAG-Caju, por meio do terceiro compo nente principal, obtido com o emprego das fre quências de bandas isoenzimáticas do sistema PER

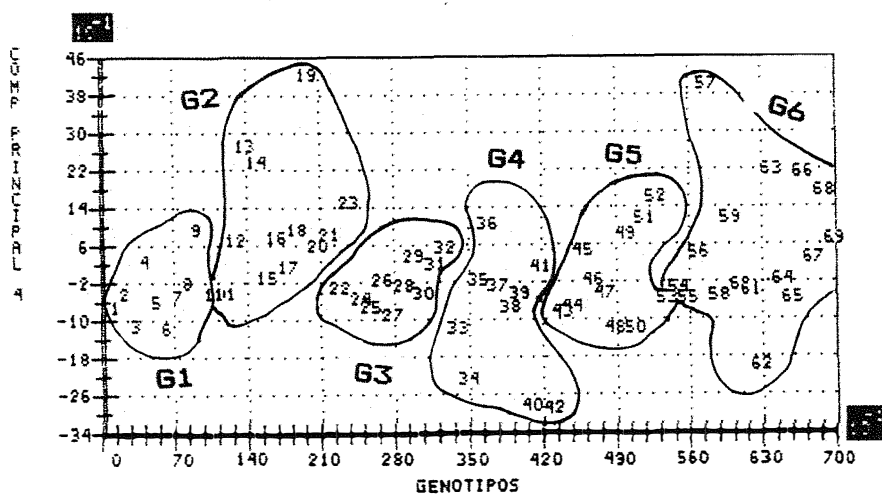


Figura 11. Discriminação das progênies de 69 acessos de ca jueiros do BAG-Caju por meio do quarto compo nente principal, obtido com o emprego das frequên cias de bandas isoenzimáticas do sistema PER.

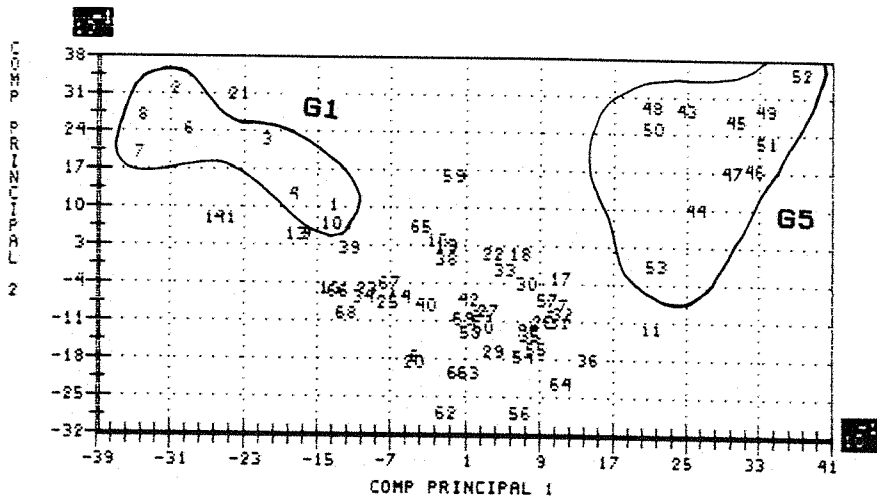


Figura 12. Discriminação das progênies de 69 acessos de ca<sub>u</sub> jueiros do BAG-Caju por meio do primeiro e segundo componentes principais, obtidos com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema PER.

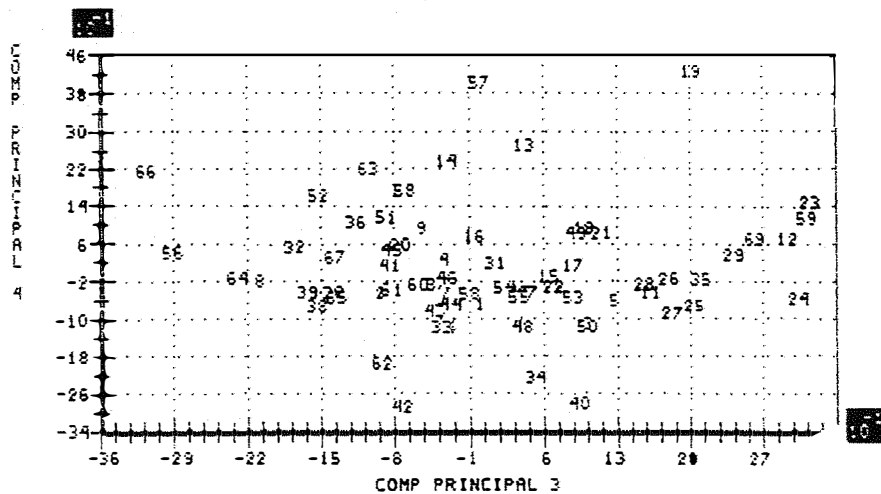


Figura 13. Discriminação das progênies de 69 acessos de ca<sub>u</sub> jueiros do BAG-Caju por meio do terceiro e quarto componentes principais, obtidos com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema PER.

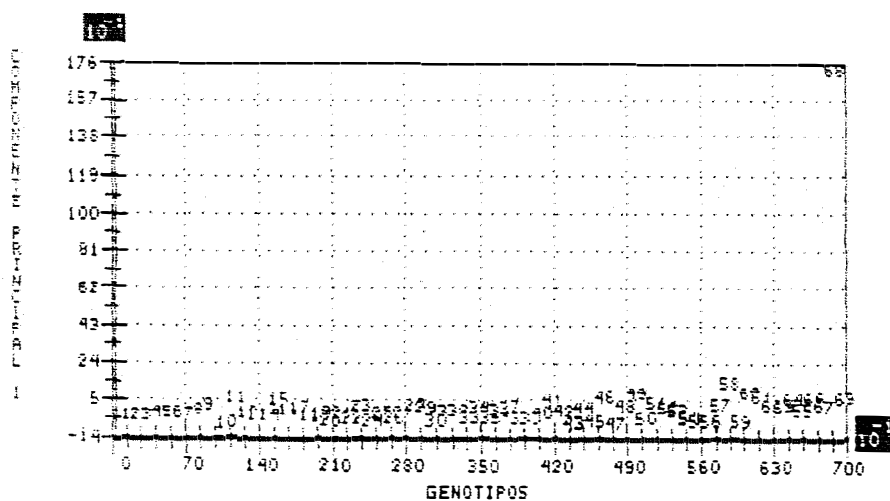


Figura 14. Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do primeiro componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT

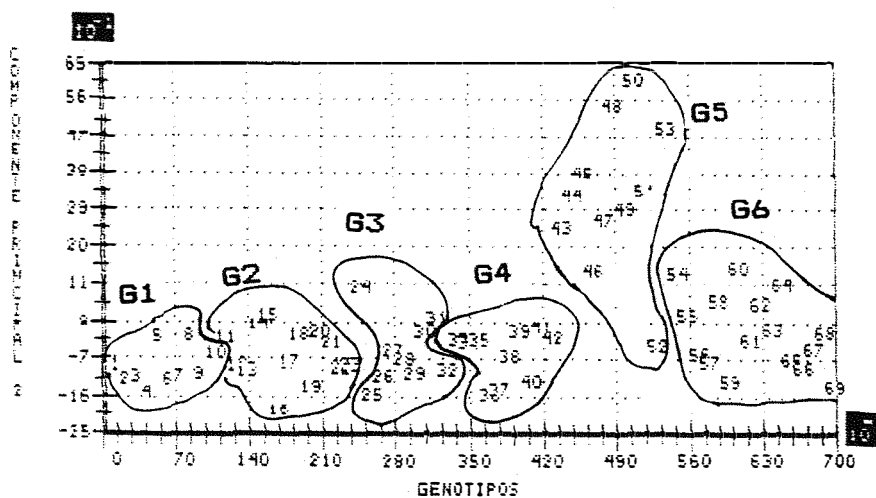


Figura 15. Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do segundo componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT.

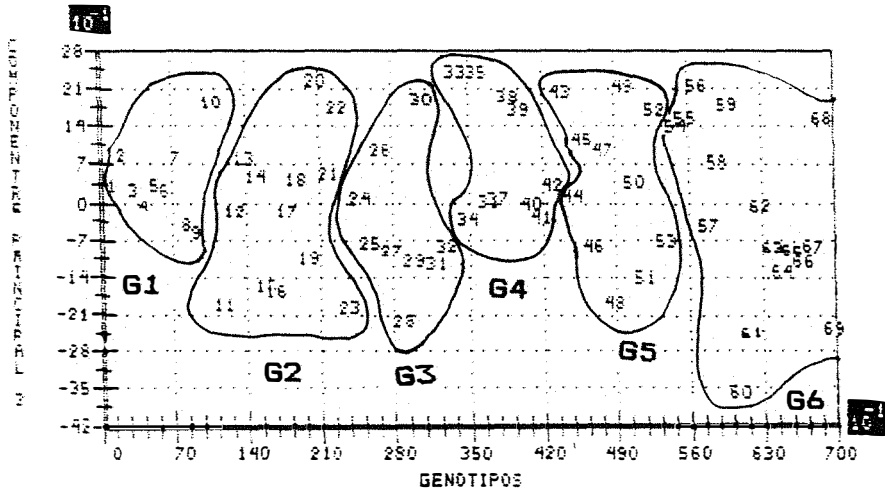


Figura 16. Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do terceiro componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT

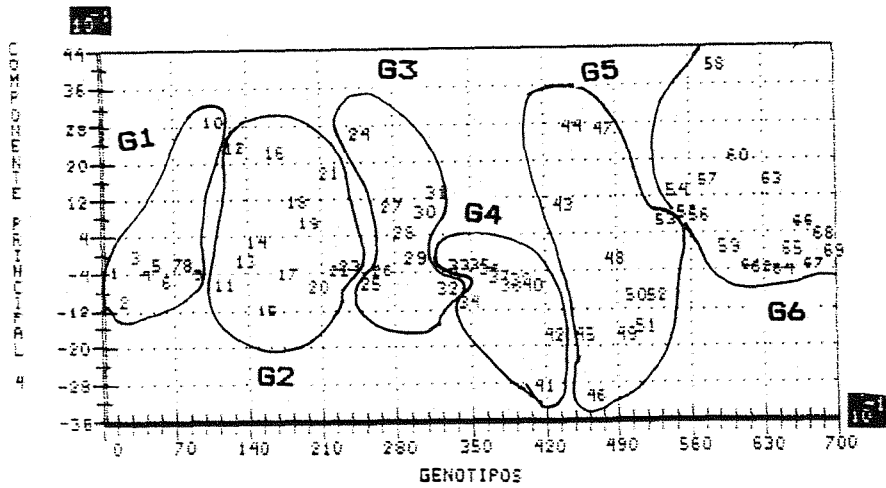


Figura 17. Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do quarto componente principal, obtido com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT.



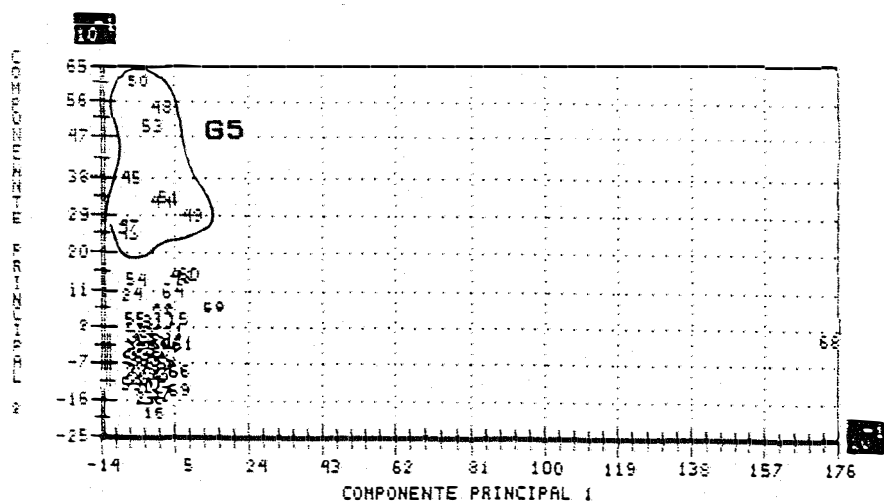


Figura 18. Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do primeiro e segundo componentes principais, obtidos com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT.

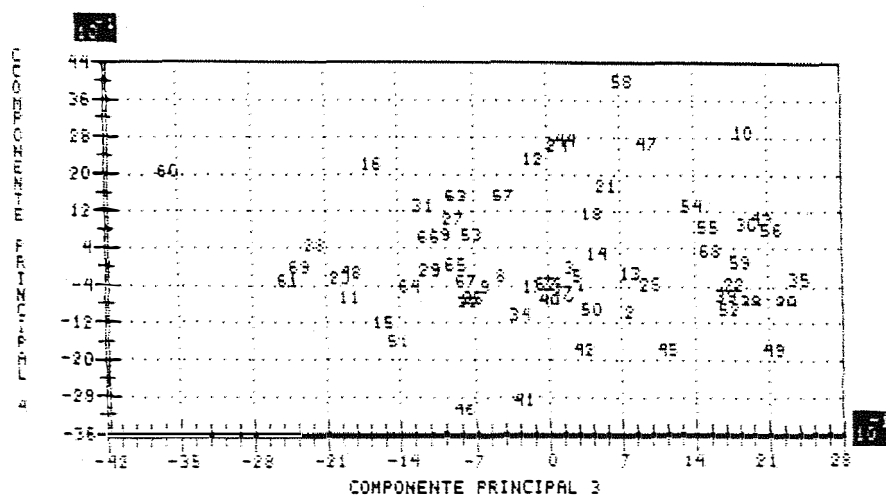


Figura 19 Discriminação das progênes de 69 acessos de cajueiros do BAG-Caju por meio do segundo e terceiro componentes principais, obtidos com o emprego das frequências de bandas isoenzimáticas do sistema GOT.

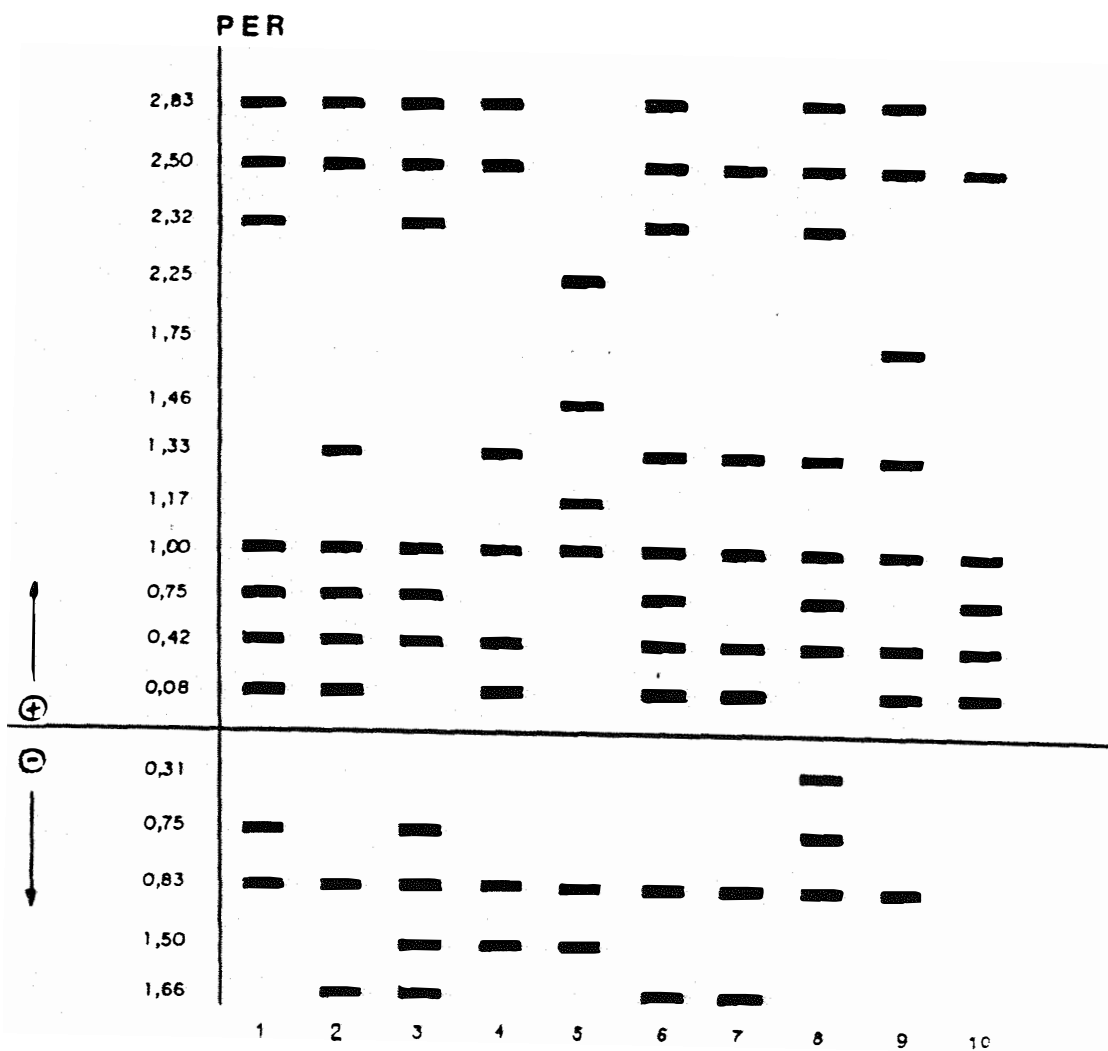


Figura 20. Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 10 acessos de cajueiros do tipo anão precoce, propagados por semente, do BAG-Caju, para o sistema PER.

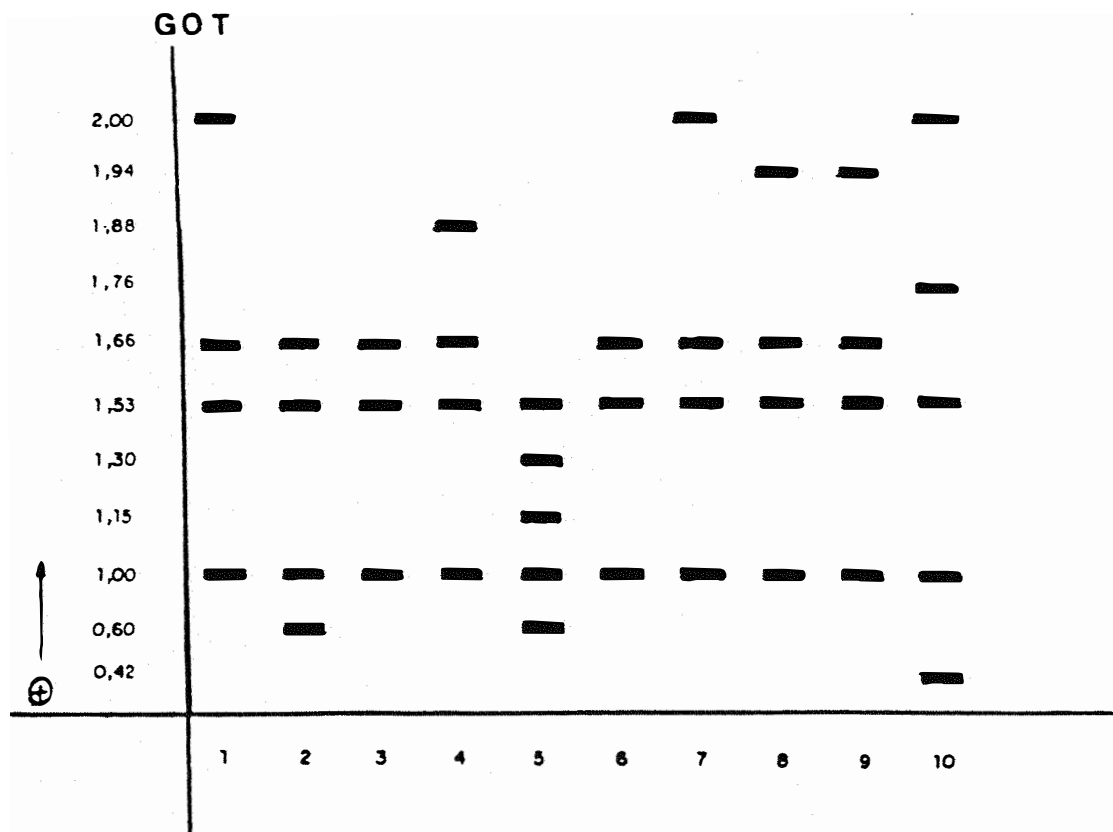


Figura 21 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 10 acessos de cajueiros do tipo anão precoce, propagados por semente, do BAG-Caju, para o sistema GOT.

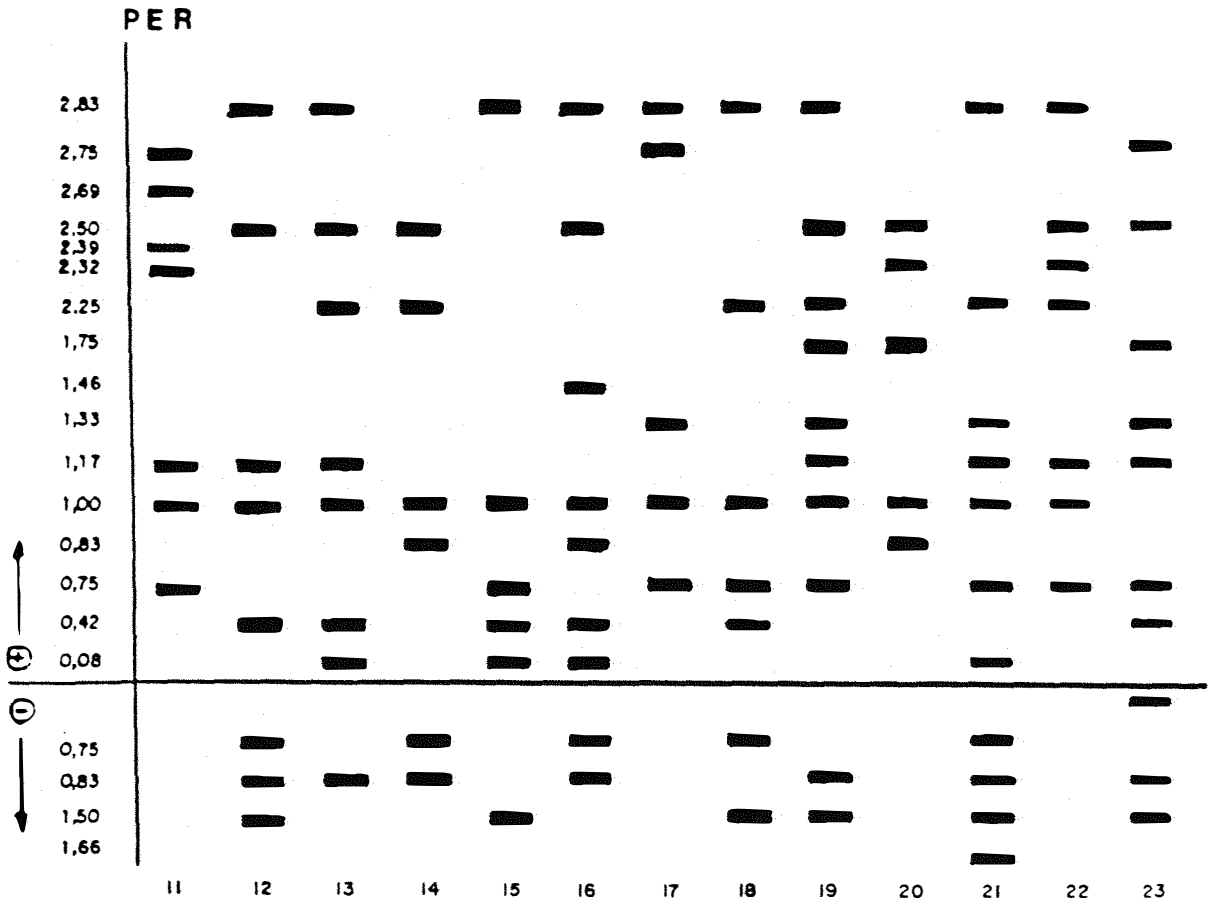


Figura 22. Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progénies de 13 acessos de cajueiros do tipo comum, propagados por semente, do BAG Caju, para o sistema PER.

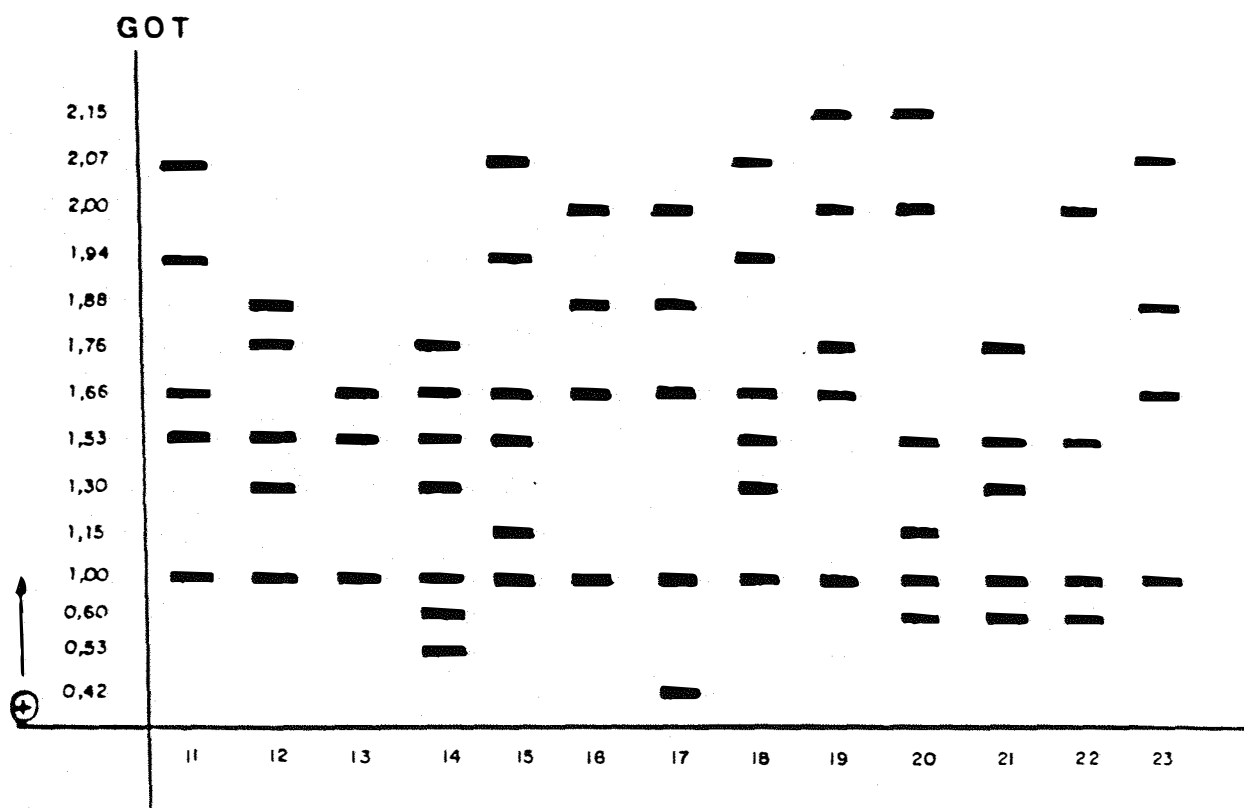


Figura 23 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 13 acessos de cajueiros do tipo comum, propagados por semente, do BAG Caju, para o sistema GOT.

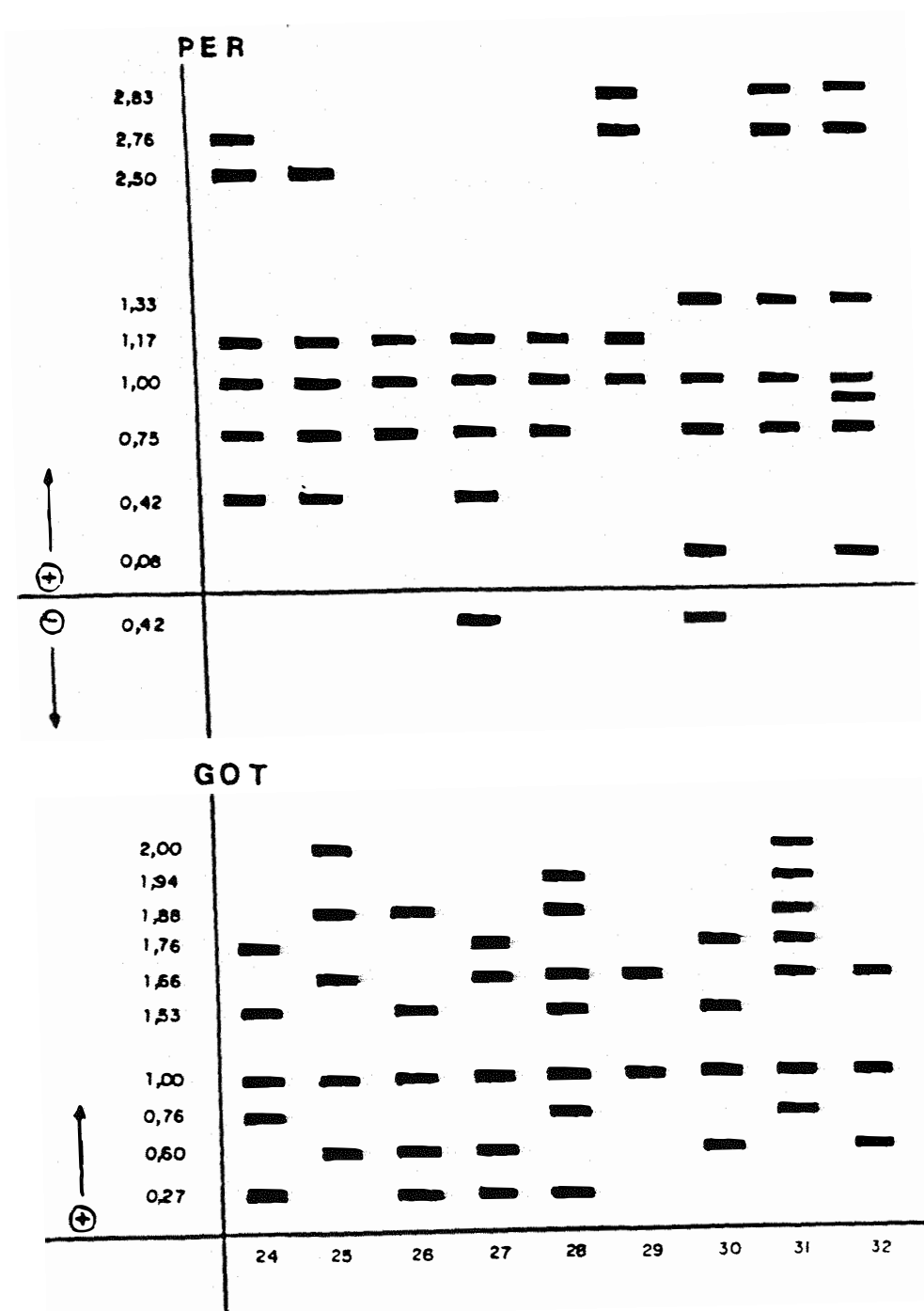


Figura 24 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênes de nove acessos de cajueiros introduzidos da Índia e propagados por semente, do BAG Caju, para os sistemas PER e GOT.

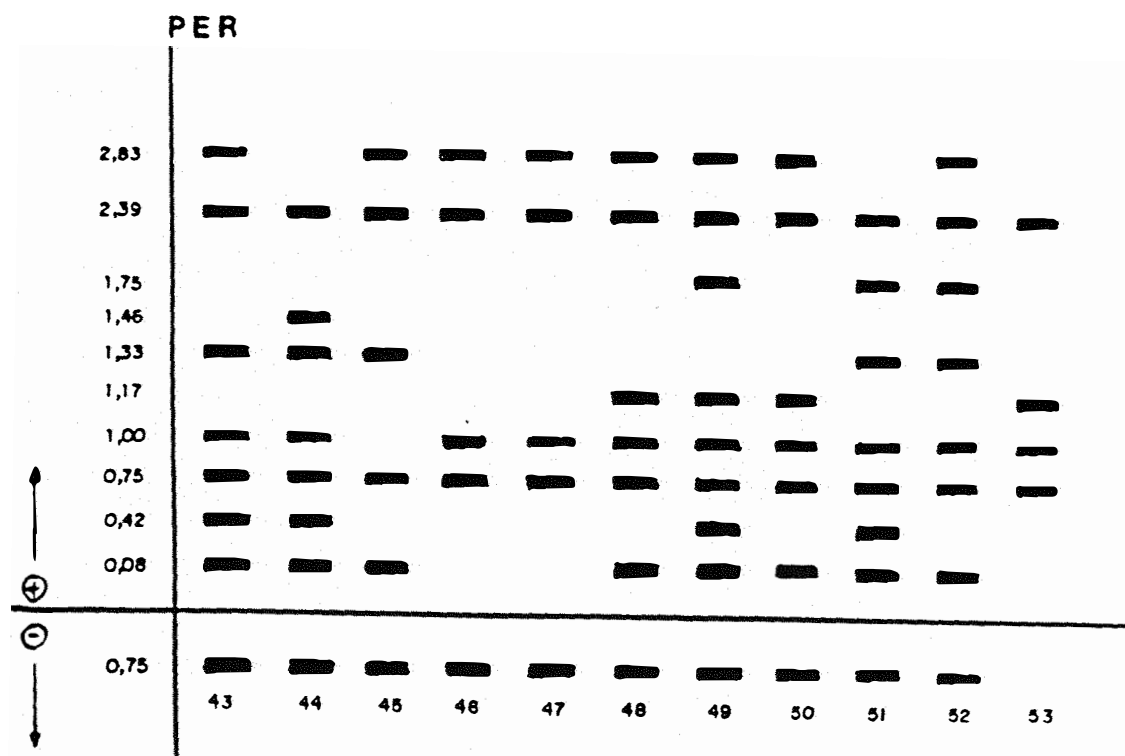


Figura 26. Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 11 acessos de cajueiros oriundos da Venezuela, propagados por semente, do BAG-Caju, para o sistema PER.

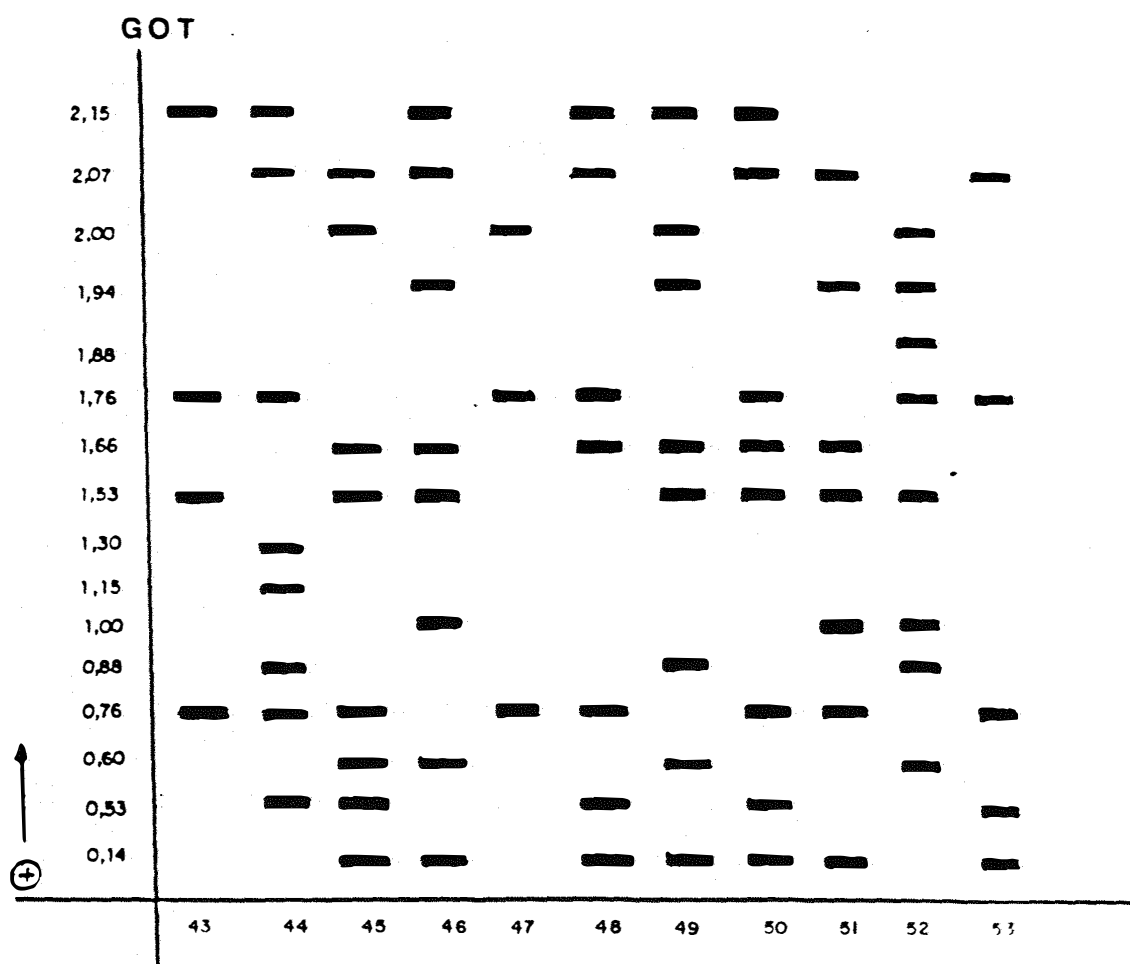


Figura 27 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 11 acessos de cajueiros oriundos da Venezuela, propagados por semente, do BAG-Caju, para o sistema GOT.



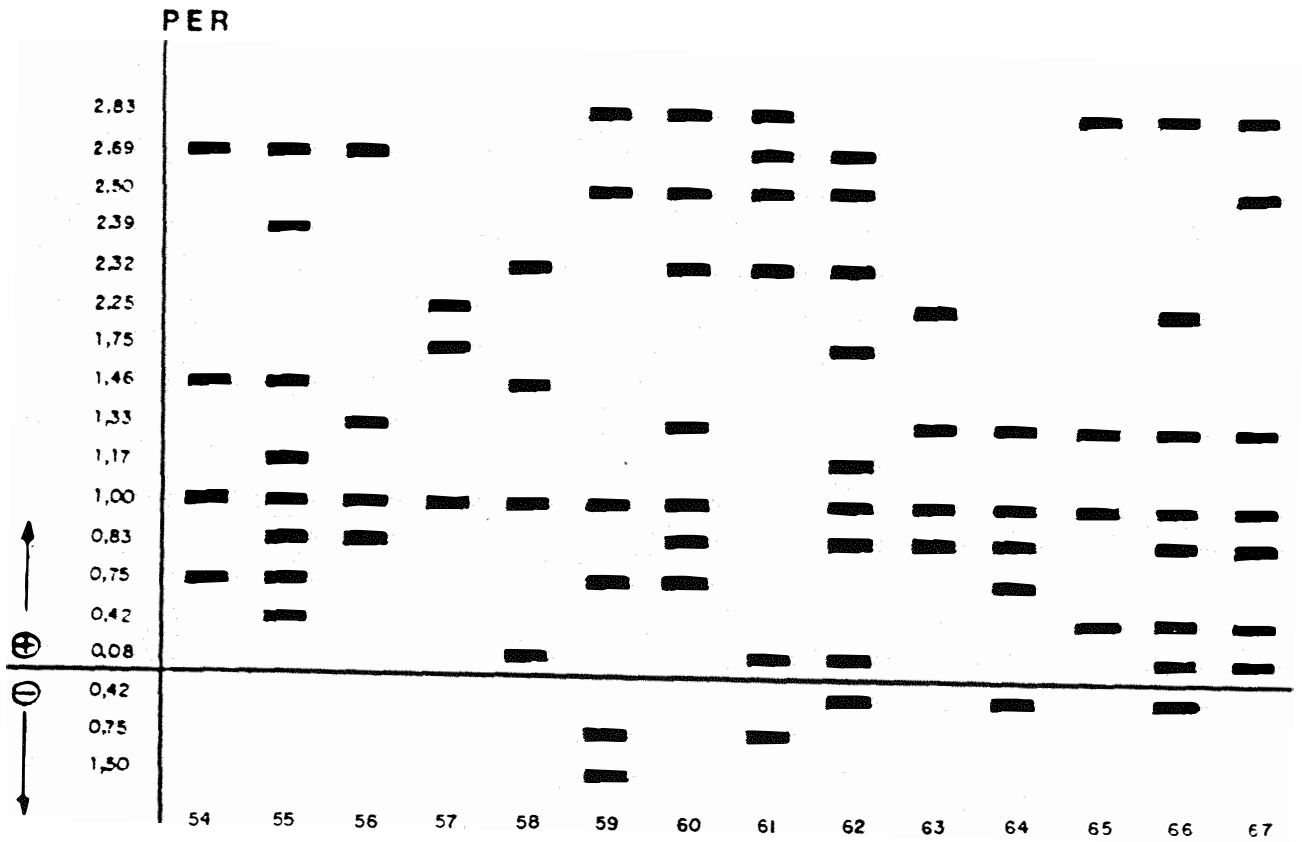


Figura 28. Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 14 acessos de cajueiros do tipo comum oriundos do Estado do Ceará e propagados vegetativamente, do BAG-Caju, para o sistema PER.

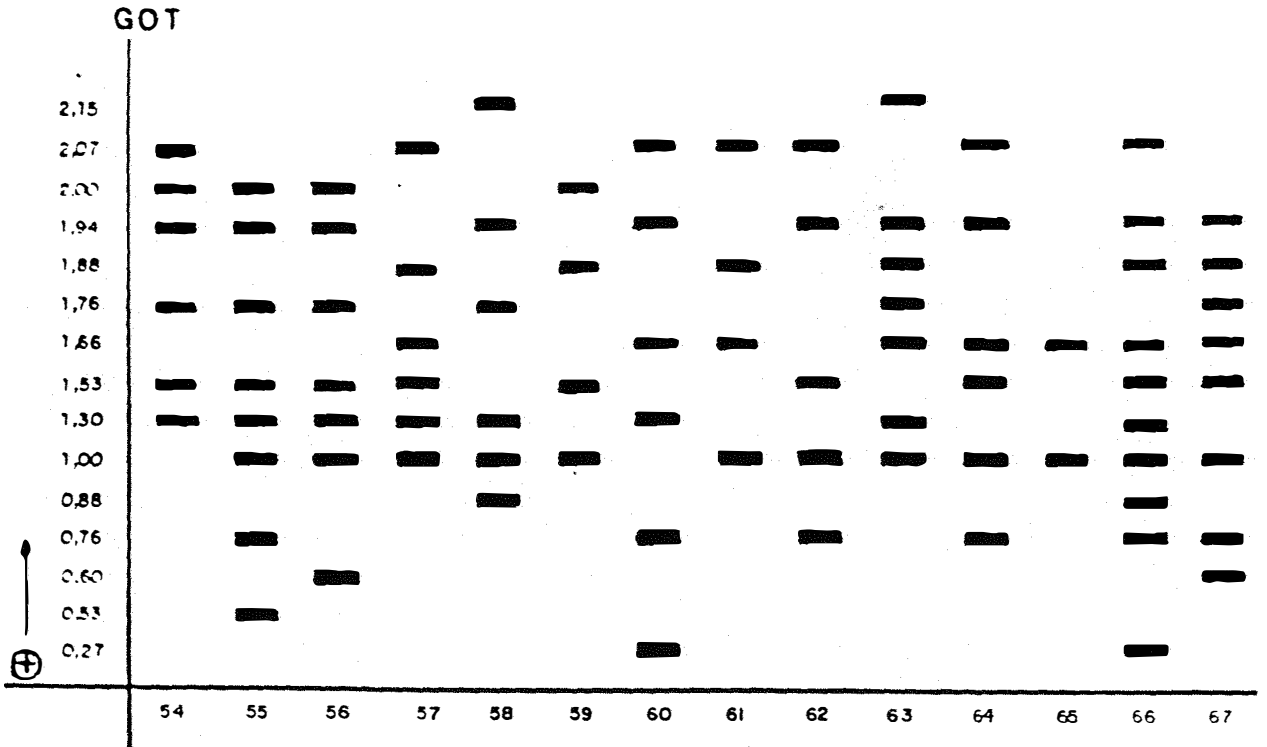


Figura 29 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies de 14 acessos de cajueiros do tipo comum oriundos do Estado do Ceará e propagados vegetativamente, do BAG-Caju, para o sistema GOT.

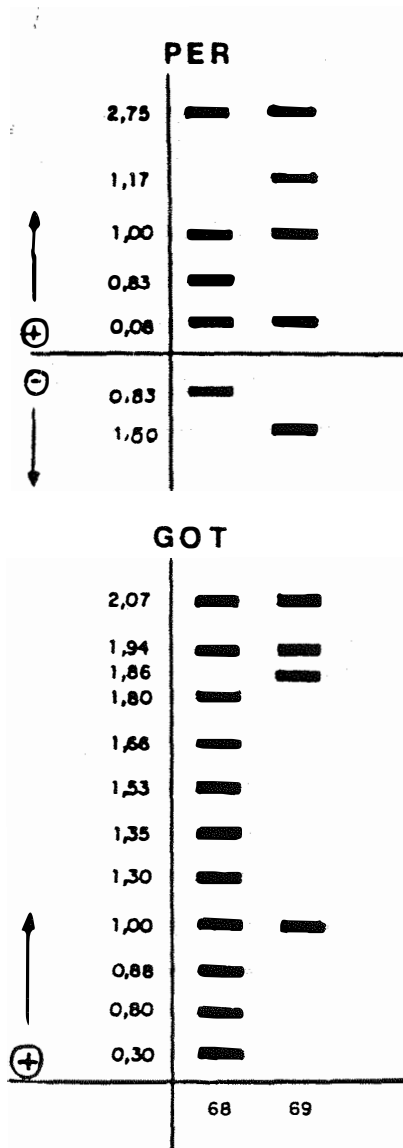


Figura 30 Perfis das bandas isoenzimáticas obtidas da avaliação das progênies dos acessos *Anacardium microcarpum* Ducke e *anacardium sp.*, Camocim, propagadas por semente, do BAG-Caju, para os sistemas PER e GOT.