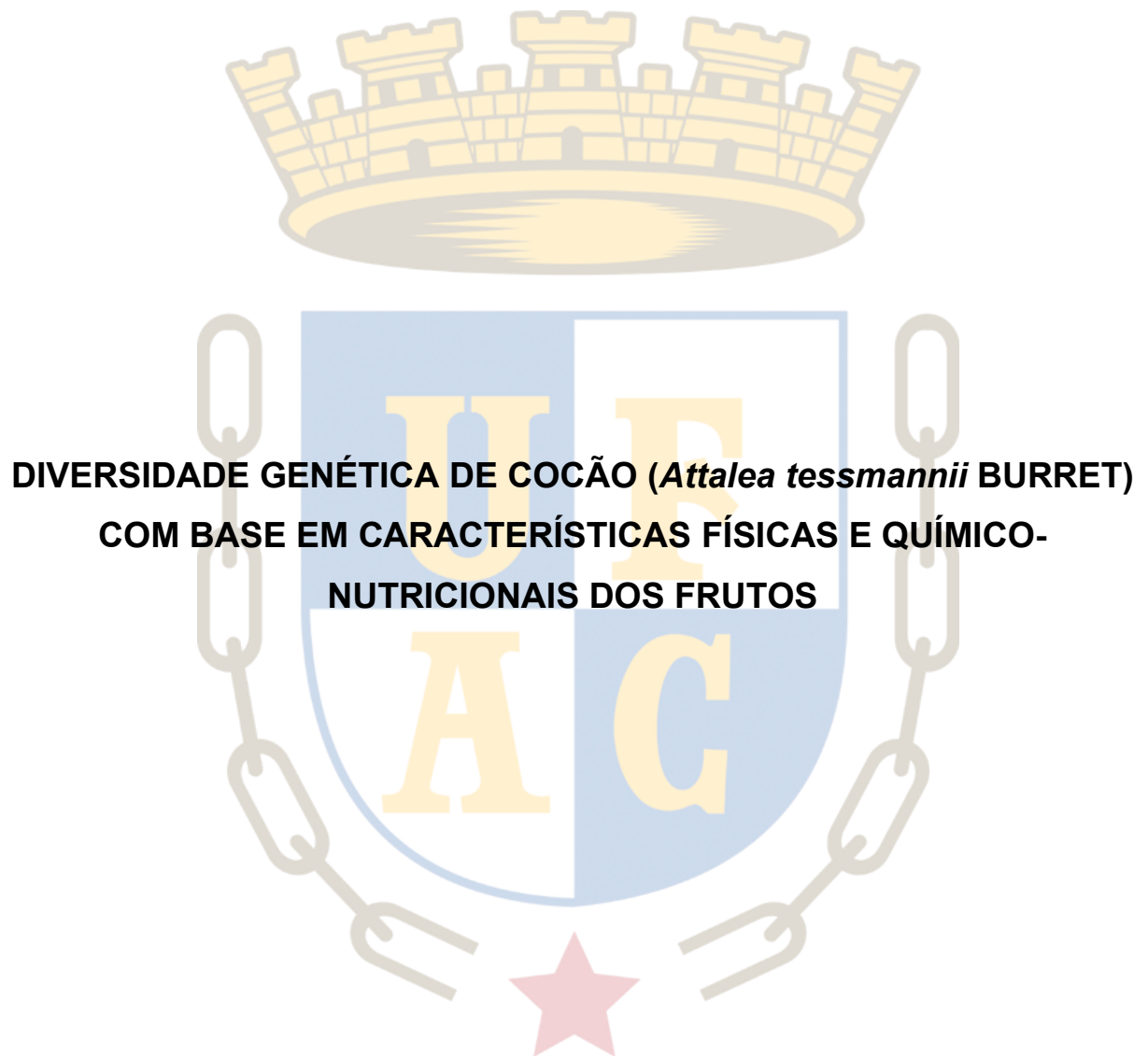


MARIA LÚCIA HALL DE SOUZA



RIO BRANCO - AC

2025



MARIA LÚCIA HALL DE SOUZA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE COCÃO (*Attalea tessmannii* BURRET)  
COM BASE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E QUÍMICO-  
NUTRICIONAIS DOS FRUTOS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Doutora em Produção Vegetal.

Orientador: Dr. Vanderley Borges dos Santos

RIO BRANCO - AC

2025



Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

---

S586d Souza, Maria Lúcia Hall de, 1969 -  
Diversidade genética de cocão (*Attalea tessmannii* Burret) com base em  
características físicas e químico-nutricionais dos frutos / Maria Lúcia Hall de  
Souza; Orientador: Prof. Dr. Vanderley Borges dos Santos – 2025.  
109 f.: 30 cm.

Dissertação (Doutorado) – Tese apresentada ao Programa de Pós-  
Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da  
Universidade Federal do Acre como parte das exigências para a obtenção do  
título de Doutora em Produção Vegetal.

1. Palmeira Amazônica. 2. Arecaceae. 3. Diversidade genética. I. Santos,  
Vanderley Borges dos (Orientador). II. Título.

CDD:581.5248

---




MARIA LÚCIA HALL DE SOUZA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE COCÃO (*Attalea tessmannii* BURRET) COM  
BASE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E QUÍMICO-  
NUTRICIONAIS DOS FRUTOS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de Doutora em Produção Vegetal.


APROVADA em 26 de fevereiro 2025

**BANCA EXAMINADORA**

Documento assinado digitalmente  
 **VANDERLEY BORGES DOS SANTOS**  
Data: 27/03/2025 13:14:30-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>


**Dr. Vanderley Borges dos Santos**

Universidade Federal do Acre (Presidente)

Documento assinado digitalmente  
 **ALMECINA BALBINO FERREIRA**  
Data: 20/03/2025 11:25:31-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>


**Almecina Balbino Ferreira**

Universidade Federal do Acre (Membro)

Documento assinado digitalmente  
 **COSME DAMIAO CRUZ**  
Data: 18/03/2025 12:00:24-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>


**Cosme Damião Cruz**

Universidade Federal de Viçosa (Membro)

Documento assinado digitalmente  
 **ROMARIO DE MESQUITA PINHEIRO**  
Data: 18/03/2025 11:19:36-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

**Romário de Mesquita Pinheiro**

Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia (Membro)

Documento assinado digitalmente  
 **TARCISIO JOSE GUALBERTO FERNANDES**  
Data: 19/03/2025 12:28:00-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

**Tarcísio José Gualberto Fernandes**

Universidade Federal do Acre (Membro)



Aos meus pais,  
Evandro Mariano de Souza (*In memoriam*) e  
Dercina Monteiro Hall, que, mesmo sem estudo formal ofereceram às filhas  
as bases para a educação, transmitiram valores como honestidade,  
integridade, simplicidade, respeito e amor ao próximo.  
Dedico.



## **AGRADECIMENTOS**

A Deus pela vida, proteção e saúde. Por me conceder a oportunidade e me dar forças para persistir e alcançar mais esse objetivo.

À toda a minha família, em especial ao Ronei Santana de Menezes, pelo incentivo e apoio constante, sempre me encorajando a acreditar na minha capacidade nos momentos difíceis.

À Universidade Federal do Acre, ao curso de Pós-graduação em Produção Vegetal e, a CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Vanderley Borges dos Santos, pela orientação e pelos aprendizados destes anos de convivência.

A todos os professores que durante este período compartilharam seus conhecimentos, contribuindo com a minha formação.

À graduanda e estagiária Andréa de Mesquita Alves pelo auxílio fundamental na coleta de dados em campo.

Ao mateiro, Francisco de Oliveira, pela condução com segurança nas áreas de florestas para coleta de frutos.

À doutoranda Márcia Mendonça, colega de curso, por ter sido uma grande parceira de jornada em todas as etapas e atividades do curso. Nos momentos difíceis, foi no apoio mútuo e na troca de conhecimento que encontramos as respostas. A parceria fez toda a diferença nessa jornada.

Ao diretor Rui Santana de Menezes e equipe da Unidade Tecnológica de Alimentos - UTAL/UFAC pelo compartilhamento do laboratório e ensino dos métodos para realização das análises de composição centesimal das amêndoas.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Acre pela parceria e apoio na realização das análises de minerais das amêndoas.

À SEMA, gestora das Unidades de Conservação Rio Liberdade e Mogno pelo apoio logístico referente a estadia na UGAI Liberdade.

Aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade em analisar e sugerir modificações para a melhoria do trabalho.

Aos amigos e colegas da pós-graduação, pelo apoio, convívio e troca de experiências e amizades.

Enfim, a todos (as) aqueles (as) que contribuíram de maneira direta ou indireta para que fosse possível a conclusão de mais essa etapa na minha vida.

O meu muito OBRIGADA!



## RESUMO

O cocão (*Attalea tessmannii* Burret) é uma palmeira de ocorrência natural no oeste e noroeste do Estado do Acre. Apresenta potencial econômico, social e de grande importância ecológica. No entanto, esse recurso da biodiversidade é pouco estudado e carece de informações quanto a estrutura genética que possa subsidiar programas de melhoramento genético, manejo e conservação da espécie. Nesse sentido, o objetivo do estudo foi caracterizar a variabilidade e estimar a divergência genética entre 60 genótipos de cocão (*Attalea tessmannii* Burret) por meio das características físicas e químico-nutricionais dos frutos. Para isso, foram avaliadas 15 características físicas dos frutos e 17 características químico-nutricionais das amêndoas. Para a caracterização da variabilidade genética foram realizadas as seguintes análises estatísticas: A descritiva, análise entre e dentro dos genótipos, distribuição de frequência, correlação de Pearson, estimativas de variâncias e parâmetros genéticos. A divergência genética entre os genótipos foi estimada com base na medida de dissimilaridade quadrado da distância Euclidiana. O agrupamento foi realizado pelos métodos de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA e PCA. Foi constatada a existência de variabilidade fenotípica para todas as características avaliadas. A variância entre foi maior que dentro dos genótipos. Observou-se correlação positiva entre as características físicas dos frutos e, positiva e negativas nos caracteres químico-nutricionais. As variâncias genotípicas foram superiores às ambientais em 93% das características avaliadas, enquanto as estimativas de herdabilidades foram altas em 87% dos caracteres. O método Tocher classificou os genótipos em 13 grupos, enquanto o de UPGMA formou 7 grupos para caracteres físicos. Para os caracteres químico-nutricionais, o Tocher formou 14 grupos e 5 no UPGMA. A variância contida nos 13 caracteres físicos dos frutos foi substituída por dois componentes principais, que explicaram 71% da variação dos dados. A variância contida nos 17 caracteres químico-nutricionais das amêndoas, separada em dois universos, foi substituída por dois componentes principais, que acumularam 75 e 70%, respectivamente, da variância explicada. Há variabilidade e ampla divergência genética entre os genótipos de cocão, portanto, são materiais promissores e que podem ser utilizados em futuros trabalhos de melhoramento, conservação e manejo da espécie.

**Palavras-chave:** Palmeira Amazônica. Arecaceae. Diversidade genética.



## ABSTRACT

The cocão (*Attalea tessmannii* Burret) is a palm tree that occurs naturally in the west and northwest of Acre. It has economic, social and ecological potential. However, this biodiversity resource is poorly studied and lacks information regarding its genetic structure that could support programs for genetic improvement, management and conservation of the species. In this sense, the objective of the study was to characterize the variability and estimate the genetic divergence among 60 genotypes of cocão (*Attalea tessmannii* Burret) through the physical and chemical-nutritional characteristics of fruits. For this, 15 fruits physical characteristics and 17 chemical-nutritional characteristics of the almonds were evaluated. To characterize the variability, the following statistical analyses were performed: descriptive, analysis between and within genotypes, frequency distribution, Pearson correlation, estimates of variances and genetic parameters. The genetic divergence among genotypes was estimated based on the squared dissimilarity measure of the Euclidean distance. The clustering was performed using the Tocher, hierarchical UPGMA and PCA optimization methods. The existence of phenotypic variability was observed for all evaluated characteristics. The variance between genotypes was greater than within genotypes. A positive correlation was observed between the physical characteristics of the fruits and positive and negative correlations in the chemical-nutritional characters. The genotypic variances were higher than the environmental ones in 93% of the evaluated characteristics, while the heritability estimates were high in 87% of the characters. The Tocher method classified the genotypes into 13 groups, while the UPGMA method formed 7 groups for physical characters. For chemical-nutritional characters, Tocher formed 14 groups and 5 in the UPGMA. The variance contained in the 13 physical characters of the fruits was replaced by two principal components, which explained 71% of the data variation. The variance contained in the 17 chemical-nutritional traits of almonds, separated into two universes, was replaced by two main components, which accumulated 75 and 70%, respectively, of the explained variance. There is variability and wide genetic divergence among the coconut genotypes, therefore, they are promising materials that can be used in future work on improvement, conservation and management of the species.

Keywords: Amazon palm tree. Arecaceae. Genetic diversity



## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** - Distribuição geográfica do cocão (*Attalea tessmannii* Burret) no Acre, Brasil .....21
- Figura 2** - Localização geográfica dos 60 indivíduos de cocão (*Attalea tessmannii* Burret) amostrados no município de Tarauacá – Acre. ....32
- Figura 3** - Processo de remoção das amêndoas do interior dos frutos amostrados de cocão: (A) frutos com amêndoas; (B) ferramenta “T com T”; (C) retirada da amêndoa com uso do “T com T”; (D) fruto após retirada da amêndoa. ....36
- Figura 4** - Distribuição de frequência relativa (%) de Massa fresca de fruto (A), comprimento do fruto (B), largura do fruto (C), espessura do fruto (D), massa seca de fruto (E), espessura do epicarpo (F), espessura do mesocarpo (G), diâmetro do endocarpo (H) referente as características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre. ....48
- Figura 5** - Distribuição de frequência relativa (%) de diâmetro total (A), números de amêndoas por fruto (B), massa fresca de fruto (C), massa seca de fruto (D), rendimento de amêndoa fresca por fruto (E), rendimento de amêndoa seca por fruto (F) referente as características de físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....50
- Figura 6** - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre as variáveis físicas de fruto e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....53
- Figura 7** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado no Quadrado da Distância Euclidiana para agrupamento de 60 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa. ....65
- Figura 8** - Análise de componentes principais de 60 genótipos de cocão, de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa. ....68
- Figura 9** - Distribuição de frequência relativa (%) de umidade (A), proteína (B), lipídios (C), cinzas (D), carboidrato total (E), fibra bruta (F), energia (G), referente as características químico-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....76
- Figura 10** - Distribuição de frequência (%) de cálcio (A), magnésio (B), potássio (C), fósforo (D), sódio (E), enxofre (F), cobre (G) e ferro (H) referente as características químico-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....78



<b>Figura 11</b> - Distribuição de frequência relativa (%) de manganês (A) e zinco (B), referente as características química-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....	79
<b>Figura 12</b> - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre variáveis produtivas de frutos e químico-nutricionais de amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre. ....	82
<b>Figura 13</b> - Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado na distância expressa pelo Quadrado da Distância Euclidiana de 56 genótipos de cocão, de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características química-nutricionais.....	89
<b>Figura 14</b> - Análise de componentes principais de 56 genótipos de cocão, de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características química nutricionais: (A) obtida de variáveis Ca, Mg, Zn e Fe. (B) obtida a partir de variáveis CZ, PB, CT e UM. ....	92



## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Características físicas de 60 plantas<sup>1</sup> de cocão (*Attalea Tessmannii* Burret) em área de ocorrência natural, município de Tarauacá - Acre.....33
- Tabela 2** - Coordenadas geográficas das 60 plantas<sup>1</sup> de cocão (*Attalea Tessmannii* Burret) em área de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre. ....34
- Tabela 3** - Valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional ( $\sigma$ ), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct), testes de Kolmogorov-Smirnov (KS) e Lilliefors (Li) referentes as características de físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre .....44
- Tabela 4** - Estimativa da variância entre e dentro para as características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....55
- Tabela 5** - Estimativas das variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias genótípicas ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ), estimados para características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre. ....56
- Tabela 6** - Agrupamento de 60 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa, pelo método de Tocher, utilizando o quadrado da distância Euclidiana como medida de dissimilaridade.....59
- Tabela 7** - Distâncias médias intra (diagonal principal) e intergrupos (abaixo da diagonal principal) estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 60 genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*), com base em características físicas do fruto e amêndoas. 60
- Tabela 8** - Número de genótipos (N) e médias das variáveis para os grupos de genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*) obtidos pelo método de Otimização de Tocher.....62
- Tabela 9** - Adequação do método hierárquico por meio do coeficiente de correlação cofenética, utilizando variáveis quantitativas.....64
- Tabela 10** - Autovalores dos componentes principais obtidos a partir da análise multivariada das características de frutos e amêndoas do cocão. ....66



<b>Tabela 11</b> - Autovetores das características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....	67
<b>Tabela 12</b> - Valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional ( $\sigma$ ), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct), testes de Kolmogorov-Smirnov (KS) e Lilliefors (Li) referentes as características químico-nutricionais da amêndoa em 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre .....	71
<b>Tabela 13</b> - Estimativas das variâncias fenotípicas ( $\sigma f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma e^2$ ), variâncias genotípicas ( $\sigma g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético (CV <sub>g</sub> ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV <sub>g</sub> /CV <sub>e</sub> ), estimados para características químico-nutricionais de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.....	80
<b>Tabela 14</b> - Agrupamento de 56 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características químico-nutricionais de amêndoa, pelo método de Tocher, utilizando o quadrado da distância Euclidiana como medida de dissimilaridade.....	85
<b>Tabela 15</b> - Distâncias médias intra (diagonal principal) e intergrupos (abaixo da diagonal principal) estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 56 genótipos de cocão ( <i>Attalea tessmannii</i> ), com base em características químico-nutricionais de amêndoas.....	86
<b>Tabela 16</b> - Número de genótipos (N) e médias das variáveis para os grupos de genótipos de cocão ( <i>Attalea tessmannii</i> ) obtidos pelo método de Otimização de Tocher.....	87
<b>Tabela 17</b> - Adequação do método hierárquico por meio do coeficiente de correlação cofenética, utilizando variáveis quantitativas.....	90
<b>Tabela 18</b> - Autovalores dos componentes principais obtidos a partir da análise multivariada das características químico-nutricionais do cocão. ....	91
<b>Tabela 19</b> - Autovetores das características químico-nutricionais de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre .....	91



## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b>	15
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b>	17
2.1 PALMEIRAS (Arecaceae)	17
2.2 IMPORTÂNCIA SOCIAL, ECONÔMICA E AMBIENTAL DE PRODUTOS FLORESTAIS NÃO MADEIREIROS	19
2.3 ASPECTOS GERAIS SOBRE O COCÃO ( <i>Attalea tessmannii</i> BURRET)	20
2.4 DIVERSIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE ESTUDO	24
2.5 TÉCNICAS MULTIVARIADAS PARA DIVERSIDADE GENÉTICA	25
2.6 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS	27
2.7 ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO	29
<b>3 MATERIAL E MÉTODOS</b>	32
3.1 ÁREA DE COLETA DOS FRUTOS	32
3.2 PERÍODO DE COLETA E SELEÇÃO DOS GENÓTIPOS	33
3.3 COLETA DE MATERIAL BOTÂNICO E DA AUTORIZAÇÃO DA PESQUISA NA UC	35
3.4 CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS FRUTOS E AMÊNDOAS	36
3.5 ANÁLISES QUÍMICO-NUTRICIONAL DAS AMÊNDOAS	37
3.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	38
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	44
4.1 CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DOS GENÓTIPOS	44
4.1.1 Variação fenotípica	44
4.1.2 Distribuição de frequência relativa dos caracteres físicos	47
4.1.3 Relação entre caracteres (correlação simples)	52
4.1.4 Análise de variação entre e dentro dos genótipos	54
4.1.5 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos	56
4.1.6 Estimativas de divergência em variáveis físicas	58
4.2 CARACTERIZAÇÃO QUÍMICO-NUTRICIONAL DOS GENÓTIPOS	70
4.2.1 Variação fenotípica	70
4.2.2 Distribuição de frequência relativa dos caracteres químico-nutricionais	75
4.2.3 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos	79
4.2.4 Relação entre caracteres (correlação simples)	81
4.2.5 Estimativas de divergência em variáveis químico-nutricionais	84
<b>5 CONCLUSÕES</b>	94
<b>REFERÊNCIAS</b>	96



## 1 INTRODUÇÃO

As florestas tropicais são ecossistemas importantes para o equilíbrio climático do planeta. Conhecidamente, embora suas contribuições com o ciclo hidrológico e conservação do solo sejam evidentes, as pressões antrópicas e seus impactos ambientais negativos são cada vez mais intensos. Torna-se imprescindível promover medidas de uso sustentável dos biomas que abrigam as vegetações nativas, além de atividades que possam recuperar áreas que se encontram em processos de degradação.

Na Amazônia, por sua vasta biodiversidade, as plantas nativas ocupam posição de destaque para o contexto mundial. Dentre as inúmeras espécies encontradas neste bioma, as palmeiras se destacam por sua importância socioeconômica e ambiental no uso direto e indireto dos recursos naturais. Servem como provedoras de alimentos, material para construções, matéria prima para cosméticos e diversos produtos e; quanto as funções de serviços ambientais, são fundamentais para a conservação do solo, manutenção da fauna e ciclagem da água – além de outras funções ecossistêmicas.

Uma destas espécies, pouco conhecida e estudada e de ocorrência no extremo oeste e noroeste do estado do Acre, é o cocão (*Attalea tessmannii* Burret). Esta palmeira possui grande importância econômica, principalmente pelo fornecimento de óleo extraído das amêndoas, de uso na alimentação e como matéria-prima para cosméticos. Além disso, seus frutos (epicarpo, mesocarpo e endocarpo) vêm sendo empregados recentemente na geração de energia sustentável a partir do carvão. Diante da crescente demanda por óleos comestíveis, matéria-prima para cosméticos e alternativas sustentáveis de energia, o melhoramento genético do cocão torna-se essencial para aumentar a eficiência produtiva e a qualidade dos frutos, assegurando sua viabilidade econômica, social e ambiental.

O atual mercado de carvão proveniente da supressão de indivíduos poderia ser substituído pelo fornecimento de carvão oriundo do fruto de *Attalea tessmannii*. Esta opção potencializaria uma alternativa de obtenção de energia renovável, considerando que sua exploração não implica na derrubada de plantas nativas, contribuindo para a conservação das florestas e a geração de renda para as populações tradicionais que a utilizam.



Devido à relevância socioeconômica e ambiental do cocão, torna-se indispensável a realização de estudos que aprofundem o conhecimento sobre a espécie. Pesquisas em sustentabilidade na exploração desse recurso natural e que contribuam para direcionar estratégias que favoreçam a sua conservação, manejo, melhoramento e avanços no processo de domesticação de uso sustentável devem ser priorizadas, assim como ocorre com a palmeira açaí (*Euterpe oleracea*) que já possui estudos avançados quanto a sua exploração e cultivos, sendo uma das principais palmeiras fornecedoras de produtos florestais não madeireiros, na Amazônia.

Para atender demanda de mercado é importante a implantação de sistema de cultivos comerciais agroextrativistas, especialmente no que diz respeito ao adensamento de espécies em áreas antropizadas, a partir de seleção de características de desempenho agrônomo superior, e assim elevar sua produtividade.

O conhecimento da diversidade genética é fundamental para desenvolver futuros programas de melhoramento direcionados às obtenções de variedades ou cultivares com características agrônomicas desejáveis.

A importância de descritores tanto fenotípicos quanto moleculares, associados a análises estatísticas univariadas e multivariadas, é amplamente reconhecida para caracterizar e estimar a divergência genética de espécies do mesmo gênero, além de indicar indivíduos potenciais para seleção, fornecendo subsídios indispensáveis para a implementação de programas de melhoramento genético e conservação.

Diante da existência de poucos estudos sobre a espécie e a sua representatividade como potencial econômico, social e ambiental para as comunidades locais e economia regional, torna-se fundamental obter informações por meio de estudos que abordem o tema. Assim, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar a variabilidade e estimar a divergência genética entre genótipos de cocão, com base em características físicas e químico-nutricionais de frutos procedentes de população natural, no noroeste do Acre.



## 2 REVISÃO DE LITERATURA

A revisão de literatura aborda assuntos referentes aos aspectos gerais de palmeiras (Arecaceae), caracterização sobre a espécie em estudo, o cocão e, importância social, econômica e cultural dos produtos florestais não madeireiros para populações extrativistas, além de destacar a importância de estudos de diversidade genética como estratégia de fornecer informações visando a sustentabilidade dos recursos naturais e técnicas de análises estatísticas.

### 2.1 PALMEIRAS (Arecaceae)

A Amazônia abriga a maior área contínua de floresta tropical do planeta. Entre as espécies que compõem sua biodiversidade, destacam-se as palmeiras, que representam uma das famílias de plantas de maior importância econômica no mundo (Henderson, 2006). Além disso, essas plantas desempenham um papel central no equilíbrio ecológico da floresta (Beck, 2006) e possuem significativa relevância cultural devido aos diversos usos praticados por populações locais.

As palmeiras são pertencentes a família Arecaceae (Palmae), são plantas monocotiledôneas, formando um grupo natural de plantas, com morfologia muito característica, que permite, mesmo aos mais leigos, a sua identificação sem maiores dificuldades (Sodré, 2005). São representadas por cerca de 2.600 espécies reunidas em mais de 240 gêneros e estão distribuídas entre as plantas mais antigas do mundo, sendo que seus vestígios remontam a mais de 120 milhões de anos. A maior ocorrência de gêneros e espécies verifica-se nas regiões tropicais da Ásia, Indonésia, ilhas do Pacífico e Américas. No Brasil foram registradas 383 espécies de ocorrência em várias regiões, classificadas como “espécies nativas” e “espécies exóticas”, com 208 e 175 espécies, respectivamente (Lorenzi et al., 2004). Habitam principalmente as regiões tropicais do globo.

As palmeiras possuem hábito geralmente arborescente, apresentando tipicamente tronco tipo estipe, colunar, encimado por folhas gigantes geralmente dispostas em espiral e contendo folíolos coriáceos (Martins; Filgueiras, 2006). A sistemática da família é tradicionalmente baseada nas características morfológicas dos estipes, das folhas, dos frutos, das flores, nas particularidades anatômicas dos seus órgãos, em comparação de características citológicas e



histológicas, estudos das distribuições geográficas atuais e história da evolução da família e seus gêneros (Henderson et al., 1995; Dransfield et al., 2008; Soares et al., 2014).

De acordo com Oliveira e Rio (2014), a maior parte de ocorrência no Brasil é nativa da Amazônia, com destaque em pelo menos cinco gêneros pela importância regional, nacional e até internacional, como: *Euterpe*, *Bactris*, *Astrocaryum*, *Oenocarpus* e *Jessenia*, que totalizam 20 espécies potencialmente econômicas para o agronegócio de frutos, palmito e óleo comestível, e mais recentemente, como alternativa para a produção de biodiesel. Outros gêneros importantes são *Attalea*, *Mauritia* e *Elaeis*. A parte economicamente viável da maioria dessas espécies são seus frutos, os quais são explorados de várias formas, seja a polpa, a amêndoa e o endocarpo.

Segundo Johnson (1998), as palmeiras representam a terceira família botânica mais importante para o ser humano. Possuem ampla distribuição, abundância, produtividade e diversidade de usos, sendo de grande importância alimentar, medicinal, cosméticos e ornamental (Zambrana et al., 2007). Possivelmente são as mais usadas por populações indígenas na América (Bates, 1988). Em geral representa uma fonte de importantes recursos que contribuem para a sobrevivência de diferentes comunidades (Byg; Balslev, 2001; Zambrana et al., 2007), estando entre as principais fontes de recursos florestais não madeireiros (Balick, 1984). Além disso, são produzidos artefatos como cestos, vassouras, peneiras; construções rústicas, entre outros.

A maioria das palmeiras usadas como alimentos pelos primeiros povos é rica em óleo, o que sugere um potencial oleaginoso. Algumas palmeiras oferecem quantias importantes de óleo na polpa do fruto (mesocarpo), outras na semente, e outras em ambos (Clement; Lleras; Leeuwen, 2005). Os mesmos autores ainda destacam a importância nutricional dos frutos devido à presença de amido, proteínas e vitaminas na maioria das palmeiras.

Os óleos fixos dos frutos e sementes de família Arecaceae merecem destaques, pois a maioria das espécies produz sementes abundantes em óleos, os quais são utilizados como reserva para desenvolvimento das plântulas e, estão presentes em quantidades suficientes para fins comerciais (Meyer, 2013).

Além da importância econômica, as palmeiras desempenham papel crucial na ecologia, contribui para a fertilidade do solo, ajuda na conservação da água, essencial para a manutenção dos ecossistemas circundantes, na biodiversidade e na influência



da diversidade de outras espécies vegetais e animais, criando um ecossistema equilibrado e resiliente, conforme destacam Vinhal, Lima e Barbosa (2014), em estudo com o gênero *Attalea*.

No estado do Acre, as principais palmeiras que ocorrem em áreas extrativistas são: tucumã (*Astrocaryum aculeatum*), bacaba (*Oenocarpus mapora*), oricuri (*Attalea phalerata*), buriti (*Mauritia flexuosa*), açaí (*Euterpe precatoria* Mart) e murmururu (*Astrocaryum murumuru*) (Meneguetti; Siviero, 2020). Sendo essas três últimas consideradas como principais fornecedoras de Produtos Florestais Não Madeireiros (PFNMs). E mais recentemente, o cocão (*Attalea tessmannii* Burret) com potencial oleaginoso, de ocorrência na região do Juruá e Tarauacá/Envira.

Dessa forma, além de estratégias para o fortalecimento de tal economia, visando proporcionar melhores condições de vida para as comunidades agroextrativistas, é importante também reforçar a conservação das espécies como fator preponderante à sustentabilidade local e mesorregional.

## 2.2 IMPORTÂNCIA SOCIAL, ECONÔMICA E AMBIENTAL DE PRODUTOS FLORESTAIS NÃO MADEIREIROS

Historicamente, os produtos florestais não madeireiros (PFNM) são responsáveis por contribuir na vida das populações tradicionais que habitam em ambientes florestais. O Brasil tem uma grande diversidade de recursos naturais, o que favorece o mercado de produtos relacionados ou não ao uso de produtos madeireiros. Esta atividade é de suma importância no que diz respeito aos aspectos sociais, econômicos e políticos do país (Silva et al., 2020). Do modo mais abrangente, quanto ao uso múltiplo da floresta, para Giatti et al. (2021), o extrativismo de PFNMs é uma das atividades econômicas mais relevantes para o bem-estar das comunidades e para a conservação *in situ* da agrobiodiversidade.

A crescente demanda por PFNMs oferece uma oportunidade de desenvolvimento econômico, promovendo a inclusão social e produtiva de agricultores familiares, ao mesmo tempo em que contribui para a conservação dos ecossistemas florestais (Brites; Morsello, 2016; Elias; Santos, 2016; Martinot et al., 2017). Esses produtos fazem parte da agrobiodiversidade e englobam recursos biológicos extraídos



de florestas nativas, como frutos, óleos, folhas, fibras, raízes e animais silvestres, com exceção da madeira (De Beer; Mcdemott, 1989).

No Brasil, algumas palmeiras estão inseridas no grupo de produtos da sociobiodiversidade, como babaçu (*Attalea speciosa*), carnaúba (*Copernicia prunifera*), açaí (*Euterpe* sp.), buriti (*Mauritia flexuosa*) e piaçava (*Leopoldinia piassaba*), cujas cadeias produtivas promovem o desenvolvimento sustentável de povos da floresta, comunidades tradicionais e agricultores familiares, e que fazem parte do Plano Nacional de Promoção das Cadeias de Produtos da Sociobiodiversidade (MMA, 2011).

No estado do Acre os principais PFNMs são borracha (*Hevea brasiliensis*), castanha-do-pará (*Bertholletia excelsa*), açaí (*Euterpe precatoria* Mart) e buriti (*Mauritia flexuosa*). Outros produtos são comercializados em menor quantidade, como o murmuru (*Astrocaryum murumuru*), andiroba (*Carapa guianensis*), copaíba (*Copaifera* sp.), e mais recentemente o cocão, no entanto, ainda em fase de estruturação e consolidação da cadeia produtiva à qual pertence.

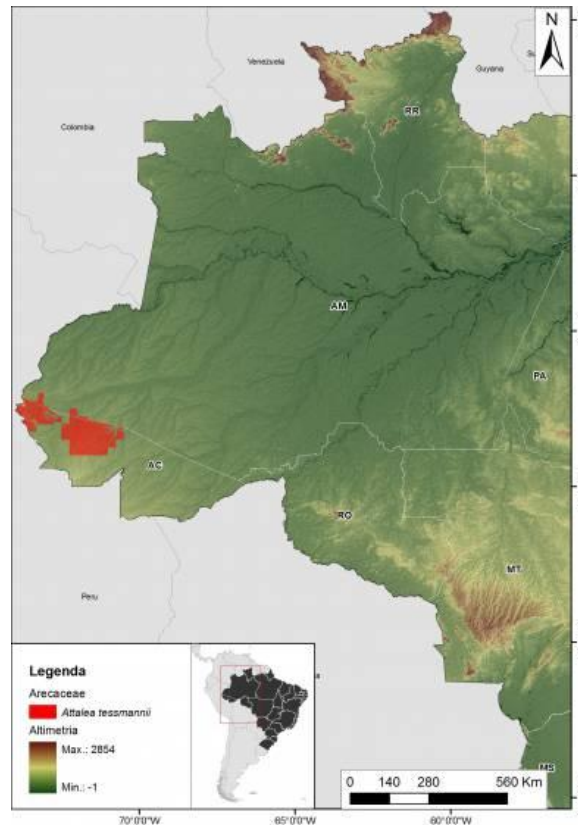
### 2.3 ASPECTOS GERAIS SOBRE O COCÃO (*Attalea tessmannii* BURRET)

A *Attalea tessmannii* Burret foi descrita por Maximilian Burret (1883-1946), com publicação na revista Notizblatt des Botanischen Gartens und Museums zu Berlin-Dahlem em 1929, sua exsicata consta no herbário do Jardim Botânico de New York e no herbário da Universidade Federal do Acre. É nativa do Peru e Brasil, conhecida popularmente como "cocão", "coco-palmeira", "pindobassu", "chonta" e "conta" (Lorenzi; Noblick; Kahn, 2010).

No Brasil, a espécie ocorre na Amazônia, exclusivamente no estado do Acre (Leitman et al., 2012), sendo, portanto, endêmica e fazendo parte das espécies de palmeiras nativas da região. Ocorre em sub-bosque ou no dossel em mata de terra firme, agrupadas em populações densas (Shanley; Medina, 2005). No Acre, a *Attalea tessmannii* Burret é conhecida popularmente com o nome "cocão" e de acordo com Ferreira (2010), a espécie ocorre nos municípios de Cruzeiro do Sul, Mâncio Lima, Marechal Thaumaturgo, Porto Walter, Feijó e Tarauacá, compreendendo as regionais Juruá e Tarauacá/Envira – no oeste e noroeste do território acreano (Figura 1).



**Figura 1** - Distribuição geográfica do cocão (*Attalea tessmannii* Burret) no Acre, Brasil



Fonte: (CNCFlora, 2012).

Quanto a morfologia, o cocão possui estipe ereto, solitário (que pode atingir 24 metros de altura), 46 centímetros de diâmetro e revestido pelos remanescentes das folhas já caídas. As folhas variam de 12 a 25 unidades, com comprimento que pode alcançar até 10 metros, a bainha varia de 62 a 200 cm de comprimento, 65 cm de largura na inserção do pecíolo, raque com 6,5 a 8,5 m de comprimento, com pinas que varia de 190 a 295 por lado da folha, mais ou menos agrupadas, regular ou irregularmente dispostas em mais de um plano linear. As pinas medianas possuem 1,2 a 1,4 m de comprimento e 5 a 6 cm diâmetro (Lorenzi et al., 2004; Ferreira, 2005).

As inflorescências (formadas por brácteas, raque e flores) são intrafoliares, estaminadas e andróginas na mesma planta, com pedúnculo de quase 2 m e bráctea peduncular de 1,8 a 2,7 m de comprimento, raque com 1 a 1,6 m de comprimento. As flores são estaminadas com 3 sépalas, com 3 a 5 pétalas livres, lineares, achatadas e com 1,2 a 1,5 cm de comprimento e 10 a 14 estames. As flores estaminadas são distribuídas em pares inseridas em espiral ao longo das ráquulas. Os frutos são oblongos, medindo de 11 a 15 centímetros de comprimento, e geralmente contêm de uma a três sementes por fruto, podendo pesar quase um quilo por unidade (Lorenzi



et al., 2004; Ferreira, 2005), a casca é dura e fibrosa, cobrindo uma camada fina de amido em cima de um endocarpo lenhoso (Shanley; Medina, 2005).

Um traço distintivo do cocão é a coloração acinzentada na face inferior de suas folhas, um atributo incomum em relação a outras espécies do mesmo gênero, como o uricuri (*Attalea phalerata*) e o jaci (*Attalea butyraceae*), que apresentam coloração verde na face inferior das folhas (Ferreira, 2010). A característica botânica citada é importante para a caracterização e distinção do cocão em relação a outras espécies do gênero *Attalea*.

Os frutos do cocão são compostos por quatro partes distintas: epicarpo, endocarpo, mesocarpo e amêndoas, sendo utilizados de maneira diversificada por populações tradicionais. As amêndoas dos frutos são empregadas na produção de óleo comestível, servindo como alternativa ao óleo de soja e como matéria-prima para cosméticos destinados à pele e ao cabelo. As partes que compreendem ao epicarpo, endocarpo, mesocarpo são utilizados na produção de carvão. Vale destacar que os frutos do cocão (*Attalea tessmannii* Burret) também são explorados para a coleta de larvas de besouros parasitas presentes no interior do fruto. Essas larvas (*Pachymerus nucleorum*) são consumidas na alimentação por grupos indígenas (Campo; Ehringhaus, 2003; Machado, 2016).

Quanto a propagação, há escassez de informações que possibilitem a incorporação dessas espécies em sistemas de produção, sobretudo em aspectos relacionados à propagação das mesmas. Segundo Costa e Marchi (2008), a maioria das espécies de palmeiras não dispõe de mecanismos naturais de propagação vegetativa. Sua multiplicação ocorre, principalmente, por sementes e que, de modo geral a germinação de sementes de palmeiras tem sido apontada como lenta, irregular e frequentemente baixa, podendo exibir diferentes graus de dormência, o que torna a produção de mudas um grande desafio. Não há registro sobre estudo de germinação do cocão. No entanto, em estudo de densidade realizado por Yawanawá et al. (2019) sobre o cocão na Terra Indígena do Rio Gregório, observou-se uma significativa percentagem de indivíduos jovens, concluindo que a espécie possui um elevado potencial de autorregeneração na região pesquisada.

Sobre a coleta dos frutos, ocorre entre janeiro e abril quando caem no chão por ocasião de maturação, facilitando o trabalho de coleta, e é realizada de forma manual semelhante à maioria dos produtos florestais não madeireiros, envolvendo membros da



família, ou seja, mão de obra familiar. A gênese do nome vulgar, "cocão", provavelmente deve estar associado ao tamanho do furto (Ferreira, 2005).

Dessa forma, a espécie se destaca devido ao seu potencial oleaginoso, uma vez que as amêndoas contêm quantidades significativas de óleo, e os resíduos provenientes dos frutos representam uma alternativa viável para a produção de biocarvão, sendo uma opção potencial para complementar a renda da comunidade tradicional envolvida no processo produtivo, conforme enfatiza Branco; Branth e Sousa (2023).

A partir de 2017 as famílias da região denominada Complexo de Florestas Estaduais do Rio Gregório- CFERG iniciou a exploração pioneira dos frutos com a finalidade de produção de carvão vegetal. Esta forma de produção justifica-se estar alinhada com a crescente demanda por sistemas produtivos de bases sustentáveis, uma vez que não carece da prática de supressão da floresta para obtenção de matéria prima, a exemplo do que acontece com a madeira. Além disso, segundo o estudo de Sousa et al. (2022), o carvão proveniente dos frutos de *Attalea tessmannii* possui alto potencial de qualidade para ser incluído no mercado consumidor. Por tanto, com a qualidade apresentada enquanto recurso substituto à madeira, esse PFSM poderia atender, se não todo, parte da demanda de consumo de carvão no estado do Acre, que, segundo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE (2023) é de quase duas mil toneladas anualmente.

O óleo do cocão possui, em sua composição de ácidos graxos, alto teor de ácido láurico (cerca de 47%), de acordo com a portfólio de divulgação apresentado pela Cooperativa de Produtores Familiares e Economia Solidária da Floresta do Mogno - Acre (Coopermogno, 2020). Os ácidos graxos são considerados componentes fundamentais para o funcionamento adequado do organismo humano, quando ingerido de forma equilibrada.

Devido a esse potencial, a espécie tem sido alvo de programas de incentivos por parte do governo do estado do Acre, que buscam viabilizar, em colaboração com as comunidades locais, a sua exploração comercial sustentável. As iniciativas têm como objetivo contribuir para o aumento da renda das famílias residentes na região, principalmente as que vivem em Unidades de Conservação onde a espécie também é encontrada (SEMA, 2020). Assim, representantes de moradores Complexo de Florestas Estaduais do Rio Gregório – CFERG com apoio de instituições externas buscam estruturar a cadeia de valor da espécie.



## 2.4 DIVERSIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE ESTUDO

A diversidade genética refere-se à quantidade de indivíduos geneticamente diferentes, em virtude de fatores herdáveis e/ou ambientais pertencentes à mesma espécie, sendo representado por baixa variabilidade quando as informações contidas nos cromossomos entre seus indivíduos são muito semelhantes, ou existem poucas variações alélicas nos diferentes genes e, de forma contrária, apresenta o conceito de alta variabilidade genética (Salomão et al., 2019).

Ainda de acordo com os mesmos autores existem níveis diferenciados que fazem parte da biodiversidade. Dentre elas, a diversidade genética referente à variação genética dentro de uma espécie em uma região específica.

Os recursos genéticos regionais são aqueles mais associados à cultura e às tradições de uma região. Adaptados àquela condição ambiental, geralmente nativos e de uso e/ou cultivo muitas vezes restritos à região (Azevedo et al., 2019).

A variação genética é um dos fatores fundamentais para que ocorra evolução, pois a seleção natural atua nas diferenças que ocorrem dentro das populações (Torggler; Contel; Torggler, 1995). Quanto maior a variabilidade genética na população, maiores serão as chances de sucesso com relação às mudanças no ambiente (Fleishman; Launer; Switky, 2001; Jones; Gliddon; Good, 2001).

Em um contexto de mudanças climáticas, a perda da biodiversidade torna-se uma preocupação crescente, com implicações sérias para os ecossistemas. Para reforçar, segundo Cruz; Ferreira e Pessoni (2022), estudos sobre diversidade genética têm sido de grande importância para avaliar o impacto da atividade humana e para fins de melhoramento genético, além da conservação da biodiversidade. Os autores destacam o papel do melhorista em utilizar a variabilidade genética como fator indispensável à obtenção de ganhos genéticos, e suas técnicas devem ser direcionadas para o desenvolvimento de materiais genéticos superiores. Contudo, que haja o comprometimento de que a recuperação e manutenção de populações de espécies sejam preservadas.

Dessa forma, o estudo da diversidade genética em populações compreende a descrição dos níveis de tal variabilidade mantida dentro das populações e como esta se encontra dividida entre e dentro das mesmas (Hamrick, 1983) e a quantificação da variabilidade genética pode ser feita a partir de medidas de diversidade intrapopulacional e interpopulacional (Cavallari Neto, 2004).



Os estudos podem ser realizados a partir de informações de marcadores moleculares e de características fenotípicas, sendo vários os autores que relatam a importância, inclusive aqueles oriundos de traços morfológicos associados ao uso da análise multivariada para avaliação de diversidade genética de palmeiras (Hammadi et al., 2009; Salah; Hellali, 2006; Zehdi et al., 2004, Oliveira; Ferreira; Santos, 2007; Kadri et al., 2019; Bispo et al., 2020; Gogo et al., 2022) e de outras espécies como macaúba (*Acrocomia aculeata*) (Pires, 2017) e castanheira-do-gurguéia (*Dipteryx lacunifera* Ducke) (Ribeiro et al., 2012), que utilizaram descritores físicos e nutricionais para caracterizar a variabilidade e diversidade, entre outras pesquisas.

A aplicação da distância genética com base em caracteres fenotípicos, aliada às análises multivariadas, é uma ferramenta importante para avaliar o nível de diversidade (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2011). Conforme os autores, essa diversidade reflete tanto a similaridade quanto o distanciamento genético entre o ambiente, influenciado por fatores genéticos e ambientais. Bertan et al. (2006) reforça a importância de estudo neste sentido para os programas de melhoramento por fornecer informações úteis na caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos disponíveis.

Os estudos da diversidade genética para fins de melhoramento buscam identificar genitores adequados ao cruzamento, a fim de obter híbridos com maior variabilidade genética, tendo em vista maior segregação em recombinações (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2011).

De posse das estimativas de distância entre cada par de genótipo estudado, os dados são apresentados em uma matriz simétrica, e a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento e/ou dispersão gráfica. Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são os mais amplamente empregados pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006; Cruz; Ferreira; Pessoni, 2011).

## 2.5 TÉCNICAS MULTIVARIADAS PARA DIVERSIDADE GENÉTICA

De acordo com Cruz et al. (2004), o uso de técnicas multivariadas tem sido útil por avaliar o indivíduo em vários aspectos e proporcionar uma visão holística de cada genótipo. Essas técnicas têm sido empregadas, com frequência, na interpretação da divergência genética, com base em caracteres morfológicos e agrônômicos em plantas perenes (Araújo et al., 2002; Moura et al., 2005; Oliveira, et al., 2007).



De modo complementar, estudos de dissimilaridade atendem a determinados objetivos dos melhoristas por propiciarem informações acerca do grau de semelhança ou de diferença entre dois ou mais genótipos. Entretanto, o número de estimativas de dissimilaridade obtido é relativamente elevado quando se tem grande número de genótipos, o que torna, às vezes, impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos por um simples exame visual. Portanto, o uso de métodos que agrupem os genótipos pode ser uma das melhores alternativas para análise e interpretação dos dados (Cruz; Carneiro, 2006).

Ainda sobre a aplicação do método, o uso de medidas de dissimilaridades é de grande importância para análise de caracteres quantitativos em estudos genéticos, sendo as mais utilizadas as distâncias: euclidiana, euclidiana média, o quadrado da distância euclidiana e a generalizada de Mahalanobis (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2011). No entanto, esta última necessita de ensaios experimentais com repetições (Cruz; Regazzi, 2001).

Dentre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são os mais amplamente empregados pelos melhoristas de plantas (Bertan et al., 2006; Cruz; Ferreira; Pessoni, 2020), como os métodos de UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) e Tocher, dentre outros, além da PCA (*Principal component analysis*).

Por suas reconhecidas aplicabilidades, os métodos de Tocher e de UPGMA vêm sendo amplamente empregados no estudo da divergência genética entre acessos, de várias espécies, inclusive com palmeiras (*Attalea*), a exemplo do trabalho de Silva et al., (2016), em estudo com milho-verde, Bispo et al. (2020), que também utilizaram os dois métodos para caracterizar a variabilidade genética entre genótipos de buritis (*Mauritia flexuosa* L. f) em vegetação natural, Melo et al. (2022), que avaliaram a divergência genética de progênies de cajueiro-comum, assim como Sander et al. (2022) que avaliaram a mesma espécie (*Muritia flexuosa* L. f) em cultivos nos biomas Amazônia e Cerrado, e Nascimento et al, (2023) com feijão-caupi. Essas medidas de dissimilaridade têm sido usadas na interpretação da divergência genética, utilizando caracteres morfológicos, moleculares e agronômicos em plantas anuais e perenes.

Quanto a análise de Componentes Principais – PCA, esta também se constitui numa importante técnica que faz parte da estatística multivariada, pois permite transformar linearmente um conjunto original de variáveis, inicialmente correlacionadas entre si, num conjunto substancialmente menor de variáveis não correlacionadas que contém a maior parte da informação do conjunto original. Além



disso, possibilita avaliar a importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados (Cruz; Regazzi, 1997), sendo possível, em estudos futuros, o descarte de variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos (Cruz; Carneiro, 2003).

Ainda quanto a sua eficácia, o método é uma técnica de análise cujo objetivo é reduzir a dimensão de dados multivariados. A ferramenta permite redistribuir a variação observada nos eixos originais de forma a se obter um conjunto de eixos ortogonais não correlacionados (Manly, 1986; Hongyu, 2015). De acordo com Johnson e Wichern (1998), a PCA procura explicar a estrutura de variância-covariância através de umas poucas combinações lineares das variáveis originais. Segundo Chatfield e Collins (1986), a PCA objetiva transformar um conjunto de variáveis observadas num novo grupo de variáveis não correlacionadas, os componentes principais, que são derivados em ordem decrescente de importância. Seus objetivos gerais são: reduzir o conjunto de dados, especialmente em termos da dimensionalidade de tratamento do problema, e encontrar novas variáveis que tornem os dados mais fáceis de serem interpretados.

Dessa forma, a PCA é uma das técnicas atrativas para melhoristas, pois é possível identificar através da avaliação de vários caracteres as combinações que contribuem para explicar as diferenças entre os genótipos, assim como aquelas que podem ser descartadas devido a pouca variação, ou seja, por não contribuir com a diferenciação de genótipos em estudos de melhoramento.

Segundo Regazzi (2000), apesar das técnicas de análise multivariada terem sido desenvolvidas para resolver problemas específicos, as mesmas podem ser utilizadas em vários setores e diferentes áreas com finalidade de redução da dimensionalidade das variáveis e agrupar indivíduos similares.

## 2.6 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

A seleção de genótipos superiores constitui um desafio, uma vez que a maioria dos caracteres agrônômicos são quantitativos, ou seja, controlados por vários genes e bastante influenciados pelo ambiente, desse modo o melhorista deve possuir estratégias que possibilitem ter uma efetiva seleção, Além de ser um processo longo e oneroso que exige mão de obra e, principalmente em espécies perenes.



As estimativas de componentes de variância são importantes para entender o quanto da variação observada em uma característica é devida à genética ou ao ambiente. A variância fenotípica representa a variação total observada, enquanto a variância genética indica a porção herdável dessa variação, crucial para a seleção em programas de melhoramento. Já a variância ambiental quantifica o impacto do ambiente sobre os fenótipos. Compreender essas variâncias permite estimar parâmetros genéticos como a herdabilidade, fundamental para prever o ganho genético e otimizar estratégias de manejo ou conservação.

A estimativa de parâmetros genéticos tem como objetivo fornecer informações sobre o tipo de ação gênica que controla cada caráter, bem como orientar as condições de avaliação em programas de melhoramento vegetal. Resende (2002) ressalta a aplicação de parâmetros genéticos, inclusive em espécies arbóreas e perenes para otimizar o processo de seleção e reduzir o tempo necessário para obter cultivares superiores. Assim, a técnica permite que os melhoristas tenham uma eficiente estratégia para a escolha dos melhores métodos de melhoramento e seleção dos genótipos promissores ao longo das gerações com base no conhecimento da herança dos caracteres de interesse (Zorzetto et al., 2008).

A importância de estimar parâmetros genéticos de uma população é destacada por diversos autores. Segundo Cruz et al. (2014), o coeficiente de herdabilidade ( $H^2$ ), coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) e razão entre coeficiente de variação genética e de coeficiente de variação ambiental ( $CV_g/CV_e$ ) permitem conhecer o potencial da população para fins de melhoramento e definir a melhor estratégia de seleção para o melhorista. Para Hamawak et al. (2012), é comum esses estudos em populações segregantes em gerações iniciais até as gerações mais avançadas. De acordo com Carvalho et al. (2009), esse parâmetro possibilita estimar o potencial de ganho na próxima geração, contribuindo para a seleção de genótipos com atributos superiores.

Para Muniz et al. (2015), o parâmetro genético herdabilidade é o de maior importância para o melhorista, pois possibilita a estimativa de ganhos com a seleção antes mesmo de sua realização. O coeficiente de herdabilidade varia de zero a um, quando a herdabilidade é igual a zero, a variação que houve entre os indivíduos é exclusivamente atribuída a causas ambientais, já quando os valores de herdabilidade são próximos ou iguais a um, pode se dizer que a variação que houve na população é atribuída a causas genéticas (Cruz, 2016; Borém; Miranda, 2013).



Portanto, a herdabilidade é um parâmetro genético essencial para analisar as estratégias de seleção, especialmente para os caracteres quantitativos, uma vez que são altamente influenciáveis pelo ambiente. A herdabilidade permite conhecer o que se pode atribuir às causas genéticas e ambientais (Leite et al., 2016). É definida como a proporção da variância genética sobre a variância fenotípica aplicada sobre uma população, sendo específica para determinado ambiente na qual os genótipos foram estudados (Ramalho et al., 2012).

Os valores de herdabilidade podem ser influenciados de acordo com alguns fatores como: variação genética de cada população para cada caráter, o ambiente em que os genótipos estão inseridos, o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, que quando em condução experimental, depende do tamanho da amostra e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (Borém; Miranda, 2013). As estimativas de herdabilidade podem ser no sentido amplo ou restrito, sendo a primeiro referente à razão entre a variância genética e a variância fenotípica e a segunda refere-se a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (Falconer; Mackay, 1996).

Além disso, outro parâmetro essencial para o melhorista é o ( $CV_g/CV_e$ ), por ser também utilizado como índice de indicativo no grau de facilidade de seleção de cada caráter. Quando a razão for igual ou maior que um tem-se uma situação favorável para praticar seleção sobre aquela população, ou seja, a variação genética existente é responsável pelas variações atribuídas na população (Cruz et al., 2012).

Pereira (2018) realizou estudos de parâmetros genéticos entre caracteres de genótipos da palmeira juçara (*Euterpe edulis*) e destacou que esses parâmetros são essenciais para identificar descritores com alto potencial de progresso genético e para selecionar genótipos superiores, além de indicar os descritores mais adequados para programas de melhoria.

## 2.7 ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÃO

O coeficiente de correlação linear de Pearson ( $r$ ), ou fenotípico, pode ser usado para estudos de relações lineares entre as variáveis estudadas. A correlação de Pearson mede o sentido e a intensidade da relação linear entre duas variáveis aleatórias, podendo ser positivo ou negativo, no intervalo de  $-1 \leq r \leq 1$ , a intensidade da correlação linear será maior quanto mais próximo a  $|1|$  for o  $r$  (Ferreira, 2009).



As estimativas de correlações lineares de Pearson são importantes no estudo de plantas nativas devido a estas possuírem ciclo longo, pois permite inferir sobre a associação entre características de difícil mensuração e o grau de inferência que uma variável tem sobre outra, permitindo ganhos genéticos na seleção indireta (Degenhart et al., 2005). Essa correlação é importante principalmente quando se trata de caracteres de herança complexa, podendo ser substituída por uma característica mais simples de ser observada, dando maior rapidez na obtenção de resultados que poderia ser indicado aos programas de melhoramento (Carvalho; Lorencetti; Benin, 2004).

Para Vencovsky (1978) as correlações genéticas podem ser causadas por efeito pleiotrópicos dos genes ou por falta de equilíbrio de ligação. Nessa última opção, Falconer (1964) explica que a correlação é transitória manifestando-se, especialmente, nas primeiras gerações das populações obtidas do intercruzamento de progenitores geneticamente divergentes.

A obtenção de cultivares mais produtivas é um dos objetivos em programas de melhoramento genético. Outras características devem ser levadas em consideração nessa seleção, evidenciando a importância de se conhecer as correlações entre os vários caracteres de interesse, todavia, a existência de correlação pode ajudar ou não no processo de seleção de caracteres em que há correlação (Yokomizo; Duarte; Vello, 2000). Quando o caractere selecionado possui correlação favorável (positiva ou negativa) e de alta intensidade com outros caracteres de interesse, espera-se alta resposta correlacionada ocorrendo uma vantagem na seleção (Sant'ana et al., 2013).

Santos (2008) utilizou a correlação para estudar a eficiência da seleção precoce em baru (*Dipterix alata*) e concluiu que existe correlação genética positiva entre o diâmetro a altura do peito e a altura da árvore, possibilitando a seleção indireta, e que as correlações genéticas entre idades foram de alta magnitude, indicando a viabilidade da seleção precoce.

Pagliarini et al. (2016), estudando a variação genética em caracteres de crescimento em progênies, concluíram que existe correlação genética e fenotípica de média a alta e positiva entre altura, diâmetro a altura do peito e volume de madeira e a seleção indireta é possível. Zaruma (2014) ao estudar progênies de baru aos nove anos de idade, verificou maior correlação entre altura da planta e diâmetro a altura do peito. Segundo Corrêa, Santos e Artiaga (2017) observaram correlação positiva entre peso de frutos e peso de sementes e ausência de associação entre o peso da semente e o número de dias para germinação.



Outros trabalhos de estimativas de correlação foram realizados com outras fruteiras, por exemplo: bacurizeiro, por Farias Neto, Carvalho e Muller, 2004, (Silva et al. 2009); muruci, por Gusmão, Vieira e Fonseca Júnior (2006); com mangabeira, por Nascimento, Cardoso e Coccozza, (2014); com cerigueleira, por Giles et al. (2016); *Ceiba speciosa* (Afonso et al., 2017); Buriti (*Mauritia flexuosa*) (Campos et al., 2023).

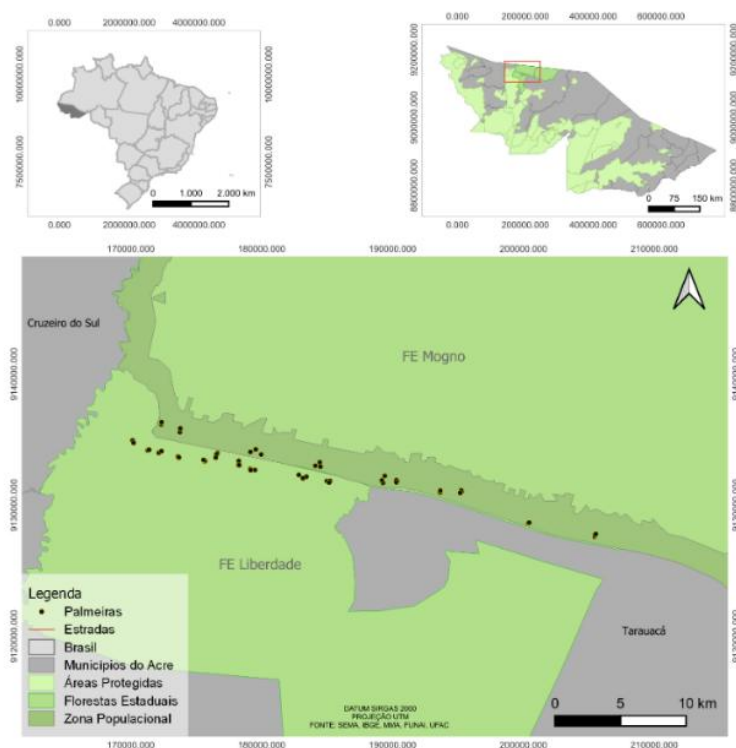


### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 ÁREA DE COLETA DOS FRUTOS

Os frutos foram coletados na área de reserva legal da zonal ZPO<sup>1</sup> (Zona Populacional) de duas Unidades de Conservação (UCs), de categoria Floresta Estadual<sup>2</sup>: Floresta Estadual Mogno e do Rio Liberdade, separadas pela estrada BR-364, no trecho sentido Rio Branco a Cruzeiro do Sul, no município de Tarauacá, localizado no noroeste do estado do Acre, (Figura 2).

**Figura 2** - Localização geográfica dos 60 indivíduos de cocão (*Attalea tessmannii* Burret) amostrados no município de Tarauacá - Acre.



O clima é do tipo equatorial quente e úmido (Am na classificação de Köppen), com temperatura média anual em torno de 24,5 °C, com elevados índices

<sup>1</sup> Área que compreende a moradia das populações tradicionais dentro da Unidade de Conservação (SEMA, 2020).

<sup>2</sup> Área com cobertura florestal de espécies predominantemente nativas e tem como objetivo básico o uso múltiplo sustentável dos recursos florestais e a pesquisa científica, com ênfase em métodos para exploração sustentável de florestas nativas (Lei Federal nº 9.985 de 18 de julho de 2000).



pluviométricos (1.800 mm a 2.500 mm anuais). Possui um período seco definido entre os meses de julho a setembro (Duarte, 2006). O solo que prevalece é do tipo Luvisolo e floresta densa de terra firme (ACRE, 2010). Observou-se presença considerável de quantidade de palmeiras jovens de cocão ainda sem formação de estipe, nas proximidades das plantas adultas.

### 3.2 PERÍODO DE COLETA E SELEÇÃO DOS GENÓTIPOS

A coleta dos frutos foi realizada em abril de 2023, período em que os frutos se desprendem do cacho (janeiro a maio) permitindo a coleta no chão. Durante a coleta de frutos, também foram registradas algumas informações físicas de cada planta (Tabela 1).

**Tabela 1** - Características físicas de 60 plantas<sup>1</sup> de cocão (*Attalea Tessmannii* Burret) em área de ocorrência natural, município de Tarauacá - Acre.

Genótipos <sup>1</sup>	ALT (m)	CAP (cm)	NCP	Genótipos <sup>1</sup>	ALT (m)	CAP (cm)	NCP
G-1	13,1	105	2	G-31	11,6	105	4
G-2	14,6	93	4	G-32	19,3	104	3
G-3	17,7	114	4	G-33	21,1	114	2
G-4	20,1	103	2	G-34	15,0	106	3
G-5	10,0	119	4	G-35	8,0	113	2
G-6	20,0	102	3	G-36	18,3	105	2
G-7	16,0	100	2	G-37	15,0	120	3
G-8	9,0	92	2	G-38	12,0	122	2
G-9	15,0	123	4	G-39	20,0	115	3
G-10	10,0	119	3	G-40	9,0	122	3
G-11	15,0	104	3	G-41	14,0	114	2
G-12	30,0	115	3	G-42	12,0	106	3
G-13	20,0	110	2	G-43	16,0	105	2
G-14	15,0	104	3	G-44	15,0	110	4
G-15	25,0	125	3	G-45	20,0	108	3
G-16	18,0	94	1	G-46	12,0	116	4
G-17	10,0	115	2	G-47	17,0	128	3
G-18	22,0	124	2	G-48	14,0	113	3
G-19	21,0	102	2	G-49	4,0	150	2
G-20	15,0	110	3	G-50	15,0	124	3
G-21	20,0	120	2	G-51	18,0	116	2
G-22	19,0	120	3	G-52	16,0	109	2
G-23	19,0	111	2	G-53	14,5	107	3
G-24	5,0	114	1	G-54	16,0	114	2
G-25	10,0	120	3	G-55	23,0	105	3
G-26	10,0	123	3	G-56	20,0	105	3
G-27	23,0	118	2	G-57	15,0	106	3
G-28	15,0	137	3	G-58	15,0	106	3
G-29	4,0	93	1	G-59	25,0	121	2
G-30	7,0	126	3	G-60	16,0	106	2

Altura da planta - ALT, Circunferência na altura do peito - CAP e Número de cachos por planta - NCP



No total foram selecionados 60 genótipos, para os quais foram determinadas as coordenadas geográficas (latitude e longitude), com auxílio de GPS (*Global Positioning System*) (Tabela 2). A seleção ocorreu com base na disponibilidade de frutos e de genótipos distribuídos em um percurso de aproximadamente 40 km ao longo da rodovia 364. Essa distribuição se deu para evitar a coleta em indivíduos com elevado grau de parentesco, que segundo a literatura deve-se proceder considerando a distância acima de 100 metros entre os indivíduos, a fim de maximizar a variabilidade genética existente, em área de ocorrência natural da espécie.

Foram coletados 10 frutos de cada genótipo, perfazendo-se o total de 600 unidades. Procedeu-se à avaliação de frutos obtidos de 30 indivíduos na Floresta Estadual do Mogno (G-1 a G-30) e 30 (G-31 a G-60) na Floresta Estadual do Rio Liberdade.

**Tabela 2** - Coordenadas geográficas das 60 plantas<sup>1</sup> de cocão (*Attalea tessmannii* Burret) em área de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre.  
(continua)

Genótipos <sup>1</sup>	Local	Coordenadas	Altitude (m)
G-1	Unidade Conservação Mogno	-7° 49' 42" S, -71° 52' 56" O	206
G-2		-7° 49' 46" S, -71° 52' 59" O	206
G-3		-7° 49' 44" S, -71° 52' 58" O	201
G-4		-7° 50' 13" S, -71° 51' 15" O	224
G-5		-7° 50' 12" S, -71° 51' 13" O	220
G-6		-7° 50' 10" S, -71° 51' 13" O	204
G-7		-7° 48' 16" S, -71° 58' 15" O	207
G-8		-7° 48' 12" S, -71° 58' 14" O	205
G-9		-7° 48' 10" S, -71° 58' 14" O	206
G-10		-7° 48' 35" S, -71° 57' 28" O	212
G-11		-7° 48' 28" S, -71° 57' 28" O	210
G-12		-7° 48' 26" S, -71° 57' 27" O	211
G-13		-7° 50' 45" S, -71° 49' 03" O	264
G-14		-7° 49' 38" S, -71° 49' 05" O	269
G-15		-7° 50' 38" S, -71° 49' 05" O	274
G-16		-7° 50' 41" S, -71° 48' 28" O	253
G-17		-7° 50' 38" S, -71° 48' 30" O	255
G-18		-7° 50' 44" S, -71° 48' 30" O	240
G-19		-7° 51' 10" S, -71° 46' 40" O	311
G-20		-7° 51' 08" S, -71° 46' 41" O	245
G-21		-7° 51' 05" S, -71° 46' 40" O	255
G-22		-7° 51' 06" S, -71° 45' 46" O	303
G-23		-7° 51' 05" S, -71° 45' 48" O	275
G-24		-7° 51' 11" S, -71° 45' 51" O	260
G-25		-7° 53' 02" S, -71° 40' 16" O	282
G-26		-7° 52' 58" S, -71° 40' 15" O	245
G-27		-7° 52' 55" S, -71° 40' 13" O	238
G-28		-7° 52' 28" S, -71° 43' 02" O	245
G-29		-7° 52' 26" S, -71° 43' 01" O	252
G-30		-7° 52' 26" S, -71° 42' 59" O	273



**Tabela 2** - Coordenadas geográficas de 60 plantas de cocão<sup>1</sup> (*Attalea tassmanni* Burret) em área de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre.

(conclusão)

Genótipos <sup>1</sup>	Local	Coordenadas	Altitude (m)
G-31	Unidade Conservação Liberdade	-7° 50' 20" S, -71° 53' 49" O	173
G-32		-7° 50' 18" S, -71° 53' 46" O	186
G-33		-7° 50' 22" S, -71° 53' 40" O	182
G-34		-7° 51' 09" S, -71° 50' 00" O	189
G-35		-7° 51' 06" S, -71° 49' 58" O	218
G-36		-7° 51' 09" S, -71° 49' 57" O	206
G-37		7° 49' 46" S, -71° 54' 12" O	168
G-38		-7° 50' 08" S, -71° 54' 33" O	230
G-39		-7° 50' 11,33" S, -71° 54' 32,87" O	223
G-40		-7° 50' 11,65" S, -71° 54' 32,64" O	253
G-41		-7° 49' 58" S, -71° 55' 03" O	286
G-42		-7° 49' 58" S, -71° 55' 01" O	219
G-43		-7° 49' 28" S, -71° 55' 55" O	187
G-44		-7° 49' 32" S, -71° 55' 57" O	208
G-45		-7° 49' 39" S, -71° 55' 59" O	196
G-46		-7° 49' 35" S, -71° 57' 33" O	216
G-47		-7° 49' 37" S, -71° 57' 33" O	211
G-48		-7° 49' 38" S, -71° 57' 31" O	217
G-49		-7° 48' 55" S, -71° 59' 27" O	233
G-50		-7° 48' 55" S, -71° 59' 26" O	184
G-51		-7° 49' 01" S, -71° 59' 24" O	196
G-52		-7° 49' 18" S, -71° 58' 48" O	207
G-53		-7° 49' 20" S, -71° 58' 48" O	212
G-54		-7° 49' 19" S, -71° 58' 45" O	172
G-55		-7° 49' 25" S, -71° 58' 20" O	195
G-56		-7° 49' 27" S, -71° 58' 21" O	172
G-57		-7° 49' 22" S, -71° 58' 15" O	232
G-58		-7° 49' 49" S, -71° 56' 26" O	188
G-59		-7° 49' 47" S, -71° 56' 56" O	193
G-60		-7° 49' 46" S, -71° 56' 30" O	209

### 3.3 COLETA DE MATERIAL BOTÂNICO E DA AUTORIZAÇÃO DA PESQUISA NA UC

Para a comprovação da espécie do estudo, foi coletado material botânico no estágio reprodutivo do cocão, seguindo os métodos descritos por Mori et al. (1989). O material foi identificado com base em bibliografia, por comparação com espécimes já identificados, envio para confirmação por especialistas, incorporado ao acervo físico do Herbário da Universidade Federal do Acre (UFAC) e disponibilizado em meio digital no site *specieslink.net*, com número de tombo UFACPZ Nº 30555.

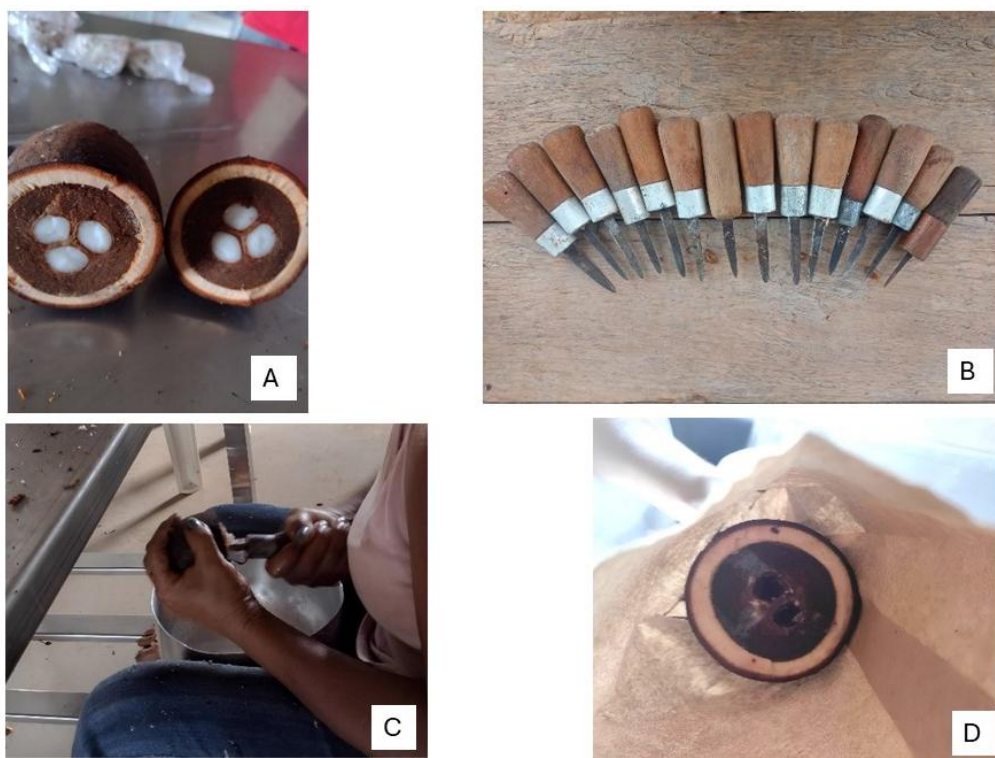
A autorização da pesquisa e coleta de material biológico na UC foi obtida por meio do Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (SISBIO) e Secretaria Estadual de Meio Ambiente do Acre (SEMA/ACRE).



### 3.4 CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS FRUTOS E AMÊNDOAS

As medições físicas foram realizadas na unidade de processamento de fruto da comunidade, na Coopermogno (sede da cooperativa dos produtores e local de processamento de frutos) e no laboratório da Unidade Tecnológica de Alimentos - UTAL/UFAC. Após todas as coletas frutos, devidamente identificados, realizaram-se primeiramente as medições externas dos frutos: massa fresca de fruto (MFF), comprimento do fruto (CF), largura do fruto (LF), espessura do fruto (EF). Em seguida, cortaram-se frutos ao meio (transversal) e quantificados os números de amêndoas por fruto (NAF) e massa fresca de amêndoas por fruto (MFAF). Os frutos, que possuem mesocarpo extremamente duro, foram cortados manualmente com o uso de facão (terçado) e as amêndoas que possuem aderência ao endocarpo foram extraídas com um equipamento denominado “T com T”, em vários tamanhos. Esse equipamento é confeccionado e utilizado habitualmente pela comunidade local, de modo a facilitar a retirada das amêndoas, conforme processo de retirada (Figura 3A-D). Para quantificar as massas, utilizou-se balança digital expressas em gramas, e as medidas de CF, LF e EF, expressas em milímetros, com o auxílio de um paquímetro digital.

**Figura 3** - Processo de remoção das amêndoas do interior dos frutos amostrados de cocão: (A) frutos com amêndoas; (B) ferramenta “T com T”; (C) retirada da amêndoa com uso do “T com T”; (D) fruto após retirada da amêndoa.





As amêndoas dos respectivos cocos foram embaladas (de cada 10 cocos=1 genótipo) em sacos plásticos, identificadas, armazenadas em caixas térmicas e transportadas para o laboratório da Uta/Ufac, em Rio Branco, para obtenção de massas secas e análises físico-químicas. As partes dos frutos (sem amêndoas) também foram identificadas e transportadas em sacos plásticos para obtenção de massa seca e dados biométricos. As massas secas foram obtidas com o uso de estufa de circulação de ar forçada de ar a 65 °C até atingir peso constante.

Após a secagem efetuaram-se as seguintes mensurações: massa seca de fruto (MSF), massa seca de amêndoa por fruto (MSAF), e massa fresca de uma amêndoa (MF1A) obtida pela massa fresca de amêndoa por fruto/número de amêndoas por fruto (MFAF/NAF), expressa em gramas e, espessura interna do epicarpo (EE), espessura do mesocarpo (EM), diâmetro do endocarpo (DEN) e diâmetro total do fruto (DT), com o auxílio de um paquímetro digital expresso em milímetros.

Além dessas avaliações, foram obtidos o rendimento de amêndoas fresca por frutos (RAF) pela relação MFAF/MFF e rendimento de amêndoas seca por fruto (RAS), pela relação de MFSF/MFF, expressos em percentagem.

### 3.5 ANÁLISES QUÍMICO-NUTRICIONAIS DAS AMÊNDOAS

Após a secagem e obtenção de massa seca, as amêndoas foram trituradas em um multiprocessador, acondicionadas em embalagens plásticas, etiquetadas e armazenadas em baixa refrigeração até o início das análises química-nutricionais. As referidas análises foram realizadas em dois laboratórios: Na própria Uta/Ufac para composição centesimal e no laboratório de Embrapa/Acre para os minerais e fibra bruta.

Foram realizadas as seguintes análises: umidade (UM), lipídios (LP), proteína bruta (PB), cinzas (CZ), energia (E), carboidratos totais (CT), pelos métodos descritos nas normas analíticas da AOAC (1992). Análises: fibra bruta (FB) e minerais (Ca, Mg, P, K, Na, S, Cu, Fe, Mn e Zn). Os teores de fibra bruta foram determinados pelo método de Van Soest, os K e Na por fotometria de chama, os teores Ca, Mg, Fe, Mn, e Zn por meio do método de espectrofotometria de absorção atômica UV/VIS e expressos em mg 100 g<sup>-1</sup> (IAL, 2005).



A determinação do teor de lipídios foi efetuada em extrator de Soxhlet, utilizando-se hexano como solvente. O teor proteico consistiu na avaliação do nitrogênio total pelo método de Kjeldahl. Para converter o nitrogênio medido para proteína, multiplicou-se o conteúdo de nitrogênio por 6,25, um fator arbitrário para alimentos em geral. O teor de cinzas foi determinado pelo método de incineração adotado por Brasil (2005). O teor de carboidratos totais foi obtido pela fórmula  $CT = 100 - (\text{umidade} + \text{proteínas} + \text{lipídios} + \text{cinzas})$  (AOAC, 2005).

O valor calórico (Kcal) foi calculado de acordo com os fatores de conversão de Atwater pela fórmula:  $E = \text{proteína bruta} \times 4 + \text{carboidratos totais} \times 4 + \text{gordura} \times 9$  (Watt e Merrill, 1963).

Os teores de PB, LP, FB, CZ e CT foram expressos em percentagem e os teores de energia, em kcal  $100\text{ g}^{-1}$ .

Dos 60 genótipos, 56 foram analisados em função da quantidade de amostras obtidas da massa de amêndoa por planta, sendo por tanto, excluídos das análises os genótipos 8, 13, 21 e 29 por apresentarem quantidades insuficientes para as referidas análises. Os procedimentos foram realizados em triplicata para garantir a precisão e a confiabilidade dos resultados.

### 3.6 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os dados obtidos foram analisados por meio de estatísticas descritivas, que compreenderam medidas de posição (valores mínimos e máximos, e média), medidas de dispersão (coeficientes de variação, desvio padrão, variância, assimetria e curtose) e distribuição de frequência.

Procedeu-se para interpretação do coeficiente de assimetria, segundo Ibarra (2017):  $As = \text{zero}$ , a distribuição é perfeitamente simétrica,  $As < 0$ , indica distribuição assimétrica à esquerda ou negativa, e  $As > 0$ , distribuição assimétrica à direita ou positiva. A assimetria positiva quando existe uma maior concentração de valores na zona de valores mais reduzidos da amostra; assimetria negativa quando existe uma maior concentração de valores na zona de valores mais elevados da amostra.

Para o coeficiente de curtose foram:  $K > 3$  (leptocúrtica), indicando distribuição mais “afilada” que a normal, e  $K < 3$  (platicúrtica), indicando distribuição mais achatada do que a normal, conforme Silva et al. (2007).



Os desvios da normalidade foram confirmados pelos testes de Kolmogorov–Smirnov e Lilliefors (para K amostras). De acordo com Santana e Ranal (2004), dentre os métodos para verificar a normalidade, os testes de Kolmogorov–Smirnov e Lilliefors são recomendados para amostras grandes ( $n > 50$ ) ou pequenas ( $n < 50$ ), resultando em boa precisão para de ambas as dimensões. Para essas análises citadas até aqui foi utilizado o software R Core Team (2024).

A frequência relativa foi realizada por meio da distribuição de dados e representada em histogramas utilizando o software Microsoft Excel® versão 2022. Para determinar o número de intervalos de classes e a amplitude de cada intervalos, aplicou-se a regra de Sturges (Sturges, 1926), que é expressa pela fórmula:

$$k = 1 + \log_2(n)$$

Em que:

$k$  é o número de intervalos e  $n$  é o número de observações.

As correlações entre as características estudadas foram estimadas pelo coeficiente de correlação de Pearson e testadas a 1% e a 5 % de probabilidade pela estatística “t”, obtidas com o auxílio do software R Core Team (2024) e classificadas de acordo com Cohen (1988).

$$p_{xy} = \frac{Cov(X, Y)}{\sqrt{Var(X) \cdot Var(Y)}}$$

Para a diferenciação das grandezas das correlações, a magnitude dos coeficientes foi interpretada segundo Cohen (1988). De acordo com o autor, os valores entre 0,10 e 0,29 podem ser considerados pequenos; escores entre 0,30 e 0,49 podem ser considerados como médios; e valores  $\geq 0,50$  podem ser interpretados como grandes. Dessa forma, quanto mais próxima de 1 for o  $r$ , maior a intensidade de correlação (Ferreira, 2009).

Realizou-se a estimativa de variância relativa à situação entre e dentro de genótipos (somente para dados físicos dos frutos e amêndoas) e, estimativas dos componentes de variância obtidos a partir dos quadrados médios e parâmetros genéticos: Variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias



genotípicas ( $\sigma_g^2$ ), e parâmetros genéticos: herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético (CVg) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/CVe). Os componentes e parâmetros foram estimados utilizando o software genes (CRUZ, 2013), conforme expressões a seguir:

#### Variância fenotípica média

As variâncias fenotípicas entre as médias dos genótipos foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMT_r}{r}$$

Em que:

$\sigma_f^2$  é a variância fenotípica estimada; QMT<sub>r</sub> é o quadrado médio de tratamentos; e r é o número repetições.

#### Variância genotípica média

As variâncias genotípicas foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_g^2 = \frac{QMT_r - QMR}{r}$$

Em que:

$\sigma_g^2$  é a variância genotípica estimada; QMT<sub>r</sub> é o quadrado médio de tratamentos; QMR é o quadrado médio do resíduo; e r é o número repetições.

#### Variância ambiental média

As variâncias ambientais foram estimadas usando a seguinte expressão:

$$\sigma_e^2 = \sigma_f^2 - \sigma_g^2$$

Em que:

$\sigma_e^2$  é a variância ambiental estimada;  $\sigma_f^2$  é a variância fenotípica estimada;  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica estimada.

#### Herdabilidade

A herdabilidade no sentido amplo foram estimadas segundo a expressão abaixo:



$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} 100$$

Em que:

$h_a^2$  é a herdabilidade no sentido amplo estimada;  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica estimada; e  $\sigma_f^2$  é a variância fenotípica estimada.

Conforme Resende (2002), a classificação dos valores de herdabilidade são: baixa (0-15); moderada (15-50); alta (50-80) e muito alta (80-100).

#### Coeficientes de variação genéticos

Os coeficientes de variação genéticos foram estimados segundo a expressão abaixo:

$$CV_g = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{m}$$

Em que:

$CV_g$  é o coeficiente de variação genético estimado;  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica estimada;  $m$  é a média das médias dos tratamentos.

Coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos (Sebbenn et al., 1998).

#### Razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental

As razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental foram estimados segundo a expressão abaixo:

$$CV_g/CV_e = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Em que:

$CV_g/CV_e$  é a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental;  $CV_g$  é o coeficiente de variação genético; e  $CV_e$  é o coeficiente de variação ambiental.

Para os métodos de agrupamento foi utilizada como medida de dissimilaridade o quadrado da distância euclidiana.

Os cálculos foram realizados conforme as equações descritas por Cruz, Ferreira e Pessoni (2020), relacionadas a seguir:



Para a distância quadrado da distância euclidiana foi usada a equação:

$$d_{ii'}^2 = \sum_{j=1}^V (X_{ij} - X_{i'j})^2$$

Em que:  $d_{ii'}^2$ : quadrado da distância euclidiana entre os genótipos i e i';

V: número de caracteres avaliados; e

$X_{ij}$ : valor do caráter j para o genótipo i.

#### Agrupamento pelo método de Tocher

Conforme sua descrição bibliográfica, quanto ao método Tocher, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais próximos para formação do grupo inicial, é avaliado a possibilidade de inclusão de novos indivíduos no grupo, levando-se em consideração que a distância média dentro do grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos.

Ressaltando que neste método a inclusão de um indivíduo em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. Assim, a decisão de incluir ou não o novo indivíduo no grupo, é tomada considerando:

Se  $\frac{d(\text{grupo})k}{n} \geq \theta$ , inclui novo indivíduo no grupo;

Se  $\frac{d(\text{grupo})k}{n} < \theta$ , o novo indivíduo não é incluído no grupo;

Sendo n o número de indivíduos que constitui o grupo original e  $\theta$  o valor máximo da medida de dissimilaridade entre as menores distancias envolvendo cada acesso (critério de agrupamento).

UPGMA - Método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Average)

No método de agrupamento da ligação média não ponderada entre os grupos (UPGMA) utiliza-se as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, procurando não caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os acessos considerados.



A regra geral é que se construa o dendrograma pelo genótipo de maior similaridade. Contudo, a distância entre um indivíduo  $k$  e um grupo, formado pelos indivíduos  $i$  e  $j$ , é estabelecida pela equação.

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

Em que,  $d_{(ij)k}$  é dada pela média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos  $(i \text{ e } j)$  e  $(j \text{ e } k)$ .

Uma expressão geral para a média não-ponderada entre grupos pode ser apresentada da seguinte maneira:

$$d_{(ij)k} = \frac{n_i}{n_i + n_j} d_{ik} + \frac{n_j}{n_i + n_j} d_{jk}$$

Em que  $d_{(ij)k}$  é definida como a distância entre o grupo  $(ij)$ , com tamanho interno  $n_i$  e  $n_j$ , respectivamente, e o grupo  $k$ . Nesta expressão, caracterizam-se os indexadores  $i$ ,  $j$  e  $k$  como indivíduos ou grupos. Essa interpretação deverá ser a mesma para os métodos subsequentes.

A validação do agrupamento pelo método UPGMA foi determinada pelo Coeficiente de Correlação Cofenético – CCC (Sokal: Rohlf, 1962). Para essas análises foi utilizado o programa computacional Genes (Cruz, 2013).

Realizou-se a análise de componentes (PCA), com objetivo de avaliar grupos, reduzir dimensionalidade dos dados e identificar as variáveis que contribuiu para a variabilidade dos dados. Para essa análise foi utilizado o software R Core Team (2024).



## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DOS GENÓTIPOS

#### 4.1.1 Variação fenotípica

Com base na análise descritiva das 15 características (Tabela 3), verificou-se que as amplitudes entre os valores máximos e mínimos indicaram a existência de ampla variabilidade entre os genótipos em estudo, com presença de leve assimetria, e normalidade, com tendências à esquerda ou à direita, dependendo da variável considerada.

**Tabela 3** - Valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional ( $\sigma$ ), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct), testes de Kolmogorov-Smirnov (KS) e Lilliefors (Li) referentes as características de físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

Características	Parâmetros Estatísticos									
	A	Mn	Mx	Me	Md	$\sigma$	CV (%)	As	Ct	KS/Li
MFF (g)	381,70	169,20	550,70	365,69	366,95	65,93	18,02	-0,07	3,85	0,068 <sup>ns</sup>
CF (mm)	37,75	108,89	146,64	127,97	127,69	8,38	6,55	-0,01	2,65	0,081 <sup>ns</sup>
LF (mm)	23,45	50,82	74,27	65,44	66,47	4,64	7,10	-0,44	3,14	0,113 <sup>ns</sup>
EF (mm)	26,72	52,42	77,54	68,05	68,81	4,91	7,22	-0,45	3,40	0,098 <sup>ns</sup>
MSF (g)	253,70	89,30	343,00	228,15	222,80	47,12	20,65	0,18	4,00	0,088 <sup>ns</sup>
EE (mm)	1,29	1,48	2,77	2,07	2,06	0,29	14,00	0,15	2,62	0,058 <sup>ns</sup>
EM (mm)	4,99	2,31	7,30	4,88	4,99	0,96	19,67	-0,12	3,53	0,097 <sup>ns</sup>
DEN (mm)	17,93	38,79	56,72	47,75	47,48	3,16	6,62	0,18	3,71	0,069 <sup>ns</sup>
DT (mm)	17,10	46,3	63,4	54,7	54,34	3,67	6,71	0,08	2,79	0,076 <sup>ns</sup>
NAF (und)	3	0	3	2,29	2	0,69	30,13	-0,75	3,62	0,248 <sup>**</sup>
MFAF (g)	17,55	4,12	21,67	10,51	10,28	3,23	30,73	0,80	4,38	0,094 <sup>ns</sup>
MSAF (g)	13,82	1,65	15,47	7,13	7,37	2,45	34,50	0,64	4,35	0,102 <sup>ns</sup>
MF1A (g)	4,63	2,96	7,59	4,63	4,55	1,01	21,81	0,73	3,44	0,112 <sup>ns</sup>
RAF (%)	5,17	1,26	6,43	2,92	2,93	0,94	32,19	0,80	5,06	0,077 <sup>ns</sup>
RAS (%)	3,46	0,50	3,96	1,96	2,03	0,66	33,67	0,43	3,46	0,100 <sup>ns</sup>

Testes KS e Li para distribuição normal: (\*\*) significativo em níveis de  $p \leq 0,01$  e (ns) não significativo. Quando significativo indica que a hipótese para distribuição normal é rejeitada. MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; MSF = Massa seca de fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN – diâmetro do endocarpo; DT= Diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF - Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF = massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa; RAF = Rendimento de amêndoa fresca por fruto RAS = Rendimento de amêndoa seca por fruto.



A massa fresca de fruto (MFF), importante componente de produção, variou entre 169,20 e 550,70 g, enquanto o comprimento do fruto (CF) oscilou entre 108,89 e 146,64 mm. O número de amêndoas por frutos (NAF) variou de 0 a 3, com peso entre 2,96 e 7,59 g por unidade. Esses resultados são semelhantes aos de Lorenzi et al. (2004) e Ferreira (2005) em relação ao comprimento do fruto, que caracterizaram o cocão com medidas entre 110 e 150 mm e com 1 a 3 amêndoas por fruto. No entanto, os dados divergem quanto à massa fresca de fruto, já que os autores mencionam a possibilidade de frutos atingirem quase um quilo por unidade. Comparando com outra espécie do mesmo gênero, o babaçu (*Attalea speciosa*), seus frutos são menores, com massa entre 90 e 280 g, porém com maior número de amêndoas, variando de 2 a 5 unidades e o comprimento de 50 mm a 150 mm (Teixeira, 2008; Lorenzi, 2010; Carrazza et al., 2012). Enquanto Mitja et al, (2008) observaram de 1 a 8 amêndoas por fruto, no babaçu.

A espessura do epicarpo (EE) variou entre 1,48 e 2,77 mm e a espessura do mesocarpo (EM) entre 2,31 e 7,30 mm, sendo esta última inferior ao da espécie babaçu que possui espessura de 5 a 10 mm (Teixeira, 2008), no entanto, é provável que sejam compatíveis a considerar que a mensuração foi realizada após a secagem dos frutos.

A massa fresca de amêndoa por fruto (MFAF), outro importante componente de produção, variou de 4,12 a 21,67 g e 1,65 a 15,47 g após a secagem (massa seca de amêndoas por fruto).

Quanto aos valores médios, os genótipos apresentaram médias de 365,69 g em massa fresca de fruto, 127,97 mm de comprimento do fruto, 65,44 mm de largura do fruto e 68,02 de espessura. Essas duas últimas variáveis apresentaram dimensões próximas, podendo estar diretamente relacionadas com o formato do fruto. Quanto a massa fresca de amêndoa por fruto, a média foi de 10,51 e massa seca de amêndoas por fruto de 7,13 g respectivamente, representando um percentual de 32% de teor de água. A massa seca de fruto, variável importante para produção de carvão, apresentou média de 228,15 g após a secagem, com 37,8% de teor de água. A espessura do epicarpo e espessura do mesocarpo apresentaram 2,77 e 7,30 mm, respectivamente e, o diâmetro do endocarpo com média de 36,72 mm.

O rendimento de amêndoas fresca por fruto (RAF) apresentou ampla variação, pois variou de 1,26 a 6,43%, assim como o rendimento de amêndoas seca (RAS), que variou de 0,50 a 3,96%. Rendimento máximo superior a cinco e sete vezes maior para as duas características com relação ao mínimo, respectivamente.



Esses resultados sugerem, a presença de variação fenotípica entre as palmeiras de cocão, que pode ser devida as causas ambientais e/ou genética das plantas, uma vez que são propagadas por sementes. O cocão, embora seja uma planta monóica, pode apresentar características dióicas, assim como outras espécies do gênero *Attalea*, a exemplo da *Attalea phalerata*, em que órgãos reprodutivos não amadurecem simultaneamente, segundo MORAES et al. (1996), o que força a reprodução cruzada. A reprodução cruzada resulta em maior variabilidade genética tanto entre populações de plantas quanto entre indivíduos da mesma espécie, o que permite a combinação de diferentes informações genéticas (Malagodi-Braga et al. (2024).

A variabilidade observada nos caracteres físicos do cocão fornece informações úteis para um dos principais objetivos do melhoramento genético de plantas: o aumento da produtividade. O melhoramento combinado a um sistema de cultivos agroextrativistas pode ser uma importante opção para ampliação de oferta de produto e consequentemente aumentar a renda dos moradores da região, uma vez que a forma atual de exploração do cocão é somente extrativista, que embora tendo a sua relevância, o período de safra é limitado a três meses, deixando uma unidade de processamento de amêndoa e carvão ociosa durante a maior parte do ano.

Quanto aos coeficientes de variação obtidos, que expressam a variabilidade relativa, os valores foram variados, classificados como baixos, médios, altos e muito altos, variando de 6,55% a 34,50%. De acordo com Fonseca e Martins (1996) a variabilidade (dispersão) de um caráter em experimentos não delineados pode ser avaliada pelo CV e, segundo a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002), em ordem crescente, as características comprimento do fruto, (6,55 %), largura do fruto (7,10), espessura do fruto (7,2%), diâmetro do endocarpo (6,62), diâmetro total (7,71%) apresentaram coeficientes baixos, enquanto massa fresca de fruto (18,02%), espessura do epicarpo (14,0%) espessura do mesocarpo (19,67%) coeficientes médios, já a massa seca de fruto (20,65%), massa fresca de uma amêndoa (21,81%) coeficientes altos, e massa fresca de amêndoa (30,73%), rendimento de amêndoa fresca (32,19%), rendimento de amêndoa seca (33,67%) e massa seca de amêndoas (34,50%) coeficientes muitos altos. Segundo Oliveira et al. (2006), valores elevados de coeficiente de variação podem fornecer indícios de presença de variabilidade genética dentro da espécie e auxiliam na escolha de descritores com possibilidade de expressar a variabilidade dentro da espécie.

Os coeficientes de assimetria variaram de -0,75 a 0,80, indicando variações sensíveis em relação à média, com assimétricas positivas (enviesadas à esquerda =



As > 0) e negativas (enviesadas à direita = As < 0), porém com valores obtidos próximo de zero, sendo indicativo de baixo grau de assimetria e ausência de distorção extrema. Os valores de assimetria mais elevados, embora moderadas, foram para o número de amêndoas por fruto - NAF (-0,75) e rendimento de amêndoa seca - RAS (0,80). Dessa forma, esses resultados indicam predomínio (leve) de frutos com maiores números de amêndoas na amostra avaliada, enquanto os frutos com menor número são menos frequentes e se encontram na cauda de distribuição a esquerda. De forma contrária, a assimetria 0,80, significa que a maioria dos genótipos possui massa fresca de frutos com menores valores, formando cauda de distribuição à direita com valores mais elevados, porém menos frequentes.

Os coeficientes de curtose apresentaram variações de 2,62 a 5,06. Indicando que houve variações leves. A maioria (86%) das características possui distribuição do tipo leptocúrtica, conforme grau de coeficiente de curtose ( $Ct \geq 3$ ) e 14% do tipo platicúrtica ( $Ct < 3$ ). Verifica-se também que a maioria dos valores é próxima de 3, indicando leve achatamento e afunilamento da curva com relação ao limite superior para a distribuição normal. A distribuição do tipo leptocúrtica apresenta curva afunilada, com uma concentração de valores em torno de sua média, e a platicúrtica caracterizada por apresentar curva achatada em relação a curva normal, sendo uma forma mais plana, com menor probabilidade de eventos extremos. Estes valores indicam variações individuais importantes entre as plantas que compõem a população, demonstrando a existência de variabilidade genética para os caracteres estudados.

Ao comparar a média e mediana das variáveis observam-se valores próximos, o que indica a existência de normalidade dos dados comprovados pelos testes de Kolmogorov-Smirnov e Lilliefors ( $p < 1\%$ ). Com base nos referidos testes, o número de amêndoas por fruto foi a única variável que não seguiu distribuição normal. As demais características seguiram distribuição normal dos dados, indicando possível presença de plantas homogêneas e fraca influência dos fatores ambientais. Esse comportamento pode ser melhor visualizado em histograma de distribuição de frequência dos dados.

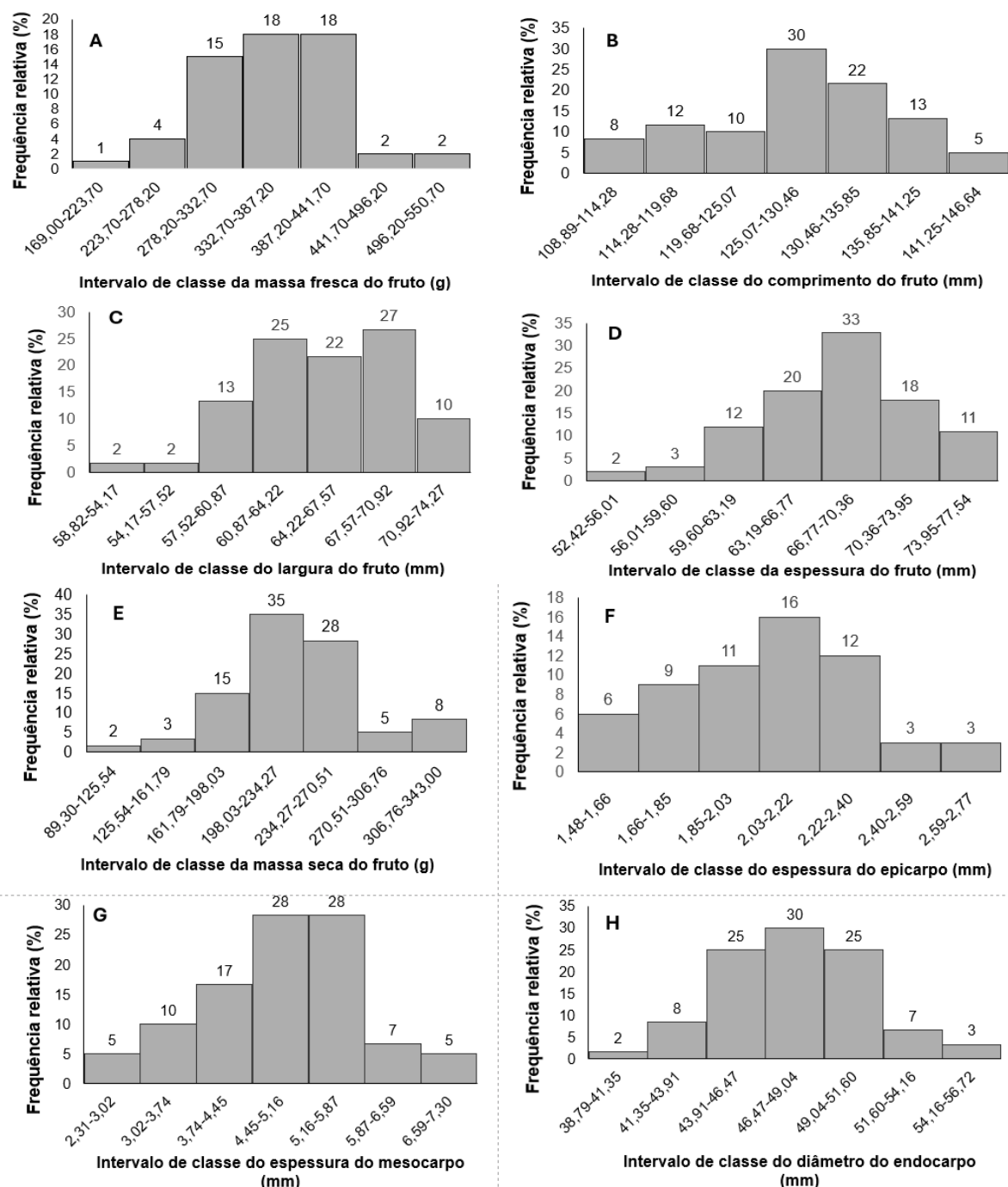
#### 4.1.2 Distribuição de frequência relativa dos caracteres físicos

A distribuição de frequência é uma alternativa complementar e importante para descrever e visualizar como cada variável se distribui, auxilia na análise individual de



cada genótipo e permite melhor visualização da amplitude de variação devido ao grande número de amostras. Na Figura 4 pode ser observada a distribuição de frequência relativa das características dos frutos e amêndoas do cocão.

**Figura 4** - Distribuição de frequência relativa (%) de Massa fresca de fruto (A), comprimento do fruto (B), largura do fruto (C), espessura do fruto (D), massa seca de fruto (E), espessura do epicarpo (F), espessura do mesocarpo (G), diâmetro do endocarpo (H) referente as características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.





A massa fresca de fruto (Figura 4A) se distribui pela amplitude de 381,70 g, em que os valores mínimo e máximo foram 169,00 e 550,70 g, correspondendo os genótipos G-16 e G-55, respectivamente. Observa-se distribuição concentrada em três classes principais, representando 85% dos genótipos amostrados, com intervalos que varia de 278,20 a 441,70 g. Observa-se que genótipos com frutos menores e maiores são menos frequentes, representando 2% e 3%, respectivamente, com escalas de 169,00-233,70 e 496,20-550,70 g respectivamente.

O comprimento do fruto apresentou amplitude de variação de 37,75 mm, com valores de mínimo de 108,89 mm (G-22) e máximo de 146,64 mm (G-44). O comprimento do fruto foram mais frequentes em dois intervalos que correspondem a 125,07 a 135,85 mm, com 52% (30+22%) dos genótipos selecionados (Figura 3B). Já a largura do fruto teve amplitude de 15,45 mm com mínimo de 58,82 mm (G-16) e máximo de 74,27 mm (G-10). As maiores frequências dos valores estão em três intervalos que variam entre 60,87 e 70,92 mm, o que representa 74% dos dados observados (Figura 4C).

A espessura do fruto apresentou amplitude de 26,72 mm, com valor mínimo e máximo de 52,42 (G-16) e 77,54 mm (G-55), respectivamente. As espessuras do fruto foram mais frequentes no intervalo de 66,77 e 70,36, com 33% dos genótipos selecionadas (Figura 4D).

A massa seca de fruto apresentou amplitude de 253,70 g, com os valores mínimo e máximo de 89,30 g para o genótipo G-16 e 343,00 g para o genótipo G-55, respectivamente. A maior parte dos genótipos apresentou massa entre 198,03 e 234,27 g, correspondendo a 35% do total das observações (Figura 4E). Esse resultado demonstra a associação desse caráter com a massa fresca dos frutos com destaque para os mesmos genótipos dos valores mínimos e máximos, indicativo de correlação.

Quanto a espessura do epicarpo, a amplitude foi de 1,29 mm e o valor mínimo foi representado pelo genótipo G-23 com 1,48 mm e o valor máximo de 2,77 mm pelo genótipo G-29. A maior frequência foi observada nos intervalos de 2,03 e 2,22, representada por 16% do total de genótipos (Figura 4F).

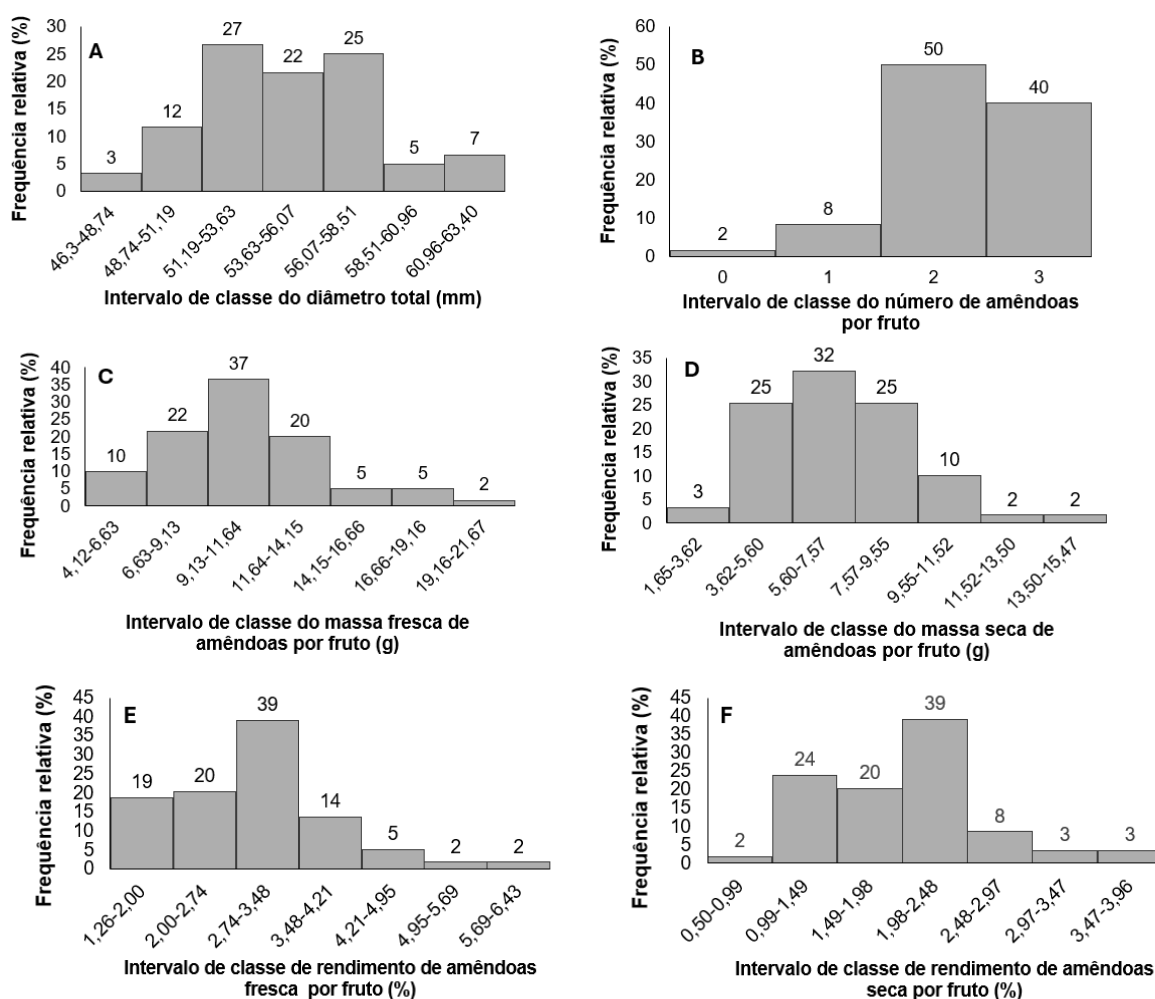
A espessura do mesocarpo teve amplitude de variação de 4,99 mm, com valores de mínimo e máximo de 2,31 mm do genótipo G-16 e 7,30 mm do genótipo G-9. Observa-se distribuição concentrada em duas classes principais, representando 56% dos genótipos amostrados (28+28%), com intervalos, que junto variam de 4,45 a 5,87 mm (Figura 4G).



Quanto ao diâmetro do endocarpo, este se distribui pela amplitude de 17,93 mm, onde os valores mínimo e máximo foram 38,79 e 56,72 mm, correspondendo os genótipos G-13 e G-10, respectivamente. Observa-se distribuição concentrada em três classes principais, representando 80% dos genótipos amostrados, com intervalos que juntos varia de 43,19 a 51,60 mm (Figura 4H).

De forma semelhante ao diâmetro do endocarpo, o caráter diâmetro total (Figura 5A) apresentou distribuição concentrada em três classes principais, representando 74% dos genótipos amostrados, com intervalos que juntos variam de 51,19 a 58,51 mm. Observa-se amplitude de 17,10 mm, sendo o mínimo representado pelo genótipo G-13 com 46,60 mm e o máximo pelo G-10, com 63,40 mm.

**Figura 5** - Distribuição de frequência relativa (%) de diâmetro total (A), números de amêndoas por fruto (B), massa fresca de fruto (C), massa seca de fruto (D), rendimento de amêndoa fresca por fruto (E), rendimento de amêndoa seca por fruto (F) referente as características de físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.





A maioria dos genótipos apresentou entre duas e três amêndoas por fruto, correspondendo a 50% e 40%, respectivamente (Figura 5B). A amplitude de variação foi de zero a três, com o valor mínimo representado por apenas um genótipo e o máximo observados em 24 indivíduos. Em estudo desenvolvido por Mitja et al. (2008) com a espécie babaçu (*Attalea speciosa*), a maior frequência obtida (40%) foi de quatro amêndoas por fruto, em amplitude de 8 sementes por fruto.

Quanto a massa fresca de amêndoas por fruto, a amplitude de variação foi de 17,55 g. O menor valor, de 4,12 g foi representado pelo genótipo G-21 e o máximo, com 21,67 pelo genótipo G-10 (Figura 5C). A maior frequência ficou entre 9,13 e 11,64, correspondendo a 37% do total. De forma semelhante, a MSAF apresentou valor mínimo e máximo pelos mesmos genótipos de massa fresca (G-21 e G-10), com amplitude 13,82 g e valor mínimo de 1,65 g e o máximo de 15,47 g. A maior frequência foi verificada entre 9,13 e 11,64 g, correspondendo a 37% (Figura 5D).

Em relação ao rendimento de amêndoa fresca por fruto, a maior frequência foi observada na classe de intervalos que variou entre 2,74 e 3,48%, equivalente a 52% dos dados. O maior e menor rendimento foi observado no G-21 e G-57, com o mínimo de 1,24 e máximo de 6,42 %, respectivamente (Figura 5E). O rendimento de amêndoas secas por fruto apresentou amplitude de 3,96 g e maior ocorrência distribuída no intervalo de 1,98 e 2,48 g, em 39% dos genótipos (Figura 5F). Os rendimentos de massa seca mais alto e o mais baixo foram registrados nas amostras dos genótipos G-21 e G-57, apresentando valores de 0,50 e 3,94 g, respectivamente.

Com esse resultado de distribuição de frequência foi possível observar que os maiores valores das características produtivas, como MFF, MSF, MFAF, MSAF, RAF e RAS, são os menos frequentes na amostragem estudada.

Assim, embora a espécie de cocão apresente variabilidade genética que pode ser aproveitada em programas de melhoramento, é essencial adotar medidas urgentes para manter essa variabilidade e evitar a erosão genética. Essa necessidade torna-se necessária devido às ameaças de avanços da supressão florestal causada por ações antrópicas, principalmente na conversão de florestas em pastagens para criação de gado e cultivo de grãos, que é uma realidade na Amazônia Legal. Situação que carece constantemente de análises das dinâmicas socioambientais para proteção e conservação da fauna e flora.

De acordo com dados do IMAZON, publicado por Amorin et al. (2024), o desmatamento na Amazônia Legal alcançou 642 quilômetros quadrados somente em



julho de 2024, com o estado do Acre respondendo por 22% desse total. Além disso, o Acre também se destacou com participação em 15% nas áreas de florestas degradadas, nesse mesmo período, do total de 175 quilômetros quadrados, além de ocorrências em Unidades de Conservação.

Nesse contexto, o estudo serve como um alerta para a necessidade de medidas para manutenção e conservação do cocão, especialmente por ser uma espécie de ocorrência natural restrita. No Brasil, ocorre exclusivamente no estado do Acre e está limitada a duas regionais (Juruá e Tarauacá/Envira), que juntas abrangem a 52% do território estadual.

#### 4.1.3 Relação entre caracteres (correlação simples)

O estudo da correlação é importante no melhoramento genético, uma vez que, ao dispor desse método, tem-se uma prévia associação entre os caracteres, sendo possível realizar a seleção indireta de caracteres de difícil mensuração/baixas herdabilidades, com base em outros de fácil avaliação associada a alta herdabilidade, proporcionando dessa forma progressos genéticos e estruturais no programa de melhoramento (Resende, 2002).

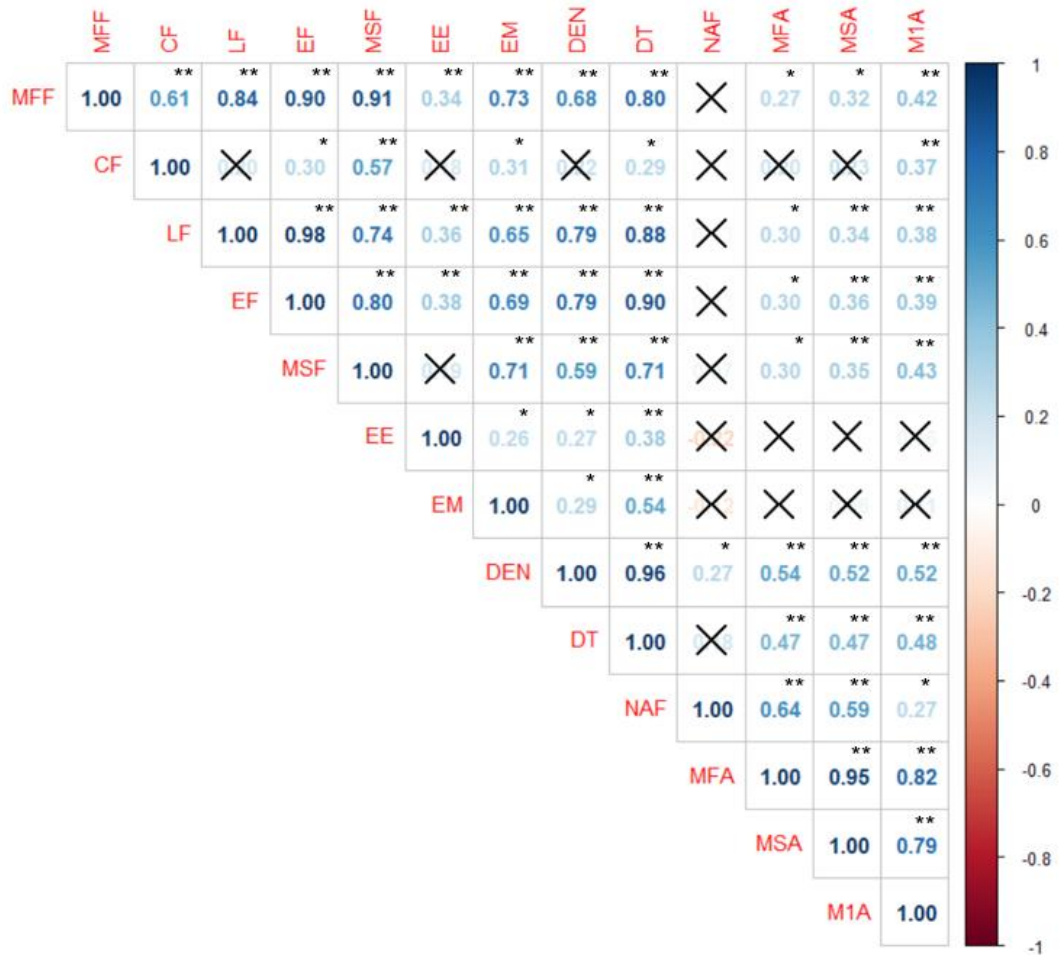
Os dados obtidos oferecem informações relevantes sobre a associação entre os caracteres físicos dos frutos e amêndoas (Figura 6), com destaques para correlações exclusivamente positivas indicando variação na mesma direção, porém com diferentes magnitudes (fraca, moderada e forte), conforme interpretação de Cohen (1988) e significativas a 1% e 5% de probabilidade para a maioria dos pares de variáveis.

Nota-se que a massa fresca de frutos se correlacionou positivamente com todas as variáveis de forma significativa, exceto com o número de amêndoas por fruto. Assim, compreende-se, quanto maior o peso dos frutos, maior será o comprimento, largura e espessura, massa seca de fruto, espessura do epicarpo, mesocarpo, diâmetro do endocarpo e diâmetro total do fruto, além das massas de amêndoas (fresca, seca e de uma amêndoa), porém com magnitude moderada nessas três últimas variáveis.

Interpreta-se também que o comprimento do fruto, assim como as demais variáveis, não são determinantes para indicar o número de amêndoas presentes nos frutos, exceto o diâmetro do endocarpo, embora com baixa magnitude ( $r_{xy} = 0,27$ ). Segundo Mitja et al. (2008), afirmam que frutos de babaçu grossos possuem maior número de sementes.



**Figura 6** - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre as variáveis físicas de fruto e amêndoas de 60 genótipos de coco amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.



\*\* e \*: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t de correlação. X sobre os valores indicam não correlação significativa entre as variáveis. MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; MSF = Massa seca de fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN = diâmetro do endocarpo; DT = diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFA = Massa fresca de amêndoas por fruto; MSA = Massa seca de amêndoas por fruto; M1A = Massa fresca de uma amêndoa.

O comprimento do fruto não se correlacionou de forma significativa com a massa fresca e seca de frutos, mas sim com massa de uma amêndoa ( $r_{xy} = 0,37$ ), o que sugere que frutos mais compridos podem conter amêndoas mais pesadas, embora não haja aumento de massa de amêndoas, possivelmente pelo número baixo de amêndoas.

A largura do fruto e espessura do fruto estão altamente correlacionadas. Ambas estão correlacionadas com as demais características do fruto de modo forte e moderado para as características das amêndoas.

O diâmetro do endocarpo apresentou correlação forte com o diâmetro total do fruto ( $r_{xy} = 0,96$ ), sendo que estas duas variáveis apresentaram, de forma alta e



moderada, respectivamente, correlação positiva com as massas de amêndoas. Esse resultado sugere seleção indireta de frutos para o diâmetro total, em que diâmetros maiores resulta em maior massa de amêndoa, por expressarem valores mais elevados com relação as demais características, além se correlacionarem positivamente de forma significativa a 1%, indicando que é possível aumentar a massa por intermédio da seleção indireta para o diâmetro do fruto.

O número de amêndoas por fruto está correlacionado altamente com a massa fresca ( $r_{xy} = 0,64$ ) e seca de amêndoas ( $r_{xy} = 0,59$ ), assim como a massa fresca de amêndoa com a massa seca ( $r_{xy} = 0,95$ ) e massa de uma amêndoa ( $r_{xy} = 0,82$ ).

Esses resultados são divergentes aos de Sinti-Pinedo et al. (2024), em estudo com a espécie do mesmo gênero, a *Attalea moorei*, quanto a magnitude da correlação positiva entre massa fresca de fruto e comprimento do fruto, que foi mais elevada ( $r_{xy} = 0,82$ ), e quanto a massa fresca de fruto e diâmetro do endocarpo foi inversamente proporcional ( $r_{xy} = -0,49$ ), assim como entre a massa fresca de uma amêndoa e número de amêndoa por fruto, que também foi inversamente proporcional ( $r_{xy} = -0,013$ ), enquanto nesse estudo foi positiva ( $r_{xy} = 0,27$ ) e significativa a 1%.

Rodriguez-Cabrera et al. (2023), ao estudarem a biometria de frutos e amêndoas da *Attalea bassleriana* obtiveram resultados semelhantes a esse estudo quanto a correlação positiva entre massa do fruto e diâmetro do fruto, porém com magnitude mais elevada ( $r_{xy} = 0,84$ ), e correlação positiva entre diâmetro do fruto e endocarpo, no entanto, com valor inferior ( $r_{xy} = 0,69$ ) ao obtido nesse estudo.

Assim, analisando esses resultados comparados, apesar das espécies serem do mesmo gênero e possuir semelhanças, existem especificidades quando a morfologia de frutos e sementes entre as espécies.

As características que não apresentaram uma correlação significativa ou de estimativas ditas muito fraca ou fraca, evidenciam falta de relação linear entre as variáveis.

#### 4.1.4 Análise de variação entre e dentro dos genótipos

Em espécies tropicais existe variabilidade em relação ao tamanho de frutos e sementes (amêndoas), segundo Cruz e Carvalho (2003) e, a variação das características pode ocorrer dentro da mesma espécie ou até em um mesmo indivíduo, de acordo com Pinã-Rodrigues e Aguiar (1993).



Dessa forma, a análise de variância entre e dentro é importante para definir seleção. Na Tabela 4 são apresentados os resultados da análise de variância entre e dentro dos genótipos. Pode-se observar resultados significativos pelo teste F a 1% de probabilidade para os 15 caracteres analisados nos genótipos estudados.

Observa-se que a maior variação ocorreu entre os genótipos, o que sugere que seleção é melhor entre as plantas do que entre os frutos de forma isolada, pois é onde ocorre a maior variação. Assim, esses resultados apoiam estratégias de coleta entre indivíduos para a seleção. A menor variabilidade dentro dos genótipos do cocão pode estar relacionada à disposição espaçada dos frutos nos cachos, que possibilita um desenvolvimento mais uniforme até o amadurecimento. Isso ocorre porque os frutos são distribuídos ao longo das ráquias (com 15 cm de comprimento), geralmente em grupos de dois a três por ráquila.

**Tabela 4** - Estimativa da variância entre e dentro para as características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

Características	QM Entre	QM Dentro
MFF (mm)	44324,40**	1354,36
CF (mm)	707,36**	51,48
LF (mm)	233,82**	13,88
EF (mm)	259,13**	13,62
MSF (g)	21958,60**	703,34
EE (mm)	0,88**	0,09
EM (mm)	9,54**	0,55
DEN (mm)	98,54**	8,57
DT (mm)	138,85**	10,42
NAF	1,69**	0,42
MFAF (g)	100,97**	7,56
MSAF (g)	57,83**	3,61
MF1A	10,13**	0,65
RAF (%)	8,38**	0,48
RAS (%)	4,12**	0,22

\*\*significativo a 1% pelo teste F. MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; MSF = Massa seca de fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN – diâmetro do endocarpo; DT= Diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF - Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF = massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa; RAF = Rendimento de amêndoa fresca por fruto RAS = Rendimento de amêndoa seca por fruto.



#### 4.1.5 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

Essas estimativas auxiliam na tomada de decisões relacionadas à escolha do método mais adequado, à identificação dos caracteres prioritários para seleção em diferentes etapas do programa, e à definição do peso atribuído a cada caráter, isoladamente ou em conjunto. Tais informações são obtidas, em geral, a partir da análise de variância dos dados (Barros, 2007; Cruz et al., 2014; Rossmann, 2001).

Os valores estimados para variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias genotípicas ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ) estão apresentados na Tabela 5.

**Tabela 5** - Estimativas das variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias genotípicas ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ), estimados para características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cacaó amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

VARIÁVEIS	PARÂMETROS GENÉTICOS					
	$\sigma_f^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_g^2$	$h_a^2(\%)$	$CV_g(\%)$	$CV_g/CV_e$
MFF (mm)	4432,46	135,44	4297,03	96,94	17,81	1,78
CF (mm)	70,74	5,15	65,59	92,72	6,33	1,13
LF (mm)	23,39	1,39	21,95	94,06	7,17	1,26
EF (mm)	25,91	1,36	24,55	94,74	7,29	1,34
MSF (g)	2195,35	70,33	2125,53	96,79	20,15	1,73
EE (mm)	0,09	0,01	0,08	89,63	13,65	0,93
EM (mm)	0,95	0,05	0,89	94,21	19,50	1,28
DEN (mm)	9,85	0,85	8,99	91,30	6,28	1,02
DT (mm)	13,88	1,04	12,84	92,49	6,55	1,11
NAF	0,17	0,04	0,13	75,44	15,56	0,56
MFAF(g)	10,31	0,77	9,54	92,50	29,18	1,12
MSAF (g)	5,90	0,37	5,34	93,75	32,78	1,24
M1A	1,03	0,07	0,97	93,57	21,23	1,22
RAF(%)	0,85	0,05	0,81	94,25	30,56	1,30
RAS(%)	0,41	0,02	0,40	94,70	31,69	1,35

MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; MSF = Massa seca de fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN – diâmetro do endocarpo; DT= Diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF - Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF = massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa; RAF = Rendimento de amêndoa fresca por fruto RAS = Rendimento de amêndoa seca por fruto.



As variâncias genéticas foram próximas às fenotípicas e superiores às ambientais em todos os caracteres avaliados, assim como em trabalho de Pereira (2018), com estudo da palmeira Juçara (*Euterpe edulis*), Corrêa et al. (2020), com a espécie *Astrocaryum aculeatum* e Yokomizo et al. (2016) em estudo de caracteres de frutos em açaizeiros. Esse comportamento indica que as variâncias fenotípicas foram predominantemente causadas por fatores genéticos, o que sugere baixa influência ambiental na expressão do fenótipo, o que é importante na predição do ganho genético mediante seleção. Esses resultados influenciam, por tanto, nos valores de herdabilidade, que é desejável em um programa de melhoramento.

As herdabilidades variaram entre magnitudes altas e muito altas, conforme classificação de Resende (2002). Os valores foram superiores a 75%, variando de 75,44% a 96,94%. (Tabela 5).

Resultados como este sugerem alto controle genético sobre a determinação fenotípica, indicando grande potencial de seleção para todos os genótipos avaliados. Segundo Yokomizo et al. (2016), elevados valores de herdabilidade indicam que os caracteres em estudo sofreram menor variação ambiental, o que favorece os ganhos genéticos estimados com a seleção baseada na média dos indivíduos.

Estes valores são semelhantes aos obtidos por Corella (2022), que avaliando acessos de macaúba (*Acrocomia* sp.) relacionados aos caracteres de frutos, obtiveram herdabilidades de 66 a 90%. No entanto, dentre as características, a de menor valor (66%) foi a massa seca de amêndoa, enquanto nesse estudo para a mesma característica foi superior, com 93,75%. Enquanto Costa et al. (2018), obtiveram valores variando de 0,64 a 0,79 % para caracteres biométricos na mesma espécie (*Acrocomia* sp.).

As herdabilidades altas demonstram potencial de seleção entre os acessos estudados, apresentando perspectivas para a seleção de plantas. Em programas de recursos genéticos e melhoramento vegetal, identificar os parâmetros de estimativas de herdabilidade consiste em subsidiar o processo de ganhos com a seleção de genótipos de interesse, auxiliando em futuras recomendações de cultivares superiores (Rosado et al., 2019). Assim, esta propriedade é importante para futuro estudo do melhoramento genético do cocão.

Quanto ao CVg, que também é fundamental para avaliar o potencial de ganho genético na seleção de características, nesse estudo, os valores variaram de 6,28% a 32,79%. Com exceção do comprimento, diâmetro do endocarpo e diâmetro total, os valores dos coeficientes de variação genética foram todos superiores a 7%.



Coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos (Sebbenn et al., 1998). Observa-se, que as características relacionadas às amêndoas apresentaram os maiores valores de coeficiente de variação, indicando que expressaram maior variação genética, apresentando-se, portanto, com maior potencial para a seleção. Esses resultados confirmam e quantificam variação genética e são semelhantes aos de Cogo et al. (2022) em estudo de palmeira do gênero *Butia*, em que obtiveram valores com coeficiente de variação superior a 8%, alcançando a 51% de coeficiente de variação genética.

Em termos de  $CV_g/CV_e$ , segundo Resende e Alves (2020), esse parâmetro é uma medida capaz de inferir sobre a precisão e exatidão na avaliação genotípica. Para Falconer e Mackay (1996), valores superiores a 1 demonstra que a variabilidade genética ( $CV_g$ ) é maior do que a variabilidade ambiental ( $CV_e$ ), o que é favorável para seleção. Nesse estudo, a maioria das características apresentou valores próximos e superiores a 1. Apenas as características número de amêndoas por fruto e espessura do epicarpo apresentaram valores inferiores a 1, embora com coeficiente de herdabilidade favorável. Assim, para essas duas características, em que houve maior contribuição dos fatores ambientais exige maior rigor na seleção. As demais, a maioria, indica potencial para seleção com maior contribuição genética na manifestação fenotípica.

Dessa forma, essas estimativas contêm informações importantes para a predição de ganhos e para possíveis mudanças na estrutura genética das populações ou entre indivíduos.

#### 4.1.6 Estimativas de divergência em variáveis físicas

A análise de agrupamento realizada pelo método de Tocher fundamentada na dissimilaridade, possibilitou a formação de treze grupos distintos de genótipos (Tabela 6), confirmando ampla variabilidade entre a espécie estudada. Embora o grupo o Grupo I tenha reunido maior número de genótipos, com total de 40 (66,6%), demonstrando que eles são poucos variáveis entre si. Os genótipos reunidos no grupo I são tanto da UC do Mogno quanto da UC do Rio Liberdade.

Os Grupos II e III foram compostos por cinco e três indivíduos, respectivamente. O Grupo IV e V foram formados por dois indivíduos, enquanto os Grupos do VI ao XIII por apenas um indivíduo cada.



De acordo com Cruz e Carneiro (2003) e Vasconcelos et al. (2007), é comum, no método de Tocher, concentrar um maior número de acessos nos primeiros grupos, enquanto os grupos finais tendem a reunir acessos isolados. Segundo Silva et al. (2016), essa característica do método é interessante, pois permite identificar indivíduos geneticamente dissimilares e não somente grupos.

**Tabela 6** - Agrupamento de 60 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa, pelo método de Tocher, utilizando o quadrado da distância Euclidiana como medida de dissimilaridade.

Grupos	Genótipos	%
I	G-14; G-30; G-5; G-11; G-24; G-18; G-2; G-54; G-42; G-43; G-33; G-7; G-41; G-34; G-58; G-40; G-6; G-49; G-39; G-15; G-1; G-60; G-37; G-27; G-28; G-25; G-17; G-3; G-32; G-19; G-59; G-45; G-36; G-35; G-50; G-20; G-52; G-44; G-51; G-31	66,6
II	G-46; G-48; G-38; G-53; G-47	8,33
III	G-8; G-21; G-26	5
IV	G-16; G-22	3,33
V	G-4; G-9;	3,33
VI	G-55	1,66
VII	G-12	1,66
VIII	G-56	1,66
IX	G-29	1,66
X	G-23	1,66
XI	G-13	1,66
XII	G-10	1,66
XIII	G-57	1,66

Os grupos VI, VII, VIII, IX, X, XI, XII, XIII reuniram apenas um acesso cada, formado pelos genótipos G-55, G-12, G-56, G-29, G-23, G-13, G-10 e G-57, respectivamente, sugerindo que esses genótipos são divergentes entre os avaliados, o que fez com que esses não se agrupassem a nenhum outro.

Dessa forma, o número de grupos formados pelo método de Tocher evidencia a ampla variabilidade entre os genótipos analisados, demonstrando eficiência. O número de grupos formado foi superior a de outros estudos sobre palmeiras, como de Santos et al. (2012) ao analisarem 60 genótipos de babaçu em população de



ocorrência natural com base nos caracteres morfoagronômicos, obtiveram a formação de três grupos. Em estudo de Bispo et al. (2020), ao avaliarem 20 genótipos de buriti (*Mauritia flexuosa*) obtiveram a formação de dois grupos pelos métodos de Tocher e UPGMA, a partir de características morfológicas de frutos e sementes. Marçal et al. (2020) avaliaram 20 fragmentos de juçara (*Euterpe edulis*) com base em caracteres de frutos e sementes, verificaram a formação de seis grupos pelo método de Otimização (Tocher) e cinco grupos pelo método UPGMA.

A análise intra e intergrupos nesse estudo com base em medidas de dissimilaridade, permitiu identificar, a partir de valores, quais são os mais distintos e quais compartilham características semelhantes, ou seja, a uniformidade ou a diversidade entre os indivíduos.

Conforme resultados obtidos (Tabela 7), os maiores valores de divergência genética foram observados entre os grupos XII e XI (8,37), VI e IV (5,78), XI e VI (5,44), XIII e XI (5,28) e, XI e II (5,22), as menores dissimilaridades genéticas entre os grupos I e VII (0,79), I e VIII (0,75) e II e VI (0,74).

**Tabela 7** - Distâncias médias intra (diagonal principal) e intergrupos (abaixo da diagonal principal) estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 60 genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*), com base em características físicas do fruto e amêndoa.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII	XIII
I	0,56												
II	1,10	0,38											
III	1,14	2,39	0,50										
IV	1,88	4,25	1,86	0,39									
V	1,24	1,25	1,29	4,01	0,52								
VI	1,71	<b>0,74</b>	2,54	<b>5,78</b>	0,96	0,00							
VII	<b>0,79</b>	0,98	1,58	3,00	0,96	1,05	0,00						
VIII	<b>0,75</b>	1,09	1,28	2,49	0,98	1,46	1,43	0,00					
IX	1,44	1,66	0,82	3,53	1,12	1,52	1,94	1,31	0,00				
X	0,99	2,32	2,08	0,88	2,84	3,66	1,55	1,33	3,41	0,00			
XI	2,78	<b>5,22</b>	1,02	2,05	2,88	<b>5,44</b>	3,77	2,80	2,22	3,44	0,00		
XII	2,35	<b>0,81</b>	4,65	6,07	2,92	1,73	2,29	2,09	3,52	3,29	<b>8,37</b>	0,00	
XIII	1,74	2,67	3,35	1,75	4,03	4,67	1,93	3,05	4,45	0,81	<b>5,28</b>	3,38	0,00



A análise dessas combinações é indicada para serem utilizadas em um futuro programa de melhoramento, devido divergência genética encontrada, aumentando assim, a probabilidade de combinações gênicas favoráveis. O conhecimento da divergência genética de uma espécie é a base para o melhoramento vegetal, por possibilitar a identificação de progenitores adequados ao cruzamento que permite o surgimento de materiais superiores, além de obter o conhecimento da base genética da população estudada (Ferrão et al., 2002; Cruz et al., 2011). Para reforçar, segundo Araujo; Carvalho e Alves (2002), o melhorista deve selecionar, como genitores para os cruzamentos, aqueles que apresentam as melhores características agrônômicas e maior dissimilaridade entre si.

Para facilitar essa compreensão é importante analisar as médias das características de cada grupo dissimilares para auxiliar no processo de seleção. Assim, os números de acessos por grupo, pelo método de Tocher, e suas respectivas médias para as variáveis avaliadas estão apresentadas na Tabela 8.

Observa-se que grupo XI representado pelo genótipo G-13 apresentou ausência de amêndoas, enquanto o grupo XII, representado pelo genótipo G-10 foi o que apresentou maior rendimento de amêndoas (21,67 g). O grupo IV, X e XIII representados pelos pares G-16 e G-22, G-23 e G57, respectivamente apresentaram as menores médias para massa fresca e seca de frutos, com média de 200,35, 267,70 e 256,10 g, respectivamente. No entanto, esses mesmos grupos apresentaram os maiores percentuais de rendimentos de amêndoas.

O grupo XIII apresentou o segundo maior valor de massa fresca de amêndoa e o grupo II o terceiro maior valor. O grupo VI apresentou o maior valor de massa seca e fresca de fruto com 550,70 e 343,00 g, respetivamente.

De modo geral, dependendo do objetivo do melhoramento, em que na maioria é voltada para produção, e analisando o potencial para finalidade de produção de carvão e do uso de amêndoas de cocão, pode-se considerar que os grupos V, VI, VII e XII são os mais rentáveis para produção de carvão em termo de rendimentos, enquanto os grupos XII, XIII, II são os mais promissores para massa de amêndoas, tanto para massa fresca quanto para rendimento e massa de uma amêndoa.

Observa-se que o grupo XII, formado pelo genótipo G-10 apresenta as duas características elevadas, tanto para massa de fruto como para rendimento de amêndoas. Observa-se também que, embora o grupo XIII tenha apresentado massa fresca de fruto de apenas 256,10 g, foi o que apresentou maior rendimento de massa fresca e seca de amêndoa.



**Tabela 8** - Número de genótipos (N) e médias das variáveis para os grupos de genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*) obtidos pelo método de Otimização de Tocher.

Características	Grupos						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
N	40	5	3	2	2	1	1
MFF (mm)	358,23	445,62	353,03	200,35	457,95	550,70	417,60
CF (mm)	127,43	134,14	130,78	110,99	134,68	143,27	145,14
LF (mm)	64,98	71,55	63,90	53,78	70,48	72,32	63,05
EF (mm)	67,60	74,30	66,02	55,39	73,75	77,54	66,67
MSF (g)	221,35	265,70	224,80	114,95	328,35	343,00	330,30
EE (mm)	2,05	2,23	2,19	1,97	2,07	2,15	2,02
EM (mm)	4,80	5,43	4,54	3,00	7,20	6,63	5,28
DEN (mm)	47,52	52,35	46,13	42,91	45,98	53,26	45,70
DT (mm)	54,37	60,01	52,86	47,88	55,24	62,03	53,01
NAF (und)	2,35	2,48	0,97	2,35	1,45	3	3
MFAF (g)	10,25	15,26	3,76	6,92	7,36	12,09	12,23
MSAF (g)	7,00	10,76	2,43	3,15	5,57	7,51	8,09
MF1A (g)	4,48	6,30	2,62	2,99	5,30	4,21	4,93
RAF (%)	2,88	3,41	1,03	3,61	1,67	2,20	2,93
RAS (%)	1,97	2,41	0,66	1,67	1,26	1,36	1,93

Características	Grupos					
	VIII	IX	X	XI	XII	XIII
N	1	1	1	1	1	1
MFF (mm)	365,20	410,20	267,70	306,80	434,20	256,10
CF (mm)	113,74	132,06	117,82	118,40	123,31	132,86
LF (mm)	70,50	70,29	59,09	61,91	74,27	57,55
EF (mm)	72,55	72,51	62,03	63,98	76,71	59,29
MSF (g)	233,00	237,00	166,60	172,50	322,80	140,50
EE (mm)	1,68	2,77	1,48	2,22	2,15	2,10
EM (mm)	5,90	5,20	3,70	5,30	4,52	2,91
DEN (mm)	50,48	51,74	45,51	38,79	56,72	43,85
DT (mm)	58,06	59,71	50,69	46,30	63,40	48,86
NAF (und)	2	1	3	0	3	3
MFAF (g)	9,47	4,33	11,58	0	21,67	16,48
MSAF (g)	5,88	3,37	7,36	0	15,47	10,14
MF1A (g)	3,94	2,61	4,30	0	7,22	6,27
RAF (%)	2,58	1,09	4,32	0	5,00	6,42
RAS (%)	1,60	0,85	2,75	0	3,57	3,94

MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN = diâmetro do endocarpo; DTF = diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF = Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF - massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa; RMFAF/MFF (%) = Relação massa fresca de amêndoa por fruto/Massa fresca de fruto; RMSAF/MFF (%) = Relação massa seca de amêndoa por fruto/Massa fresca de fruto.



Esses resultados oferecem importantes informações para avaliação e tomada de decisão do melhorista, dependendo do objetivo do melhoramento, por permitir visualizar combinações entre os genótipos potenciais para cruzamento, além de destacar aqueles que reúnem as melhores características, com potencial para clonagem. A clonagem pode ser explorada através biotecnologia, acelerando o processo de melhoramento, com a técnica de cultura de tecidos que oferece tecnologia avançada para obtenção de plantas mantendo as características de origem, garantindo uniformidade genética, rapidez no processo de propagação de espécies, de uso para produção comercial e útil para conservação de germoplasma, mesmo para aquelas que não dispõem de propagação vegetativa, como o cocoão.

De acordo com a literatura, que destaca a importância de analisar mais de um método de agrupamento, o método hierárquico UPGMA, que tem sido utilizada em diversos estudos de diversidade genética, possibilitou a distribuição dos genótipos em sete grupos, os quais podem ser visualizados no dendrograma (Figura 7).

Para determinação do ponto de corte (1,15), de aproximadamente 37,5% de dissimilaridade, foi utilizado o critério Mojena (1977), baseado na média (0,4649), desvio padrão (0,4550) e, valor de  $K = 1,25$  como regra de parada na definição do número de grupos, conforme sugestão de Milligan e Cooper (1985).

Segundo Cruz, Ferreira e Pessoni (2020), a determinação do ponto de corte pode ser feita em razões práticas do pesquisador; análise visual do dendrograma, sendo que o número de grupos é determinado onde há mudança severa nas ramificações; e critérios estatísticos, como por exemplo, o método de Mojena (1977), que é baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma.

O desempenho da análise do agrupamento hierárquico UPGMA foi avaliado por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC), que obteve valor de 0,71 (Tabela 9). Segundo Sokal e Rohlf (1962), quanto maior o valor da correlação, menor será a distorção provocada pelo agrupamento. O valor obtido (0,71) demonstra que há uma boa representação das matrizes de similaridade na forma de dendrograma. Rohlf e Fisher (1968) estudaram a distribuição do CCC sob a hipótese de que os indivíduos são escolhidos aleatoriamente a partir de uma única distribuição normal multivariada. Os autores observaram que, em média, os CCC tendem a diminuir com o aumento do número de indivíduos e que são quase sempre independentes do número de variáveis.



Vale ressaltar que o nível de estresse (parâmetro que determina a precisão do ajuste), foi elevado (44,55%) (Tabela 9), portanto, acima do adequado, segundo os critérios estabelecidos por Kruskal (1964). O autor considera 10% como ideal e 20% como regular.

Com esse estresse, é provável que o método aplicado não tenha conseguido manter na íntegra a fidelidade das distâncias originais entre os genótipos. No entanto, convém destacar que alguns agrupamentos se assemelharam aos de Tocher.

Conforme pode-se observar no dendrograma, o Grupo I foi formado por 43 genótipos, cerca de 71,6%, percentual maior do que foi agrupado pelo método de Tocher, que foi de 66,6% para o referido grupo. Foi possível identificar que essa diferença foi devida a junção de alguns isolados, como os genótipos G-23, G-12 e o G-56, que no Tocher ficaram isolados, e com isso já explica a redução de três grupos. O Grupo II juntou os genótipos G-4 e G-9, junção igual ao Tocher, no grupo III os genótipos G-21, G-26, G-29 e G-8, semelhante ao Tocher, juntando a este grupo também o G-29, que antes era isolado. O Grupo IV foi o segundo maior grupo, formado por sete genótipos, G-46, G-48, G-38, G-47, G-53, G-55 e G-10, sendo esses dois últimos isolados no Tocher, já no Grupo V permaneceram juntos os genótipos G-16 e G-12, e os Grupos VI e VII, representados pelo G-57 e G-13, respectivamente, igual ao método Tocher.

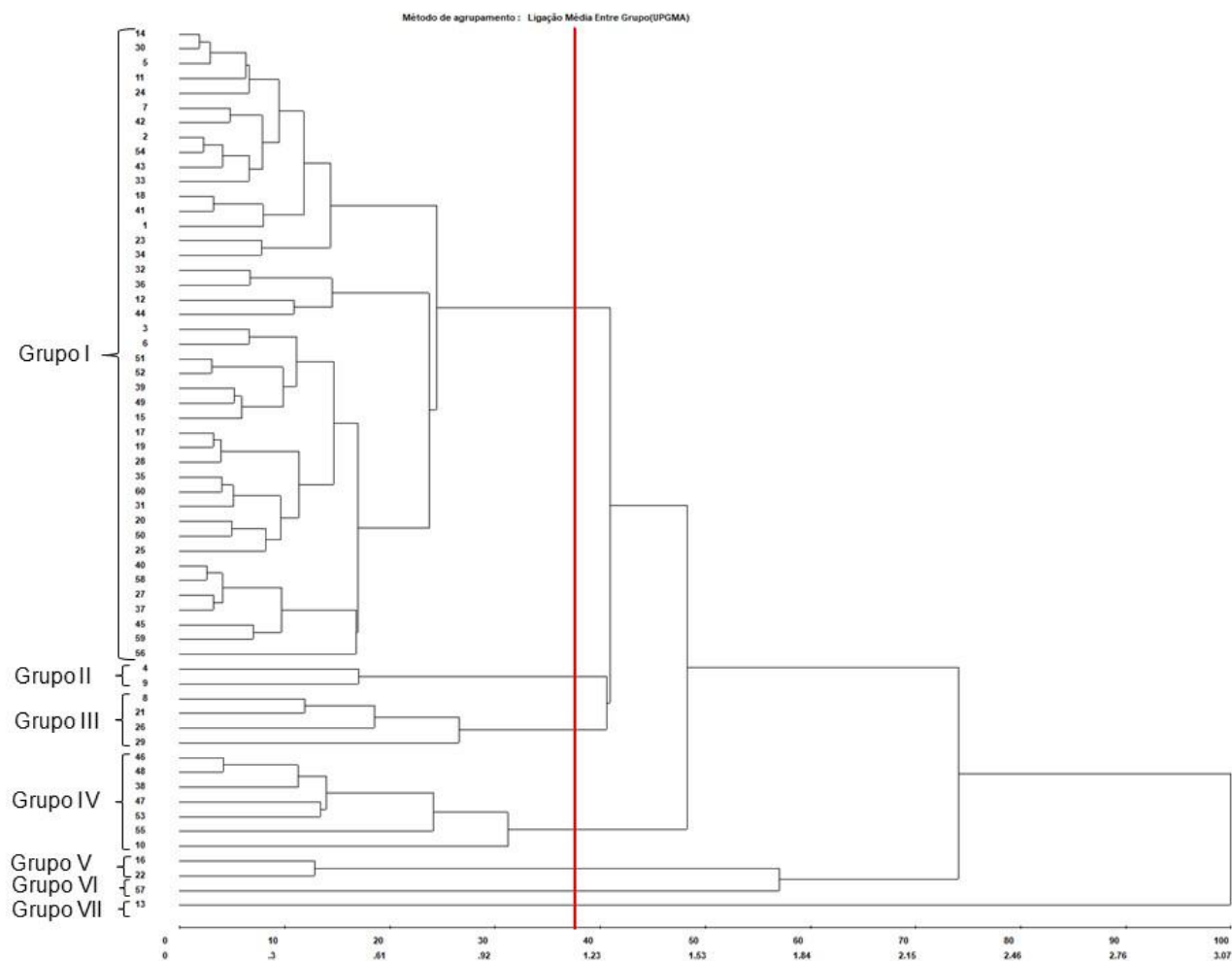
**Tabela 9** - Adequação do método hierárquico por meio do coeficiente de correlação cofenética, utilizando variáveis quantitativas, Rio Branco - Acre.

Estatística	Valor
Correlação cofenética (CCC)	0,71
Graus de liberdade	1768
Valor de teste t	43,3867
Probabilidade	* *
Distorção (%)	19,85
Estresse (%)	44,55

Dessa forma, Cruz et al. (2012) destacam a importância da aplicação de métodos diferentes pode gerar resultados complementares, pois utilizam critérios distintos. Isso permite uma análise mais robusta e confiável da diversidade genética, possibilitando a validação dos agrupamentos e aumentando a confiança nas inferências realizadas. Uma outra técnica importante e complementar é a PCA para visualização de agrupamentos.



**Figura 7** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado no Quadrado da Distância Euclidiana para agrupamento de 60 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa.





### *Por análise de Componentes Principais - PCA*

Com base nos resultados obtidos pela técnica de análise de componentes principais (PCA), os respectivos autovalores e percentagens de variância explicada por cada componente estão apresentados na Tabela 10. Os dois primeiros componentes foram responsáveis por 72,58% da variação total, sobre as 13 características de frutos e amêndoas de 60 genótipos avaliados, em que o PC1 foi responsável por 50,99% e o segundo, PC2, por 21,59% das variações dos dados. Além disso, apresentaram autovalores maiores que 1, com 6,67, 2,67 e 1,14 para CP1, CP2 e CP3, respectivamente. De acordo com Kaiser (1960), é recomendável escolher componentes com autovalor maior que 1,0 e que concentrem a variação mais significativa dos dados para que seja aceitável realizar um agrupamento divergente entre os genótipos (CRUZ et al., 2011). Quanto a proporção acumulada, de acordo com Medina et al. (2010), valores dos primeiros componentes acima de 70% são suficientes para explicar a variância total entre as variáveis.

Conforme Tabela 10, cada componente principal retém uma percentagem da variância total original, e as variâncias retidas são decrescentes do primeiro ao último componente. A importância de um componente é avaliada pela percentagem de variância retida. Assim, o primeiro componente é o mais importante, pois retém a maior parte da variação total encontrada nos dados originais (Gonçalves; Fritsche-Neto (2012).

**Tabela 10** - Autovalores, variância explicada (%) e acumulada (%) dos componentes principais obtidos a partir da análise multivariada das características de frutos e amêndoas do coco.

Componentes	Autovalores	Variância explicada (%)	Variância total acumulada (%)
CP1	6,67	50,99	50,99
CP2	2,67	21,59	72,58
CP3	1,14	8,74	82,32
CP4	0,89	6,61	87,93
CP5	0,59	4,31	92,24
CP6	0,50	3,97	96,20
CP7	0,17	1,31	97,52
CP8	0,13	0,99	98,51
CP9	0,12	0,90	99,41
CP10	0,03	0,28	99,69
CP11	0,03	0,30	99,99
CP12	0,01	0,008	99,99
CP13	0,00	0,000	100,00



Na matriz de correlação, todos os caracteres têm variância 1. Portanto, qualquer componente cuja variância seja menor que 1 não é selecionado, uma vez que contém muito menos informação que qualquer um dos caracteres originais (Khattree; Naik, 2000). Diferentemente de Kaiser (1960), Jolliffe (1972) sugere que sejam considerados os componentes associados a autovalores acima de 0,7, sendo os inferiores descartados como variáveis redundantes.

Com base nos dados de autovetores é possível prever as variáveis de maior contribuição para variabilidade dos dados, em cada componentes principais (PC1 e PC2), atribuídos a cada variável.

Conforme resultados dos autovetores (Tabela 11), as variáveis que mais contribuíram para a variabilidade no componente principal 1 foram o diâmetro total do fruto (10,53%), diâmetro do endocarpo (10,46%), massa fresca de fruto (10,29%), largura do fruto (10,09%) e massa seca de fruto (9,66%), sendo responsáveis por 51% da variação total do referido componente. Enquanto as características referentes as amêndoas - massa fresca de amêndoas (15,47%), massa seca (15,37%), número de amêndoas por fruto (14,32%) e massa fresca de uma amêndoa (11,74%) contribuíram com 55% da variação total do componente 2. Dessa forma, foi possível observar que essas variáveis são caracteres de maior importância no estudo da diversidade genética.

**Tabela 11** - Autovetores das características físicas de frutos e amêndoas de 60 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

Características	Autovetores	
	CP1	CP2
MFF (g)	-1,3229	0,4558
CF (mm)	-0,6842	0,1464
LF (mm)	-1,2972	0,3814
EF (mm)	-1,3451	0,4075
MSF (g)	-1,2419	0,3403
EE (mm)	-0,4864	0,5765
EM (mm)	-0,9090	0,7338
DEN (mm)	-1,2481	-0,1477
DT (mm)	-1,3548	0,1113
NAF	-0,3529	-1,0718
MFAF (g)	-0,8312	-1,1581
MSAF (g)	-0,8749	-1,0752
MF1A (g)	-0,9115	-0,8788

MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN = diâmetro do endocarpo; DT = diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF = Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF = massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa.

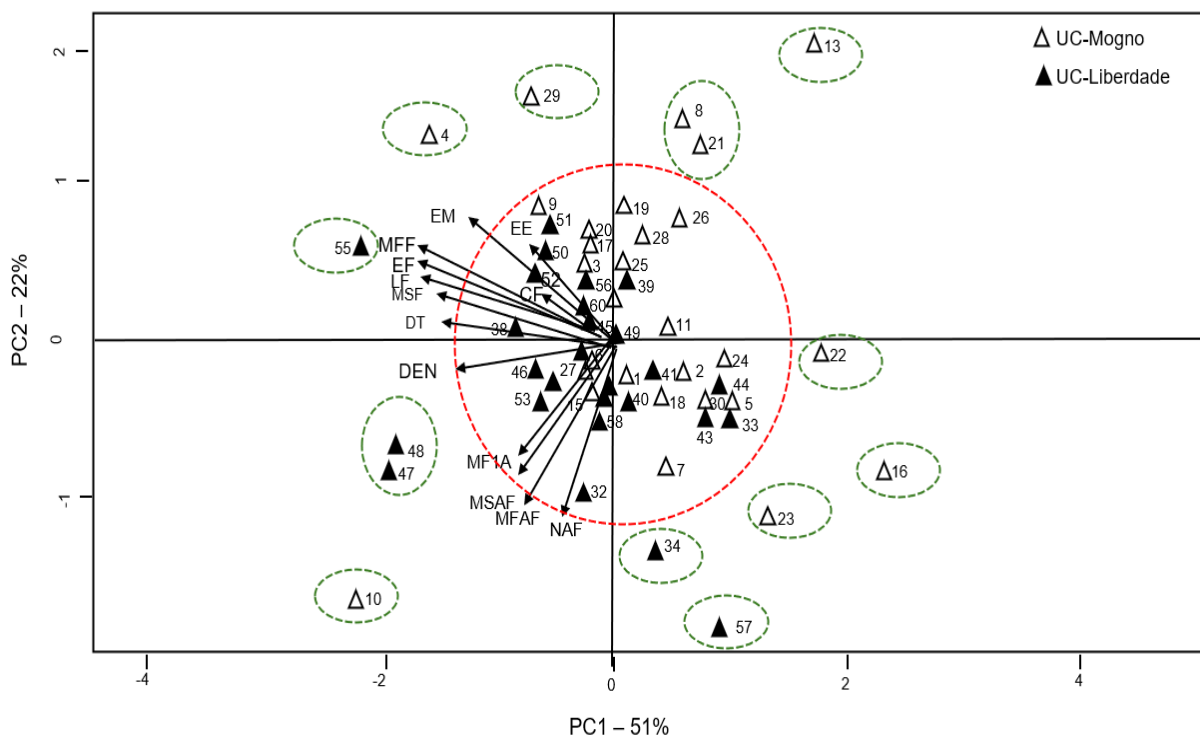


Como os dois primeiros componentes possuem uma variação acumulada de 73% nesse estudo, a dispersão gráfica foi realizada em duas dimensões. Segundo Amaral Júnior e Thiébaud (1999), a variação acumulada acima de 70% seria suficiente para a dispersão gráfica bidimensional.

Os componentes principais foram estimados de modo a dispor os genótipos em um gráfico utilizando os valores de dispersão, em relação aos eixos representativos dos dois primeiros componentes principais. A dispersão dos escores referentes à posição de cada genótipo, em eixos cartesianos, é apresentada na Figura 8.

A análise de componentes principais apontou elevada dispersão comprovando a existência de variabilidade genética entre os materiais avaliados. Este resultado deve ser ponderado, uma vez que os dois componentes principais explicaram 73% de toda a variação dos dados originais.

**Figura 8** - Análise de componentes principais de 60 genótipos de cocão, de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre, com base em características físicas do fruto e amêndoa.



MFF = Massa fresca de fruto; CF = Comprimento do fruto; LF = Largura do fruto; EF = Espessura do fruto; EE = Espessura do epicarpo; EM = Espessura do mesocarpo; DEN = diâmetro do endocarpo; DT = diâmetro total do fruto; NAF = Número de amêndoas por fruto; MFAF = Massa fresca de amêndoas por fruto; MSAF - massa seca de amêndoas por fruto; MF1A = Massa fresca de uma amêndoa.

As variáveis que apresentaram as maiores contribuições para PC1 são verificadas pelas que têm vetores de maior comprimento e as correlações mais fortes,



a mais fracas são verificadas pela disposição maior ou menor dos ângulos, de forma semelhante ocorre com a PC2. Dessa forma, PCA foi usada para reduzir as dimensões das variáveis originais sem perda de informação. Por definição, a correlação entre os principais componentes é zero, isto é, a variação explicada em CP1 é independente da variação explicada em CP2 e assim por diante. Isto implica que para qualquer componente principal não vai causar uma resposta correlacionada em termos de outros componentes principais, isto é, são ortogonais (Savegnago et al., 2011; Fraga et al., 2015).

Observa-se nesse estudo que os resultados foram semelhantes e algumas discordâncias ao comparar aos dois métodos de agrupamentos realizados (Tocher e UPGMA). Quanto a semelhança, é possível observar um grupo formado por muitos genótipos, os grupos G-57 e G-13 isolados, sendo por tanto, iguais nos dois métodos, assim como o par G-8 e G-21, já, o G-10, G-29, G-23, concordando com o método Tocher, o G-47 e G-48, condizente com o método UPGMA. Observa-se, na PCA, que os grupos G-16 e G-22 se apresentaram isolados, enquanto nos dois métodos associados e, da mesma forma os grupos G-4 e G-9 também isolados na PCA, porém associado (par) somente no UPGMA, localizados nos mesmos quadrantes. É importante ressaltar que a matriz de distância utilizada na PCA é Euclidiana como medida de dissimilaridade.

A concordância entre as técnicas na discriminação dos genótipos mais divergentes, fornecem subsídios para a realização de inferências mais seguras a respeito da distância entre os genótipos avaliados. Desta forma, é possível inferir que os genótipos G-10 e G-13 (8,37), o G-55 com os G-16 e G-22 (5,78), o G-10 com genótipo G-55 (5,44), o G-10 com G-57 (5,22), foram os mais divergentes, formados nos três métodos. Contudo, além de manterem elevada distância genética, o melhorista deve priorizar a escolha de genótipos que apresentem médias elevadas para os caracteres de interesse.

Assim, é importante realizar mais de um método de dissimilaridade, uma vez que é comum haver algumas discordâncias entre os métodos. De acordo com Ribeiro et al. (2012), os métodos de otimização Tocher e de hierarquização UPGMA são normalmente empregados em conjunto, para completar os resultados e auxiliar numa melhor distinção dos agrupamentos formados. O emprego de mais de um método de agrupamento, em razão das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos, permite que a classificação deles se complemente em função dos critérios que cada técnica utiliza, e impede que inferências errôneas sejam



adotadas na alocação de elementos, dentro de um determinado subgrupo de genótipos (Arriel et al., 2006).

Com relação a dispersão de distância de dissimilaridade e a geográfica, observa-se que os genótipos da UC do Rio Liberdade são razoavelmente mais dispersos que os da UC do Mogno, o que sugere maior diversidade na primeira área, o que indica que os genótipos mais próximos geograficamente não são necessariamente os mais semelhantes geneticamente.

## 4.2 CARACTERIZAÇÃO QUÍMICO-NUTRICIONAL DOS GENÓTIPOS

### 4.2.1 Variação fenotípica

Da mesma forma que nos caracteres físicos dos frutos, as análises químico-nutricionais foram realizadas por medidas de posição (mínimos, máximos e média) e medidas de dispersão (coeficiente de variação, desvio padrão, variância, assimetria e curtose). As variáveis numéricas possibilitam uma análise exploratória mais abrangente, como as análises descritivas, que permitem identificar a variação presente nos dados (Montgomery; Runger; Huebele, 2004).

A caracterização foi efetuada com 17 características em 56 genótipos, conforme tabela (Tabela 12). Nesse resultado foi possível observar variação entre valores mínimos e máximos para todas as características avaliadas, o que indica a existência de variabilidade na composição químico-nutricional das amêndoas de genótipos de cocão, além de oferecer informações relevantes em termos de teores médios nutricionais, o que nos permite comparar com outras amêndoas e sementes comestíveis de importância econômica.

O teor de lipídios variou entre 59,85 e 79,17%, com média de 69,96 %. Esse teor obtido neste trabalho é superior ao relatado na literatura para castanha-de-caju (43,0 e 47,7%) (Sizaret; Jardim, 1996; Melo et al., 1998; Taco, 2006; USDA, 2007), amendoim (49,66%), noz-moscada (36,31%), pistache (44,44%), noz-européia (56,96%) e avelã (60,75%) (USDA, 2007); sendo também superior aos relatados para castanha-do brasil (63,5-66,43%) (Taco, 2006; USDA, 2007), e amêndoa de babaçu (49,53%), de acordo com o estudo de Costa (2014) e, próximos aos citados para noz-pecã (71,97%) e macadâmia (75,50-75,77%) (Philippi, 2003). Esse resultado evidencia a existência de genótipos com alto potencial de gordura vegetal, principalmente quando comparado com outros vegetais similares.



No que se refere ao teor de cinzas, houve variação entre os genótipos entre 1,09 e 1,99%, e média de 1,55%. Esse valor médio é semelhante aos citados por USDA (2007) para macadâmia (1,14%), noz-pecã (1,49%) e para babaçu (1,42%), segundo Costa (2014). No entanto, inferior aos citados por Melo et al. (1998) para castanha-de-caju (2,50-2,52%), avelã (2,29%) e noz-moscada (2,34%). A variação observada sugere a presença de genótipos com teor de cinzas compatíveis com alimentos (nozes) que fazem parte da dieta humana.

**Tabela 12** - Valores de amplitude (A), mínimos (Mn), médios (Me), da mediana (Md), máximos (Mx), desvio padrão populacional ( $\sigma$ ), coeficiente de variação (CV, %), coeficiente de assimetria (As), coeficiente de curtose (Ct), testes de Kolmogorov-Smirnov (K-S) e Lilliefors (Li) referentes as características químico-nutricionais da amêndoa em 56 genótipos de coco amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

Características	Parâmetros Estatísticos									
	A	Mn	Mx	Me	Md	$\sigma$	CV, %	As	Ct	KS/Li
UM (%)	1,67	1,58	3,25	2,23	2,16	0,43	19,00	0,61	2,49	0,126 <sup>ns</sup>
PB (%)	3,90	7,73	11,63	9,77	9,62	0,83	8,49	0,11	2,82	0,082 <sup>ns</sup>
LP (%)	19,32	59,85	79,17	69,96	70,20	4,09	5,84	0,03	2,74	0,075 <sup>ns</sup>
CZ (%)	0,90	1,09	1,99	1,55	1,54	0,17	10,96	0,09	3,09	0,067 <sup>ns</sup>
CT (%)	1,90	8,07	25,97	16,49	16,38	3,99	24,19	0,02	2,72	0,060 <sup>ns</sup>
E (Kcal 100 g <sup>-1</sup> )	99,18	682,86	782,04	734,64	734,90	21,00	2,85	0,04	2,73	0,088 <sup>ns</sup>
FB (%)	15,90	13,19	29,09	19,69	18,68	4,59	23,31	0,51	2,02	0,116 <sup>ns</sup>
Ca (mg 100 g <sup>-1</sup> )	81,83	15,34	97,17	58,44	56,19	21,11	36,12	0,14	2,01	0,089 <sup>ns</sup>
Mg (mg 100 g <sup>-1</sup> )	221,90	118,76	340,66	177,23	157,57	46,80	26,40	1,82	6,25	0,236 <sup>**</sup>
P (mg 100 g <sup>-1</sup> )	202,15	144,46	346,61	253,98	255,94	41,03	16,15	-0,27	3,02	0,075 <sup>ns</sup>
K (mg 100 g <sup>-1</sup> )	253,00	653,41	906,41	744,30	749,95	62,12	8,34	0,49	5,52	0,191 <sup>*</sup>
Na (mg 100g <sup>-1</sup> )	12,63	25,11	37,74	29,20	28,74	1,84	6,30	2,88	12,75	0,393 <sup>**</sup>
S (mg 100 g <sup>-1</sup> )	183,65	85,67	189,32	128,59	123,50	23,06	17,93	0,87	3,28	0,012 <sup>ns</sup>
Cu (mg 100 g <sup>-1</sup> )	1,27	0,52	1,79	1,33	1,36	0,25	18,79	-0,66	3,84	0,215 <sup>*</sup>
Fe (mg 100 g <sup>-1</sup> )	15,96	0,94	16,90	7,07	6,90	5,16	72,98	0,28	1,59	0,215 <sup>**</sup>
Mn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	29,67	6,41	36,08	16,65	15,82	6,75	40,54	0,70	3,27	0,076 <sup>ns</sup>
Zn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	0,34	0,06	0,34	0,11	0,08	0,06	54,54	1,14	4,80	0,302 <sup>**</sup>

Testes KS e Li para distribuição normal: (\*) significativo em níveis de  $p \leq 0,05$ , (\*\*) significativo em níveis de  $p \leq 0,01$  e (ns) não significativo. Quando significativo indica que a hipótese para distribuição normal é rejeitada, <sup>2</sup>UM = Umidade; PB = Proteína Bruta; LP = Lipídios; CZ = Cinzas; CT = Carboidrato total; E = Energia; FB = Fibra bruta; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; P = Fósforo; K = Potássio; Na = Sódio; S = Enxofre; Cu = Cobre; Fe = Ferro; Mn = Manganês; Zn = Zinco.



Sobre o carboidrato total, este oscilou entre 8,07 e 25,97%, com média de 16,49%. Ao comparar a média com outras amêndoas e sementes comestíveis, esta foi superior as amêndoas de avelã (2,57%), baru (10,95%), amendoim (12,01%), castanha-do-brasil (6,27%), noz (15,23%) e, inferior as amêndoas de castanha-de-caju (32,08%), Pecã (21,08%) e pistache (25,42%) (Freitas e Naves, 2010). Também inferior ao da amêndoa de babaçu (42,37%), segundo estudo de Costa (2014).

A quantidade de energia (Kcal) variou de 682,86 a 782,04 kcal 100 g<sup>-1</sup>. Esses resultados estão acima daqueles obtidos por Freitas e Naves (2010) ao avaliar 11 tipos de amêndoas, sendo que nove abaixo desses valores. Ainda em comparação com outros tipos de amêndoas, pode-se considerar o cocão como excelente fonte de energia, pois sua média (734,64) é superior aos citados por USDA (2007), para noz-de-avelã (628 kcal 100 g<sup>-1</sup>), castanha-do-brasil (656 kcal 100 g<sup>-1</sup>), pistache (557 kcal 100 g<sup>-1</sup>), noz-moscada (525 kcal 100 g<sup>-1</sup>), castanha-de-caju (574 kcal 100 g<sup>-1</sup>), amendoim (567 kcal 100 g<sup>-1</sup>) e noz-uropéia (612 kcal 100 g<sup>-1</sup>); por Philippi (2003), para castanha de-caju (574 kcal 100 g<sup>-1</sup>), castanha-do-brasil (656 kcal 100 g<sup>-1</sup>), macadâmia (702 kcal 100 g<sup>-1</sup>) e noz-pecã (667 kcal 100 g<sup>-1</sup>), e por Crepaldi et al. (2001), para amêndoa-do-licuri (527,3 kcal 100 g<sup>-1</sup>). Além da amêndoa de babaçu (623,45%), segundo estudo de Costa (2014).

O teor de fibra bruta variou entre 13,19 e 29,09% e média 19,69%. Essa média foi superior aos citados por Freitas e Naves (2010), para amendoim (11,30%), avelã (12,88%), amêndoa de baru (13,90%), castanha-do-brasil (8,02%). Esses resultados indicaram o potencial dos genótipos como importante fonte de fibras.

Quanto aos resultados obtidos nas análises de minerais, as variações para os teores de cálcio e fósforo foram de 15,34 a 97,17 mg 100 g<sup>-1</sup> e de 144,46 a 346,61 mg 100 g<sup>-1</sup>, respectivamente. As médias de cálcio e fósforo foram de 58,44 e 253,98 mg 100 g<sup>-1</sup>, respectivamente.

Ao comparar o teor de fósforo com outras amêndoas, este foi inferior ao relatado por Franco (1992), para castanha-do-brasil (746 mg 100 g<sup>-1</sup>), pistache (424-530 mg 100 g<sup>-1</sup>), avelã (376-418 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Morgano et al., 2007), castanha-de-caju (490 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Paiva; Garrutti; Silva Neto, 2000). Dentro da faixa do teor noz-pecã (288-351 mg 100 g<sup>-1</sup>) e macadâmia (152-237 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Morgano et al., 2007).

Quando a média de cálcio foi comparada com as principais amêndoas disponíveis no mercado, observou-se teor inferior com relação a macadâmia (82,5 mg 100 g<sup>-1</sup>),



(Philippi, 2003; Morgano et al., 2007; USDA, 2007), castanha-de-caju (146-165 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Paiva et al., 2000; TACO, 2006), avelã (144-155 mg 100 g<sup>-1</sup>), pistache (103-115 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Morgano et al., 2007; USDA, 2007), castanha do-brasil (160-172 mg 100 g<sup>-1</sup>), e dentro da faixa para noz da nogueira (53-73 mg 100 g<sup>-1</sup>), noz-pecã (70-87 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Franco, 1992; USDA, 2007).

Observa-se, também, ampla variação nos teores de potássio e magnésio. As variações para os teores de potássio e magnésio foram de 653,41 a 906,41 mg 100 g<sup>-1</sup>, 118,76 a 340,66 mg 100 g<sup>-1</sup>, respectivamente e médias de 744,30 100 g<sup>-1</sup> e 177,23 mg 100 g<sup>-1</sup> dos referidos minerais. Os resultados obtidos neste estudo indicam que a amêndoa de cocão possui elevado teor de potássio, sendo superior ao do teor de castanha-do-brasil (512,70 mg 100 g<sup>-1</sup>) obtido no estudo de Silva; Scheri e Souza (2010), ao de noz-pecã (410-432 mg 100 g<sup>-1</sup>), a macadâmia (228-422 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Franco, 1992; USDA, 2007). Da mesma forma, o teor de magnésio foi superior ao valor de noz-pecã (121-125 mg 100 g<sup>-1</sup>) (Franco, 1992; USDA, 2007) e macadâmia (76-130 mg 100 g<sup>-1</sup>).

Da mesma forma que para os demais minerais, houve variação para os teores de cobre e manganês. O teor de cobre variou de 0,52 a 1,79 mg 100 g<sup>-1</sup>, com média de 1,33 mg 100 g<sup>-1</sup>, enquanto o de manganês variou de 6,41 a 36,08 mg 100 g<sup>-1</sup>, com média de 16,65 mg 100 g<sup>-1</sup>. O teor médio de cobre (1,33) foi semelhante aos obtidos por Morgano et al. (2007), com médias de 1,59, 1,52 e 1,04 mg 100 g<sup>-1</sup> para as amêndoas de avelã, noz-pecã e pistache, respectivamente, e inferior as amêndoas de sapucaia (2,9-3,3 mg 100 g<sup>-1</sup>), obtidas no estudo de Vallilo et al. (1998). Ainda conforme o mesmo autor, os valores obtidos para o manganês na mesma espécie (sapucaia) apresentaram uma amplitude menor, que variou entre 4,0 e 11,6 mg 100 g<sup>-1</sup>. No que se refere ao mineral zinco, este variou de 0,06 a 0,34 mg 100 g<sup>-1</sup>. Esses valores foram inferiores aos obtidos por Vallilo et al. (1998).

Quanto aos teores de sódio e enxofre, apresentaram ampla variação, estes teores oscilaram entre 25,11 e 37,74 mg 100 g<sup>-1</sup>, 85,67 e 189,32 mg 100 g<sup>-1</sup>, respectivamente. O sódio que apresentou média de 29,20% foi superior aos teores de amendoim (25,88), avelã (2,87) e amêndoa de baru (3,30) em mg 100 g<sup>-1</sup>, segundo resultados obtidos por Freitas e Naves (2010).

O ferro variou entre 0,94 e 16,90, com média de 7,07%. Em comparação com o teor médio com outras amêndoas, este foi superior aos de avelã (4,59), amêndoa



de baru (4,85) e amendoim (2,48) em mg 100 g<sup>-1</sup>, conforme estudo dos mesmos autores citados acima.

Os resultados obtidos nos teores de macro e micronutrientes das amêndoas reforçam o potencial nutricional do cocão, cujos valores se mostraram comparáveis aos de outras amêndoas e sementes comestíveis, amplamente consumidas, provenientes de espécies exploradas economicamente. Dessa forma, a amêndoa do cocão pode representar uma nova alternativa de inclusão na dieta alimentar da população e ganhar importância econômica, fundamentada por seus benefícios nutricionais.

Ainda sobre a Tabela 12, ao comparar a média e mediana das variáveis observa-se que possuem valores próximos, o que indica a existência de normalidade para a maioria dados, comprovados pelos testes de Kolmogorov-Smirnov e Lilliefors ( $p < 1\%$  e  $5\%$ ), com exceção do teor de magnésio, potássio, cobre, ferro e zinco, que testaram significância para anormalidade.

Quanto a curtose as variáveis apresentaram, na sua maioria (52%), distribuição do tipo leptocúrtica e 48% do tipo platicúrtica, conforme classificação de Ibarra (2017).

No que se refere a assimetria, ocorreram distribuições assimétricas positivas (enviesadas à esquerda =  $As > 0$ ) para todas as características, com exceção do fósforo e cobre, que foram negativas (enviesadas à direita =  $As < 0$ ), porém a maioria dos valores obtidos foram próximo de zero, sendo indicativo de baixo grau de assimetria e ausência de distorção extrema. Os valores mais elevados foram para magnésio, sódio, cobre e manganês, concordando com o teste de normalidade para as referidas variáveis.

Em relação aos dados obtidos do coeficiente de variação (CV), que expressa a variabilidade relativa, os valores observados foram classificados como baixos, médios, altos e muito altos. Os valores do CV nesse trabalho variaram de 2,85% a 72,89%. De acordo com os resultados e a classificação de Pimentel-Gomes e Garcia (2002), os valores de teor proteína bruta, lipídios, energia, potássio e sódio são considerados de baixos CV ( $< 10\%$ ), os teores de umidade, cinzas, fósforo, enxofre e cobre, são considerados como médios CV ( $10\% \geq e < 20\%$ ), o carboidrato total, fibra bruta e magnésio, são considerados altos ( $\geq 20\%$  e  $< 30\%$ ) e os demais, ferro, cálcio, manganês e zinco, são considerados muito altos, por serem enquadrados acima de 30%. Segundo Oliveira et al. (2006), valores elevados de coeficiente de variação podem



fornecer indícios de presença de variabilidade genética dentro da espécie e auxiliam na escolha de descritores com possibilidade de expressar a variabilidade dentro da espécie.

#### 4.2.2 Distribuição de frequência relativa dos caracteres químico-nutricionais

Na Figura 9 pode ser observada a distribuição de frequência das características químico-nutricionais das amêndoas. A umidade (Figura 9A) se distribui pela amplitude de 1,67% onde os valores máximo e mínimo foram 1,58 e 3,25 %, correspondendo os genótipos G-18 e G-7, respectivamente. Observa-se que a distribuição está mais concentrada nas classes abaixo da média (2,24%), representando aproximadamente 62% dos genótipos amostrados, com intervalos que varia de 1,58 a 2,30 %. Observa-se que teores acima da média são menos frequentes, reduzindo para 5% na última escala entre 3,02 e 3,25%, conferindo assimetria positiva (0,61), conforme Tabela 12.

Quanto ao teor proteína, apresentou amplitude de variação de 3,39 % com valores de mínimo de 7,73 e máximo de 11,63, correspondendo aos genótipos G-45 e G-39, respectivamente. A frequência mais elevada (23%) ocorre no intervalo que corresponde a 9,45 a 9,88% (Figura 9B), sendo o restante distribuído nas demais escalas. Já o teor de lipídios teve amplitude de 19,32%, com mínimo de 59,85 % (G-31) e máximo de 79,17 % (G-15). A maiores frequências dos valores estão em três intervalos que variam entre 66,29 e 73,73%, o que representa 61% dos dados observados (Figura 9C).

O teor de cinzas apresentou amplitude de 0,9%, com os valores mínimo e máximo de 1,09 % para o genótipo G-20 e 1,99 % para o genótipo G-34, respectivamente. Observa-se distribuição concentrada em três classes principais, representando 62% dos genótipos amostrados (20+21+21%), com intervalos, que junto variam de 1,39 a 1,69 % (Figura 9D).

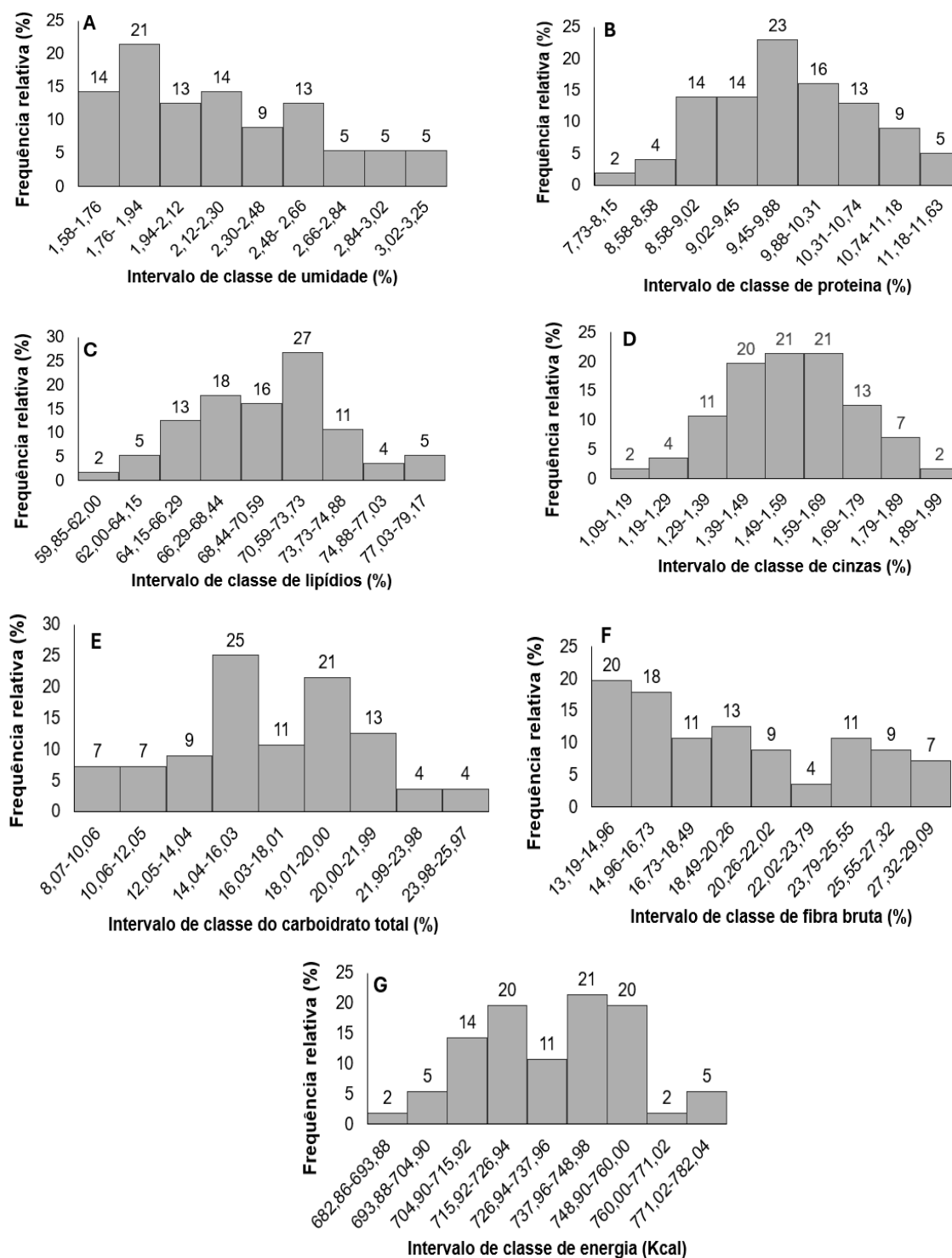
Quanto ao carboidrato total, a amplitude foi de 17,90% e o valor mínimo de 8,07% representado pelo genótipo G-15 e o valor máximo de 25,97% pelo genótipo G-54. As maiores frequências foram observadas nos intervalos de 14,04-16,03% e 18,01-20,00%, representadas por 25 e 21 %, respectivamente, do total de genótipos (Figura 9E).

O caráter fibra bruta teve amplitude de variação de 15,90%, com valores de mínimo e máximo de 13,19 mm do genótipo G-19 e 29,09% do genótipo G-30. Observa-se distribuição em várias escalas, sendo as maiores nas duas primeiras



classes, com total de 38% dos genótipos amostrados (20+18%), com intervalos, que junto variam de 13,19 a 16,73 % (Figura 9F).

**Figura 9** - Distribuição de frequência relativa (%) de umidade (A), proteína (B), lipídios (C), cinzas (D), carboidrato total (E), fibra bruta (F), energia (G), referente as características químico-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.





No que se refere ao teor de energia, este se distribui pela amplitude de 99,18 Kcal 100 g<sup>-1</sup>, onde os valores mínimo e máximo foram 682,86 e 782,04 Kcal 100 g<sup>-1</sup> correspondendo aos mesmos genótipos dos teores de lipídios (G-13 e G-10), respectivamente. Observa-se distribuição concentrada em três classes principais, representando 61% dos genótipos amostrados, com intervalos de 715,92-726,94, 737,96-748,98 e 748,90-760,00 Kcal 100 g<sup>-1</sup>, respectivamente (Figura 9G).

Para o caráter cálcio verificou-se variação de 81,83 mg 100 g<sup>-1</sup>, (Figura 10A), ocupando a mínima e a máxima amplitude os valores de 15,34 mg 100 g<sup>-1</sup>, para o genótipo G-20 e 97,17 mg 100 g<sup>-1</sup>, representada pelo genótipo G-55, respectivamente, ambas localizadas nas duas UC. A maior quantidade de genótipos ficou distribuído em quadro classes, situada em duas que variou entre 33,53 e 51,71%, com 32% total e outras duas entre 60,80 e 78,99%, também representado por 30% do total.

Quanto ao teor de magnésio a amplitude de variação foi de 221,89 mg 100 g<sup>-1</sup>, estando entre 118,76 e 340,66 mg 100 g<sup>-1</sup>, representados pelos genótipos G-20 e G-6 respectivamente. A maior quantidade de genótipos (54%) ficou distribuída em uma única classe com valores de 143, 42 e 168,07 mg 100 g<sup>-1</sup>, (Figura 10B). Esse comportamento está de acordo com o grau de assimetria numérica (6,25), conforme Tabela 12, em que o pico de distribuição está do lado esquerdo, ou seja, abaixo da média.

O potássio apresentou variação de 252,68 mg 100 g<sup>-1</sup>, ocupando a mínima e a máxima amplitude os valores de 653,41 para o genótipo G-3 e 906,09 mg 100 g<sup>-1</sup>, representada pelo genótipo G-34, respectivamente, ambas localizadas na UC Mogno. A maior frequência ficou entre 681,49 e 709,56 mg 100 g<sup>-1</sup>, com 30% do total (Figura 10C). Essa frequência é refletida pelo grau de assimetria (1,52), conforme Tabela 12.

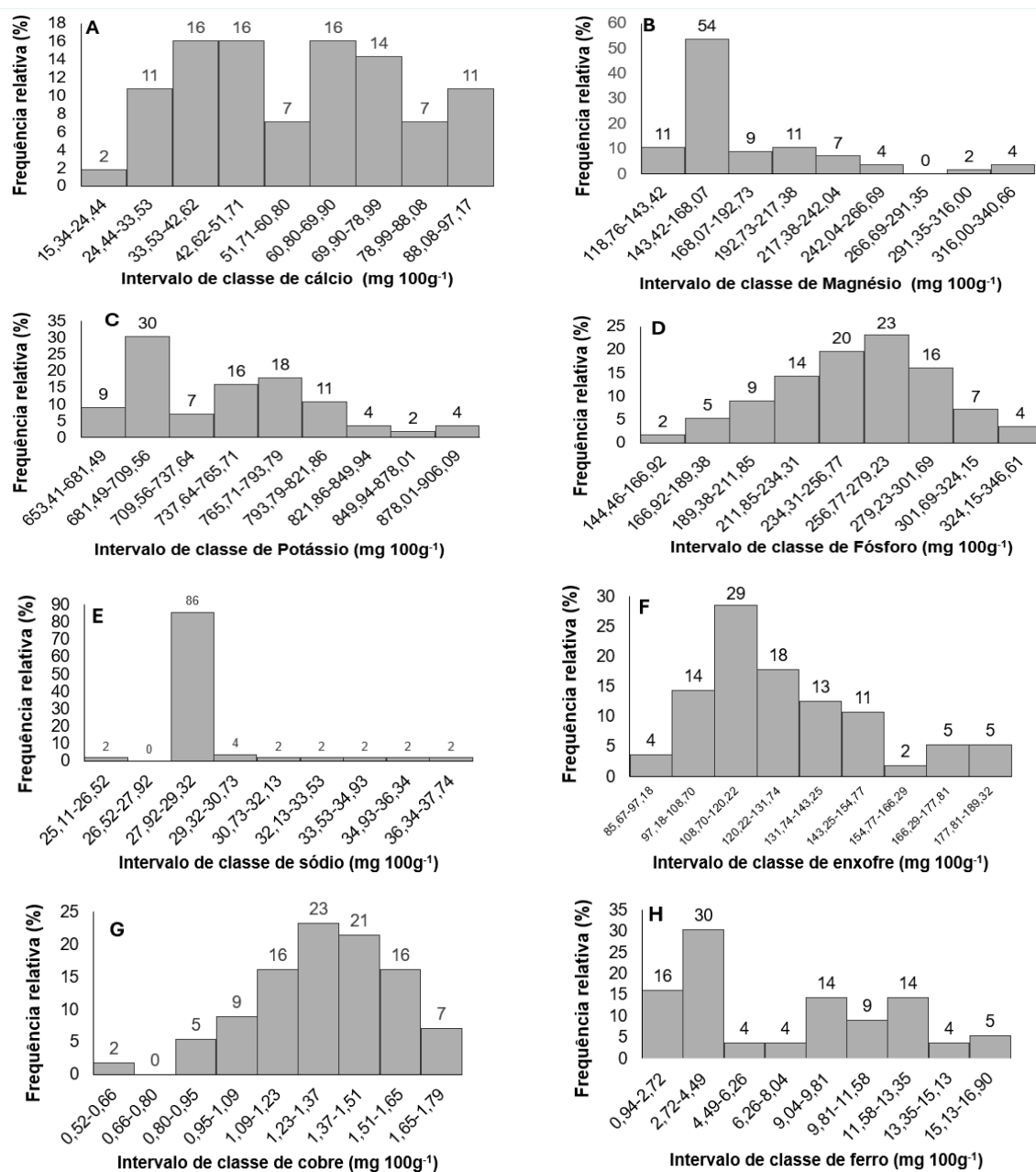
Quanto ao caráter fósforo teve uma amplitude de 202,15 mg 100 g<sup>-1</sup>. O valor mínimo (144,46) representado pelo genótipo G-20 e G-25 para o máximo (346,61) (Figura 10D). A maior parte dos genótipos teve a frequência (20 e 23%) concentrada em torno de 234,31 e 279,23 mg 100 g<sup>-1</sup>, com total 43% dos dados, com leve pico de distribuição para o lado esquerdo, conforme assimetria negativa, apresentada na Tabela 12 (-0,27).

Quanto ao sódio, a maior concentração (86%) se encontrou na escala do intervalo de classe entre 27,92 e 29,32 mg 100 g mg 100 g<sup>-1</sup>, com pico de distribuição para o lado esquerdo, com maior valor de assimetria (12,75) dos caracteres analisados. O maior valor (37,74) foi representado pelo genótipo G-27 e o menor



(25,11) pelo G-13, sendo por tanto, com amplitude de 12,63 mg 100 g<sup>-1</sup> (Figura 10E). Ambos da UC Mogno.

**Figura 10** - Distribuição de frequência relativa (%) de cálcio (A), magnésio (B), potássio (C), fósforo (D), sódio (E), enxofre (F), cobre (G) e ferro (H) referente as características químico-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.



O caráter enxofre, teve amplitude de 103,66 mg 100 g<sup>-1</sup>, com valor mínimo (85,67) representado pelo genótipo G-48 e maior valor (189,32) pelo G-14. A maior parte dos genótipos teve a frequência concentrada em torno de 108,70 a 131,74 mg

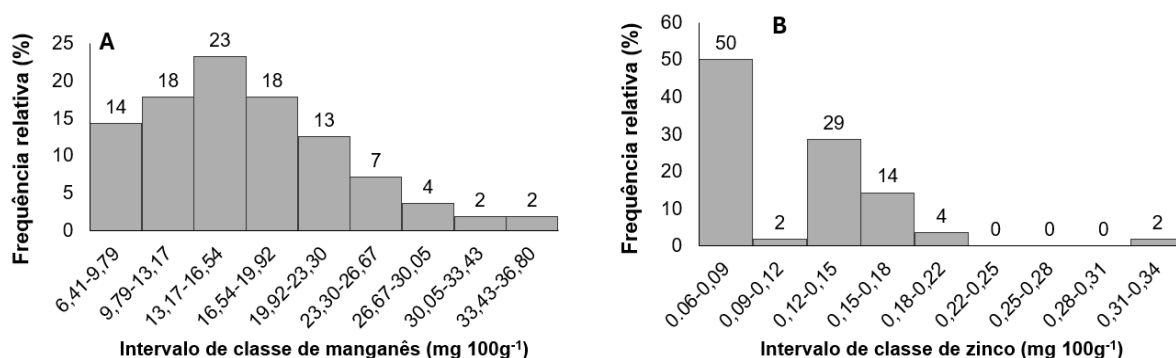


100 g<sup>-1</sup> (Figura 9F). Enquanto o cobre, com valor mínimo de 0,52 mg 100 g<sup>-1</sup>, representado pelo genótipo G-44 e o máximo (1,79) pelo genótipo G-10. A maior parte dos genótipos teve frequência entre 1,23 e 1,51 mg 100 g<sup>-1</sup> (Figura 10G).

Observa-se que o ferro, apresentou amplitude de 15,96 mg 100 g<sup>-1</sup>, com valor mínimo de 0,94 e a máxima com 16,90 representados pelos genótipos G-8 e G-33, respectivamente. A maior frequência foi no intervalo de classe entre 2,72 e 4,49 mg 100 g<sup>-1</sup>, com 30% dos genótipos (Figura 10H).

Quanto a distribuição de frequência para o caráter manganês e zinco, estes estão na Figura 11. A amplitude foi de 30,39 mg 100 g<sup>-1</sup> com valor mínimo de 6,41 mg 100 g<sup>-1</sup> (genótipo G-2) e máxima de 36,80 (G-52) (Figura 11A). Observa-se que para o caráter manganês a maior quantidade de genótipos ficou em intervalos em torno de 9,79 e 19,92 mg 100 g<sup>-1</sup> representando 75% do total. Já o zinco, com amplitude de 0,28 mg 100 g<sup>-1</sup>, com valor mínimo de 0,06 (G-27) e máximo de 0,34 (G-23), apresentou a maior frequência (50%) na menor escala, no intervalo de 0,06 e 0,09 mg 100 g<sup>-1</sup> (Figura 11B).

**Figura 11** - Distribuição de frequência relativa (%) de manganês (A) e zinco (B), referente as características químico-nutricionais das amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.



#### 4.2.3 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

Os valores estimados para variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias genotípicas ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ) estão apresentados na Tabela 13.



É possível observar que entre os componentes de variância, a influência genotípica é mais pronunciada do que a ambiental para as concentrações dos elementos químico-nutricionais, com exceção das características de cobre, zinco e manganês, revelando valores de variâncias genotípicas maiores que as ambientais no estudo dessas características. Isso sugere interpretar que os genótipos avaliados demonstram que grande proporção da variância total das características avaliadas está associada a fatores genéticos.

**Tabela 13** - Estimativas das variâncias fenotípicas ( $\sigma_f^2$ ), variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ), variâncias genotípicas ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_a^2$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ) e razões entre os coeficientes de variação genético e ambiental ( $CV_g/CV_e$ ), estimados para características químico-nutricionais de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

VARIÁVEIS	PARÂMETROS GENÉTICOS					
	$\sigma_f^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_g^2$	$h_a^2(\%)$	$CV_g(\%)$	$CV_g/CV_e$
UM (%)	0,18	0,07	0,11	60,06	14,85	0,71
PB (%)	0,69	0,16	0,53	76,74	7,45	1,05
LP (%)	16,77	1,08	15,69	93,58	5,66	2,20
CZ (%)	0,03	0,01	0,02	81,66	9,95	1,22
CT (%)	15,96	1,29	14,67	91,91	23,23	1,95
E (Kcal 100 g <sup>-1</sup> )	440,83	27,65	413,18	93,73	2,77	2,23
FB (%)	35,65	0,91	34,75	97,46	30,65	3,58
Ca (mg 100 g <sup>-1</sup> )	461,36	76,30	385,06	83,46	33,75	1,30
Mg (mg 100 g <sup>-1</sup> )	2274,20	1547,34	726,87	31,96	15,30	0,40
P (mg 100 g <sup>-1</sup> )	1822,76	859,73	963,02	52,83	12,29	0,61
K (mg 100 g <sup>-1</sup> )	5320,73	1762,84	3557,89	66,87	8,06	0,82
Na (mg 100 g <sup>-1</sup> )	2,87	5,28	-	-	-	-
S (mg 100 g <sup>-1</sup> )	573,62	127,81	445,81	77,72	16,52	1,08
Cu (mg 100 g <sup>-1</sup> )	0,29	0,20	0,09	30,48	23,50	0,38
Fe (mg 100 g <sup>-1</sup> )	26,26	2,71	23,55	89,69	69,86	1,70
Mn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	45,26	3,23	42,03	92,86	39,37	2,08
Zn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	0,17	0,16	0,01	5,15	164,92	0,13

<sup>2</sup>UM = Umidade; PB = Proteína Bruta; LP = Lipídios; CZ = Cinzas; CT = Carboidrato total; E = energia; FB = Fibra bruta; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; P = Fósforo; K = Potássio; Na = Sódio; S = Enxofre; Cu = Cobre; Fe = Ferro; Mn = Manganês; Zn = Zinco.

As estimativas de herdabilidade ( $h_a^2$ ) foram consideradas elevadas para a maioria das características analisadas (Tabela 13). Neste estudo as taxas de herdabilidade



variaram de 5,15 a 97,46 para os teores de zinco e fibra bruta, respectivamente. Valores de herdabilidades para zinco, cobre, manganês apresentaram os valores mais baixos conforme esperado, dada a influência ambiental, estimada. Para os elementos lipídios, cinzas, carboidratos total, valor calórico, fibra bruta, cálcio, ferro e manganês foram os mais elevados (acima de 80%). De modo geral, assim como as características dos frutos e amêndoas, a maioria dos valores foi elevada.

As estimativas elevadas de herdabilidade encontradas neste estudo indicam que grande parcela da variabilidade observada pode ser atribuída à variação genotípica, indicando que os genótipos de coco podem ser fonte promissores para a seleção e obtenção de genótipos superiores, com potencial para ganhos genéticos em praticamente todas as características avaliadas.

Quanto ao coeficiente de variação genética (CVg), com exceção do valor calórico (4,62%) e de lipídios (5,66%), observa-se valores acima de 7% para todas as características analisadas, variando de 7,45 para o teor de proteína bruta a 164,92 para Zn. O Zn possui alta influência ambiental e baixa herdabilidade. O CVg, quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, os valores observados foram considerados elevados, sendo a maioria acima de 7%. Coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos (Sebbenn et al., 1998).

Quanto ao CVg/CVe, segundo Resende e Alves (2020), esse parâmetro é uma medida capaz de inferir sobre a precisão e exatidão na avaliação genotípica. Para Falconer e Mackay (1996), valores superiores a 1 demonstram que a variabilidade genética (CVg) é maior do que a variabilidade ambiental (CVe), o que é favorável para seleção. Neste estudo, a maioria das características (59%) apresentou valores superiores a 1, enquanto 6 características, de um total de 17, tiveram valores inferiores a 1.

Dessa forma, para essas características, em que houve maior contribuição dos fatores ambientais exige maior rigor na seleção. As demais, a maioria, indica potencial para seleção com maior contribuição genética na manifestação fenotípica.

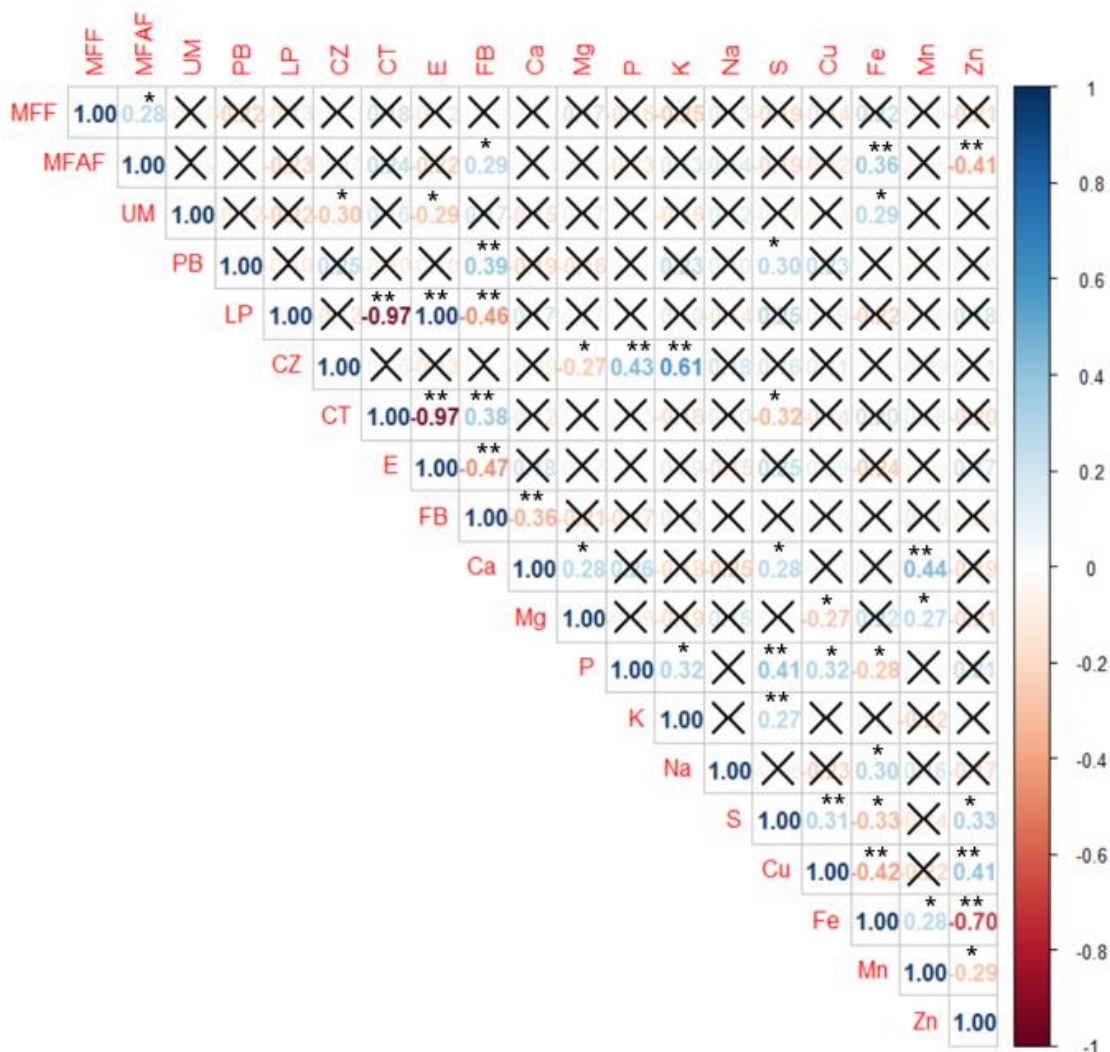
#### 4.2.4 Relação entre caracteres (correlação simples)

As estimativas de correlação de Pearson entre as características produtivas de frutos, amêndoas, macro e micronutrientes estão representadas na Figura 12.

Para diferenciação das grandezas das correlações, a magnitude dos coeficientes foi interpretada segundo Cohen (1988).



**Figura 12** - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre variáveis produtivas de frutos e químico-nutricionais de amêndoas de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.



\*\* e \*: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t de correlação, respectivamente. X sobre os indicam não correlação significativa entre as variáveis. MFF = Massa fresca de fruto; MFAF = Massa fresca de amêndoa por fruto; UM = Umidade; PB = Proteína Bruta; LP = Lipídios; CZ = Cinzas; CT = Carboidratos totais; E = Energia; FB = Fibra bruta; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; P = Fósforo; K = Potássio; Na = Sódio; S = Enxofre; Cu = Cobre; Fe = Ferro; Mn = Manganês; Zn = Zinco.

Esse resultado oferece informações relevantes a respeito da presença ou ausência de associação entre elementos minerais nas amêndoas e desses para com os de produção.

Das correlações fortes significativas a 1%, observa-se correlação negativa entre lipídios e carboidratos totais ( $r_{xy} = -0,97$ ). Essa relação reflete um antagonismo indicando que frutos com maior teor de lipídios têm menor concentração de carboidratos, e vice-versa.



De forma semelhante, a associação entre carboidratos totais e energia ( $r_{xy} = -0,97$ ), inversamente proporcional, o que sugere que frutos com maior teor de lipídios (que têm alta densidade calórica) tendem a ter menor teor de carboidratos, e vice-versa. Enquanto a correlação entre lipídios e energia é positiva ( $r_{xy} = 1,00$ ), pois a cada grama de lipídio fornece nove calorias (energia) (Pacheco, 2011). Dessa forma, isso indica que genótipos ricos em lipídios têm um conteúdo calórico elevado, tornando as duas medidas quase equivalentes em alimentos onde predominam os lipídios.

Cinzas e potássio se correlacionaram de forma positiva ( $r_{xy} = 0,61$ ), assim como cinzas e fósforo ( $r_{xy} = 0,43$ ), o que sugere uma predominante desses elementos nas amêndoas, o que é comum em alimentos como vegetais e por isso essa manifestação positiva. De acordo com Franco (2002), os teores de potássio e fósforo estão presentes na maioria dos alimentos, inclusive em castanhas de caju e do Brasil.

Ferro e zinco estão correlacionados de forma negativa ( $r_{xy} = -0,70$ ). Essa correlação pode estar relacionada com a absorção e interação desses elementos no solo, pois segundo Manarin (2005), a alta concentração de ferro no solo causa diminuição na disponibilidade de zinco.

Cálcio e manganês estão correlacionados de forma positiva ( $r_{xy} = 0,44$ ). No entanto, de acordo (Prietz et al., 2021), a absorção do cálcio pelas plantas geralmente tende a reduzir os teores de manganês.

A massa fresca de fruto não se correlacionou em nenhuma das características químicas nutricionais, indicando independência entre si. Enquanto a massa fresca de amêndoa por fruto apresentou correlação positiva com a fibra bruta ( $r_{xy} = 0,29$ ) e ferro ( $r_{xy} = 0,36$ ), e correlação negativa com zinco ( $r_{xy} = -0,41$ ). Esses resultados indicam que a seleção por massa fresca de amêndoas por fruto resulta em aumento de proteína bruta e ferro e, na redução dos teores de zinco.

Quanto a outras correlações moderadas, é possível observar algumas positivas e negativas. Observa-se correlação entre lipídios e fibra bruta inversamente proporcional ( $r_{xy} = -0,46$ ). Assim, quanto maior teor de lipídios menor a quantidade de fibras nas amêndoas. Comportamento diferente entre proteína bruta e fibra bruta, pois estão correlacionadas de forma positiva ( $r_{xy} = 0,389$ ), uma vez que as fibras são um tipo de carboidratos.

Outras correlações também foram observadas de forma significativa, mas que apresentaram baixas magnitudes, sendo positivas e negativas, destacando-se



umidade e cinzas ( $r_{xy} = -0,30$ ), umidade e energia ( $r_{xy} = -0,29$ ), massa fresca de amêndoas por fruto e fibra bruta ( $r_{xy} = 0,29$ ).

Os elementos cálcio e magnésio demonstraram correlação baixa e apresentaram-se positivamente entre si, assim como o enxofre, com o mesmo coeficiente ( $r_{xy} = 0,28$ ). Esse comportamento pode estar relacionado com o tipo do solo, pois estes tendem a estar disponíveis em solos ricos em matéria orgânica e a planta pode absorvê-los em proporções semelhantes.

#### 4.2.5 Estimativas de divergência em variáveis químico-nutricionais

##### *Por análise de Agrupamento – Tocher*

A análise de agrupamento dos 56 genótipos realizada pelo método de Tocher fundamentado na dissimilaridade, possibilitou a formação de 14 grupos distintos (Tabela 15), confirmando a variabilidade da espécie estudada. O Grupo I reuniu o maior número, com total de 20 genótipos (35,7%), demonstrando que eles são poucos variáveis entre si. Os genótipos reunidos no grupo I são todos da UC Mogno, com exceção do genótipo G-37 (Tabela 14).

O Grupo II e III foram formados 13 e seis indivíduos, respectivamente, sendo a maioria pertencentes a UC do Liberdade. O Grupo IV, V e VI foram formados por quatro, três e dois grupos, respectivamente, pertencentes as duas UC.

Já os grupos VII ao XIV reuniram apenas um acesso cada, formado pelos genótipos G-20, G-3, G-44, G-6, G-34, G-17, G-14 e G-27, respectivamente, sugerindo que esses genótipos são divergentes, o que fez com que esses não se agrupassem a nenhum outro.

Como mencionado anteriormente por Cruz e Carneiro (2003) e Vasconcelos et al. (2007), é comum, no método de Tocher, concentrar um maior número de acessos nos primeiros grupos, enquanto os grupos finais tendem a reunir acessos isolados. Segundo Silva et al. (2016), essa característica do método é interessante, pois permite identificar indivíduos geneticamente dissimilares e não somente grupos.

Esses resultados evidenciam a existência da grande variabilidade genética presente na espécie cocoão. Representa uma base importante para programas de melhoramento, conservação e manejo sustentável da espécie.



**Tabela 14** - Agrupamento de 56 genótipos de cocão de ocorrência natural no município de Tarauacá, Acre, com base em características químico-nutricionais de amêndoa, pelo método de Tocher, utilizando o quadrado da distância Euclidiana como medida de dissimilaridade.

Grupos	Genótipos	%
I	G-19; G-24; G-21; G-25; G-26; G-22; G-23; G-16; G-11; G-8; G-18; G-12; G-15; G-5; G-37; G-9; G-4; G-1; G-10; G-7	35,7
II	G-50; G-51; G-53; G-48; G-47; G-45; 46; G-55; G-42; G-38; G-39; G-43; G-49	23,3
III	G-29; G-30; G-32; G-33; G-28; G-31	10,7
IV	G-35; G-36; G-40; G-41	7,1
V	G-52; G-54; G-56	5,3
VI	G-2; G-13	3,6
VII	G-20	1,8
VIII	G-3	1,8
IX	G-44	1,8
X	G-6	1,8
XI	G-34	1,8
XII	G-17	1,8
XIII	G-14	1,8
XIV	G-27	1,8

As maiores e menores distâncias entre os grupos estão apresentadas na Tabela 15. Verificam-se que os maiores valores de distâncias estão entre os grupos V e XIII (4,02), X e XIII (3,97), IX e XIII (3,95), considerados os mais dissimilares e as menores dissimilaridades genéticas estão entre os grupos II e XIV (1,35), IV e XI (1,35), e II e VII (1,44).



**Tabela 15** - Distâncias médias intra (diagonal principal) e intergrupos (abaixo da diagonal principal) estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 56 genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*), com base em características químico-nutricionais de amêndoas.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI	XII	XIII
II	1,76												
III	2,19	1,89											
IV	2,96	1,72	1,51										
V	2,04	1,50	2,01	1,81									
VI	1,49	2,25	1,85	2,11	2,63								
VII	2,24	2,45	3,24	3,48	3,99	1,69							
VIII	1,41	<b>1,44</b>	2,05	2,24	2,01	1,73	1,44						
IX	2,33	2,02	1,40	1,65	2,27	1,81	2,97	2,91					
X	2,18	2,31	2,27	2,13	2,32	2,05	3,27	1,84	2,67				
XI	1,78	2,5	1,58	<b>1,35</b>	2,55	2,12	3,77	3,09	1,36	2,71			
XII	1,61	1,63	3,34	2,45	2,59	2,33	2,29	1,75	3,12	1,78	3,16		
XIII	1,61	2,70	3,47	2,75	<b>4,02</b>	2,51	3,32	2,51	<b>3,95</b>	<b>3,97</b>	2,16	1,99	
XIV	1,96	<b>1,45</b>	1,55	1,52	1,97	2,54	2,38	1,58	1,80	2,09	1,74	2,09	2,89

O número de genótipos por grupo, pelo método de Tocher, e suas respectivas médias para as características avaliadas estão apresentadas na Tabela 16.

Ao confrontar os grupos considerados divergentes (XIII e V), observa-se que o grupo XIII apresentou médias superiores quanto aos teores de proteína (11,62%) e fósforo (325,71 mg 100g<sup>-1</sup>), segundo maior valor em lipídios (75,56%) e cinzas (1,76 %), enquanto o grupo V com médias maiores em carboidratos totais (22,99 %) e cálcio (185,89 mg 100g<sup>-1</sup>). O grupo X apresentou as maiores médias para fibra bruta (26,07 %), magnésio (340,66 mg 100g<sup>-1</sup>) e zinco (0,18 mg 100g<sup>-1</sup>), enquanto o grupo XI as maiores médias para cinzas (1,99 %) e potássio (906,00 mg 100g<sup>-1</sup>).

Dessa forma, os genótipos mais promissores em conteúdos químico nutricionais foram os G-52, G-54, G-56, formados pelo grupo V, o G-44 do grupo IX, o G-6 formado pelo grupo X e, G-14 formado pelo grupo XIII.

Com isso, o método oferece informações fundamentais para tomada de decisão do melhorista, pois, além das informações de distâncias geradas, também fornece dados de combinações baseadas nas médias obtidas.



**Tabela 16** - Número de genótipos (N) e médias das variáveis para os grupos de genótipos de cocão (*Attalea tessmannii*) obtidos pelo método de Otimização de Tocher.

Características	Grupos						
	I	II	III	IV	V	VI	VII
N	20	13	6	4	3	2	1
UM (%)	2,13	2,32	2,66	1,99	2,20	2,17	1,93
PB (%)	9,77	9,29	10,15	10,73	8,90	10,05	9,60
LP (%)	70,48	72,17	66,32	67,80	64,29	68,64	77,85
CZ (%)	1,61	1,45	1,63	1,64	1,51	1,41	1,09
CT (%)	16,02	14,77	19,23	17,84	22,99	17,73	9,53
E (Kcal 100 g <sup>-1</sup> )	737,46	745,80	714,41	724,53	706,23	728,89	777,14
FB (%)	18,99	16,32	24,75	25,46	15,31	26,58	18,96
Ca (mg 100 g <sup>-1</sup> )	56,77	74,17	37,66	60,23	85,89	47,80	15,34
Mg (mg 100 g <sup>-1</sup> )	154,58	211,76	154,77	200,98	176,34	137,41	118,76
P (mg 100 g <sup>-1</sup> )	277,91	242,85	225,10	260,07	276,18	185,95	144,46
K (mg 100 g <sup>-1</sup> )	753,86	736,27	745,66	775,95	691,10	720,05	686,51
Na (mg 100 g <sup>-1</sup> )	28,64	28,87	30,53	28,84	28,81	26,83	28,62
S (mg 100 g <sup>-1</sup> )	138,50	120,16	117,34	129,58	108,78	125,89	104,26
Cu (mg 100 g <sup>-1</sup> )	1,48	1,22	1,32	1,17	1,39	1,47	1,35
Fe (mg 100 g <sup>-1</sup> )	2,53	11,12	14,27	10,81	9,47	1,60	1,50
Mn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	14,48	17,66	13,76	28,28	26,09	6,48	11,67
Zn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	0,17	0,06	0,07	0,06	0,06	0,14	0,14

Características	Grupos						
	VIII	IX	X	XI	XII	XIII	XIV
N	1	1	1	1	1	1	1
UM (%)	3,11	1,68	2,56	1,90	1,71	2,15	2,02
PB (%)	9,71	9,58	9,20	10,50	9,65	11,62	10,70
LP (%)	73,09	65,79	66,66	66,28	73,99	75,56	71,15
CZ (%)	1,28	1,70	1,36	1,99	1,54	1,76	1,58
CT (%)	12,81	21,25	20,22	19,34	13,12	8,91	14,56
E (Kcal 100 g <sup>-1</sup> )	747,90	715,41	717,58	715,89	756,95	762,15	741,35
FB (%)	17,34	22,95	26,07	23,90	14,73	19,78	17,52
Ca (mg 100 g <sup>-1</sup> )	44,88	39,74	47,68	31,95	62,46	71,45	39,13
Mg (mg 100 g <sup>-1</sup> )	150,46	146,21	340,66	140,66	329,82	151,35	166,10
P (mg 100 g <sup>-1</sup> )	247,65	184,28	248,39	272,91	239,85	325,71	252,83
K (mg 100 g <sup>-1</sup> )	653,41	794,12	683,87	906,00	684,65	849,12	683,83
Na (mg 100 g <sup>-1</sup> )	28,60	28,98	34,57	32,96	28,54	28,60	37,74
S (mg 100 g <sup>-1</sup> )	133,30	102,57	119,88	128,97	165,64	189,32	124,72
Cu (mg 100 g <sup>-1</sup> )	1,20	0,52	1,16	1,33	1,28	1,62	1,07
Fe (mg 100g <sup>-1</sup> )	4,71	11,19	2,10	6,08	1,57	1,30	11,97
Mn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	22,50	8,07	19,70	18,42	15,57	8,09	22,56
Zn (mg 100 g <sup>-1</sup> )	0,18	0,06	0,18	0,06	0,14	0,14	0,06



### *Por análise de Agrupamento – UPGMA*

Quando a aplicação do método UPGMA, com base na análise de 56 genótipos, resultou em cinco grupos (Figura 13), os quais podem ser visualizados no dendrograma. O critério adotado para o ponto de corte, estabelecido em 68%, foi segundo Mojena (1977). O grupo I reuniu 24 genótipos, o grupo II, 13, o grupo III, 17 genótipos e o IV e V, formaram grupos isolados. Ao comparar os agrupamentos obtidos pelos métodos UPGMA e Tocher, nota-se que o Tocher classificou os genótipos em mais grupos, apresentando maior poder de discriminação.

No grupo X (formado pelo genótipo G-6), as maiores médias foram para carboidratos totais (20,22 %), fibra bruta (26,07%), magnésio (340,66 mg 100 g<sup>-1</sup>), fósforo (248,39 mg 100 g<sup>-1</sup>), sódio (34,57 mg 100 g<sup>-1</sup>), ferro (92,10 mg 100 g<sup>-1</sup>), manganês (19,70 mg 100 g<sup>-1</sup>) e zinco (0,18 mg 100 g<sup>-1</sup>). O grupo VII (formado pelo genótipo G-20), as maiores médias para lipídios (77,85%), energia (777,14 Kcal) e magnésio (340,66 mg 100 g<sup>-1</sup>).

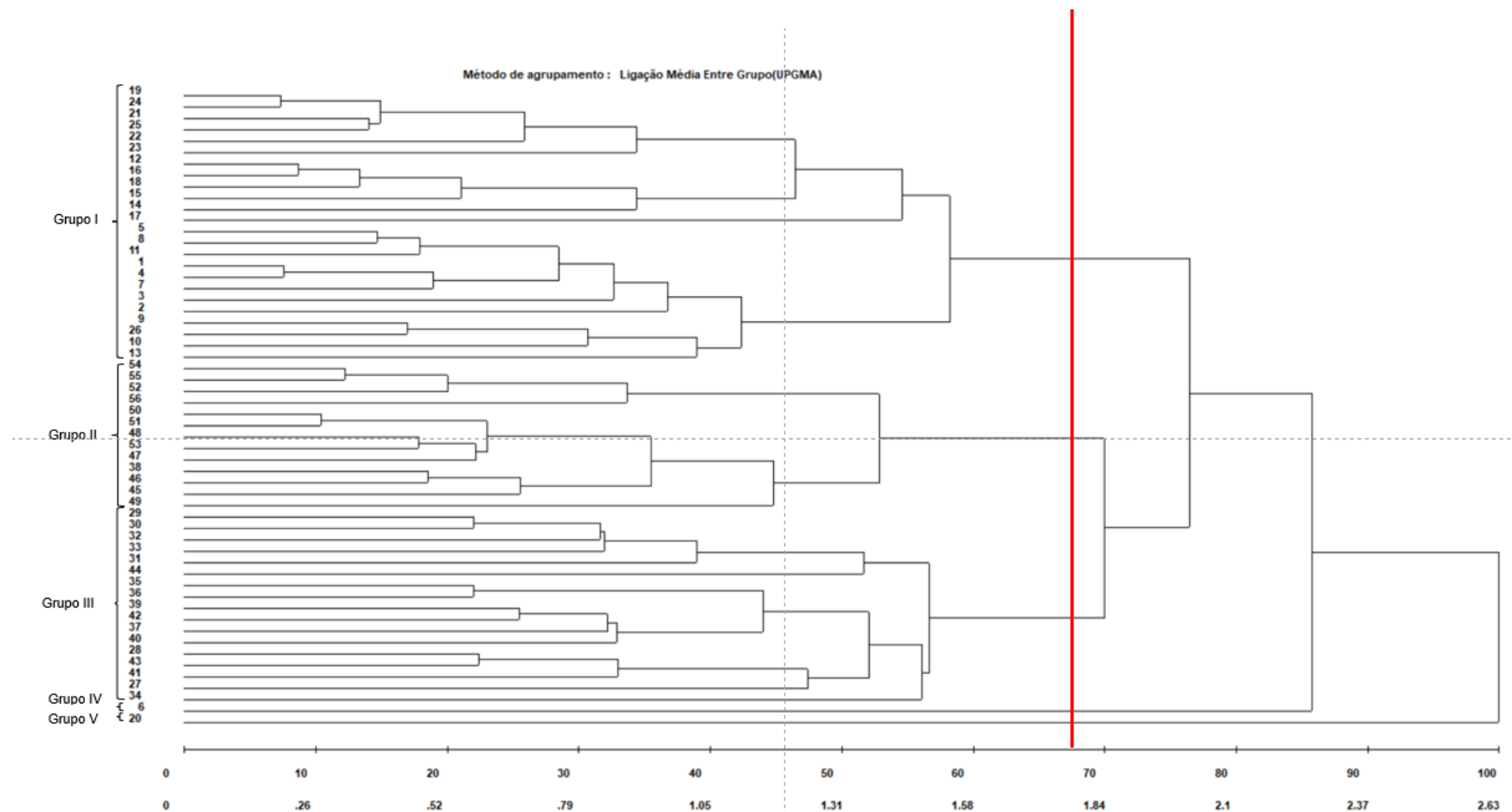
O CCC do dendrograma foi de 0,57 e significativo pelo teste t ( $P < 0,01$ ), conforme Tabela 17, e valor de estresse (31%) considerado acima do grau máximo de aceitabilidade da técnica que é de 10% (Kruskal, 1964).

Apesar da CCC abaixo e estresse acima do nível desejado, percebe-se algumas concordâncias nos agrupamentos em comparação aos dois métodos. O grupo I que reuniu 24 genótipos no UPGMA, 18 desses estão presentes no Tocher, ou seja, concordância de 75%, evidenciando similaridade. De forma semelhante ocorreu no grupo II, com concordância em 76% dos genótipos. Enquanto no grupo III no método de UPGMA formou um amplo grupo (17 genótipos), ao passo que no método de Tocher agrupou apenas seis genótipos, sendo os demais distribuídos em grupos diferentes.

No UPGMA, os genótipos que apresentaram maiores dissimilaridades foram do grupo I entre os grupos VII e X, com as distâncias de 2,63 e 2,26, respectivamente. Ao analisar e comparar esses três grupos, foi possível observar que o grupo I, formado por 24 genótipos (Tabela 15), apresentou as maiores médias para proteína bruta (9,82%), cinzas (1,58%), cálcio (56,06 mg 100 g<sup>-1</sup>), potássio (746,34 mg 100 g<sup>-1</sup>), enxofre (140,45 mg 100 g<sup>-1</sup>) e cobre (1,471 mg 100 g<sup>-1</sup>).



**Figura 13** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado na distância expressa pelo Quadrado da Distância Euclidiana de 56 genótipos de cocão, de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre, com base em características químico-nutricionais.





**Tabela 17** - Adequação do método hierárquico por meio do coeficiente de correlação cofenética, utilizando variáveis quantitativas.

Estatística	Valor
Correlação cofenética (CCC)	0,57
Graus de liberdade	1538
Valor de teste t	27,39
Probabilidade	* *
Distorção (%)	9,88
Estresse (%)	31,44

*Por análise de Componentes Principais - PCA*

Para o estudo de análise de componentes principais, as características foram divididas em dois universos (as relacionadas a composição centesimal e os minerais), uma vez que cada um são de grandezas diferentes. Além disso, para obter a explicação da proporção acumulada para ambos os universos acima de 70%, algumas características foram descartadas dos dois universos. Do universo composição centesimal, a característica energia, e do universo minerais foram seis (fósforo, potássio, sódio, enxofre, cobre, manganês). Assim, as PCAs foram interpretadas a partir das seguintes características - PCA composição centesimal: umidade, proteína, lipídios, cinzas e carboidrato total. Na PCA minerais: cálcio, magnésio, zinco e ferro.

Os respectivos autovalores e percentagens de variância explicada por cada universo estão apresentados na Tabela 18. No primeiro universo, os dois primeiros componentes foram responsáveis por 70% da variação total, sobre as cinco características de 56 genótipos avaliados, em que o PC1 foi responsável por 41% e o segundo, PC2, por 29% das variações dos dados. No segundo universo, os dois primeiros componentes foram responsáveis por 75% da variação total, sobre as quatro características de 56 genótipos avaliados, em que o PC1 foi responsável por 47% e o segundo, PC2, por 28% das variações dos dados. Esses resultados estão de acordo com Kaiser (1960), em que considera escolher componentes com autovalor maior que 1,0 e, com Medina et al. (2010), quanto ao valor da proporção acumulada, considerando acima de 70% para explicar a variância total entre as variáveis.

Conforme apresentado na Tabela 19, quanto ao universo composição centesimal, as variáveis que mais contribuíram para o componente principal 1 foram lipídios (41,21%) e carboidrato total (40,73%) responsáveis por 81,94% da variação total do referido componente. Enquanto as características teor de cinzas (35,89), proteína (28,49%), umidade (28,24%) contribuíram com 92,62% da variação total do componente 2.



**Tabela 18** - Autovalores, variância explicada (%) e acumulada (%) dos componentes principais obtidos a partir da análise multivariada das características químico-nutricionais das amêndoas do cocão.

Componentes	Autovalores	Variância explicada (%)	Variância total acumulada (%)
Centesimal			
CP1	2,04	41,00	41,00
CP2	1,44	29,00	70,00
CP3	0,88	17,68	87,61
CP4	0,61	12,39	100,00
CP5	0,00	0,00	100,00
Minerais			
CP1	1,89	47,37	47,37
CP2	1,10	27,56	74,94
CP3	0,72	18,05	92,99
CP4	0,28	0,70	100,00

Quanto ao universo minerais, as variáveis que mais contribuíram para o componente principal 1 foram ferro (32,95%) e zinco (31,82%) responsáveis por 64,72% da variação total do referido componente. Enquanto as características referentes ao teor de cálcio (37,70%) e magnésio (27,55%), contribuíram com 65,25% da variação total do componente 2.

**Tabela 19** - Autovetores das características química nutricionais de 56 genótipos de cocão amostradas em população natural no município de Tarauacá - Acre.

Características	Autovetores	
	CP1	CP2
Centesimal		
UM (%)	-0,6177	-1,1381
PB (%)	0,0306	1,1484
LP (%)	1,7977	-0,2358
CZ (%)	-0,1395	1,4459
CT (%)	-1,7772	0,0621
Minerais		
Ca (mg 100g <sup>-1</sup> )	0,7564	1,4404
Mg (mg 100g <sup>-1</sup> )	1,0292	1,0525
Fe (mg 100g <sup>-1</sup> )	-1,6707	0,5506
Zn (mg 100g <sup>-1</sup> )	1,6136	-0,7764

UM = Umidade; PB = Proteína Bruta; LP = Lipídios; CZ = Cinzas; CT = Carboidrato total; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; Fe = Ferro; Zn = Zinco.

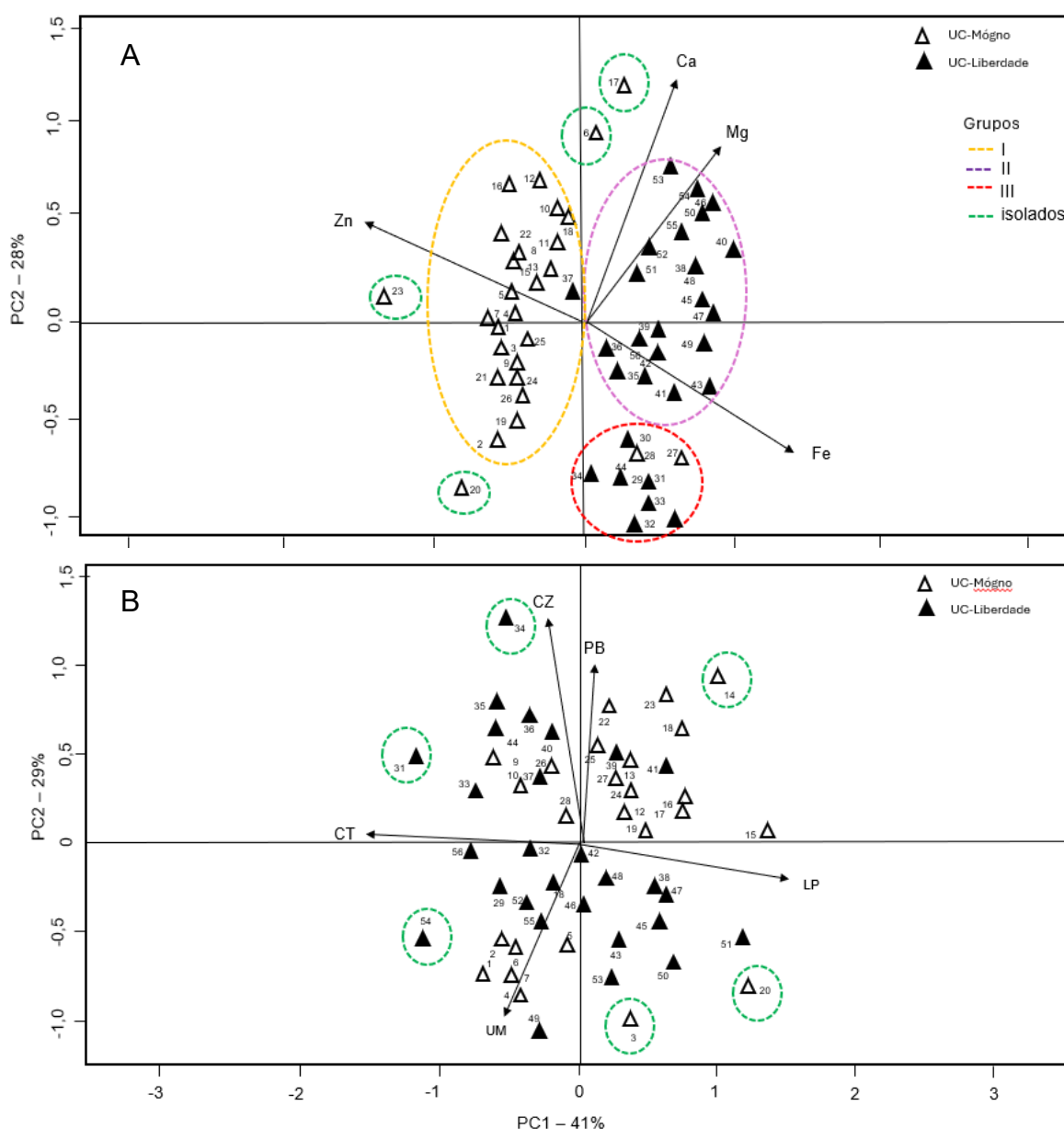
A projeção das coordenadas principais (Figura 14A), revelou a formação de três grupos com aglomerados e quatro de forma isolada, revelando distinção entre si. É possível identificar grupos isolados constituído dos acessos G-20, G-6, G-17 e G-23. Os genótipos G-20, G-6 e G-17 também se comportaram de forma isolada nos dois



métodos (Tocher e UPGMA), assim como o grupo I, II e III reuniram praticamente todos os genótipos presentes nos dois referidos métodos.

O Método Tocher, o mais discriminante dos três métodos, isolou também os genótipos G-3, G-44, G-27 e G-34, no entanto, estes ficaram agrupados nos grupos I e III, no método UPGMA.

**Figura 14** - Análise de componentes principais de 56 genótipos de cocoão, de ocorrência natural no município de Tarauacá - Acre, com base em características químico-nutricionais: (A) obtida de variáveis Ca, Mg, Zn e Fe. (B) obtida a partir de variáveis CZ, PB, CT e UM.



UM = Umidade; PB = Proteína Bruta; LP = Lipídios; CZ = Cinzas; CT = Carboidrato total; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; Fe = Ferro; Zn = Zinco.



Observe-se também a formação de grupos distintos por local de ocorrência, UC Mogno e Liberdade. Essa diferenciação pode estar associada às diferenças nutricionais do solo, com impacto no desenvolvimento das plantas e consequentemente na expressão fenotípica. Solos com diferentes níveis de fertilidade podem influenciar diretamente as características dos frutos e amêndoas. Como observado na Tabela 13, o zinco e magnésio apresentaram variâncias ambientais superiores as genotípicas.

Na projeção das coordenadas principais do universo nutricionais (Figura 14B), observa-se genótipos mais dispersos entre si e mais sensível definição de grupos. É possível identificar grupos isolados, conferindo os genótipos G-14, G-34, G-20, G-34, G-31 e G-54.

Através da aplicação de diversos critérios de agrupamento, é possível detectar a formação de agrupamentos naturais entre os genótipos, com base em similaridade.

Por meio da utilização dos diferentes critérios de agrupamento, pode-se identificar a existência de agrupamento natural dos genótipos, em função da similaridade e dissimilaridade. No entanto, ao utilizar mais de um método de agrupamento, devido às diferenças na hierarquização, otimização e organização dos grupos, é possível que a classificação se complemente de acordo com os critérios específicos de cada técnica, evitando que inferências incorretas sejam feitas na alocação de determinado subgrupo de genótipos.



## 5 CONCLUSÕES

Existe variação genética entre os genótipos estudados com base nos caracteres dos frutos de cocão, mostrando o potencial dos materiais para uso em trabalhos de melhoramento, conservação e manejo da espécie.

Há ampla divergência entre os genótipos, principalmente se comparados com outros estudos obtidos por métodos de agrupamento em palmeiras.

A análise das características físicas, com base na dispersão dos dados, revelou uma considerável concentração de genótipos com características similares dentro da população estudada.

O uso de descritores baseado nos frutos mostrou-se eficiente para caracterizar a existência de variabilidade e diversidade genética entre os genótipos.

A utilização dos métodos de agrupamento UPGMA e Tocher permite identificar os genótipos distintos e similares geneticamente.

A análise de componentes principais (PCA) auxilia na distinção dos agrupamentos formados e revela as variáveis de maior contribuição para a variabilidade dos dados.

O diâmetro do fruto, diâmetro do endocarpo, largura do fruto, massa fresca do fruto, massa seca do fruto, massa fresca de amêndoa por fruto, massa seca de amêndoa por fruto e massa fresca de uma amêndoa são os caracteres físicos dos frutos de maior contribuição para variabilidade dos dados. Da mesma forma, os caracteres químico-nutricionais, como lipídios carboidrato total, cinzas, proteína bruta, umidade, ferro, zinco, cálcio e magnésio destacam-se como os principais responsáveis pela variabilidade observada, conforme a PCA.

As estimativas da variância genotípica dos caracteres são superiores às da variância ambiental, indicando que 93% dos caracteres (físicos e químico-nutricionais) podem ser trabalhados no melhoramento genético.

As herdabilidades com base nas médias dos genótipos evidenciam alto controle genético em 87% dos caracteres avaliados (físicos e químico-nutricionais), sendo, portanto, favoráveis e promissores à seleção.

A amêndoa do cocão é uma importante fonte de proteínas, carboidratos e minerais, destacando-se pelo alto teor de gordura vegetal, fibra bruta e valor energético em comparação com outras amêndoas e sementes comestíveis de espécies exploradas economicamente.



Recomenda-se ampliar a pesquisa com a coleta de dados na outra região de ocorrência do cocão, no oeste do estado do Acre, a fim de avaliar se a variabilidade observada se mantém ou se é ainda maior. Essa abordagem permitirá uma compreensão mais ampla da diversidade genética da espécie e contribuirá para estratégias mais eficazes de melhoramento, conservação e manejo da espécie.



## REFERÊNCIAS

- AFONSO, S. S.; PEDRI, E. C. M.; ROCHA, V. D. da; BIAZON, I. C.; ROSSI, A. A. B. Biometria de frutos e sementes de *Ceiba speciosa*. **Enciclopédia biosfera**, Centro científico conhecer, Goiânia, v. 14, n. 26, p. 850-859. 2017.
- AMORIM, L., SANTOS, B., FERREIRA, R., RIBEIRO, J., DIAS, M., SOUZA JR., C., VERÍSSIMO, A. **Sistema de Alerta de Desmatamento (SAD) – julho de 2024**. Belém: Imazon, 2024.
- ARAUJO, D. G. de; CARVALHO, S. P.; ALVES, R. M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiorum* Willd ex Spreng Schum). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, p.13-21, 2002.
- ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKER, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD 801, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 5, p. 801-809, maio 2006.
- AZEVEDO, V. C. R.; PÁDUA, J. G.; SILVA, D. B. da; MAZZOCATO, A. C.; AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; FREITAS, F. de O.; PEÑALOZA, A. del P. de S.; TEIXEIRA, F. F.; SALOMÃO, A. N. Recursos Genéticos Vegetais In: PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMÃO, A. N.; ROVERI JOSÉ, S. C. B.; MOREIRA, J. R. (Ed.). **Recursos Genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, DF: Embrapa recursos genéticos e biotecnologia, 2019. p. 242-268.
- BALICK, M. J. **Ethnobotany of Palms in the Neotropics**. Advances in Economic Botany. v. 1, p. 9-23, 1984.
- BATES, D. M. Utilization pools: a framework for comparing and evaluating the economic importance of palms. *Adv Econ Bot* 6:56–64. 1988.
- BERTAN, I., CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. da; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.
- BISPO, R. B.; DARDENGO, J. D. F. E.; BISPO, R. B.; BISPO, R. B.; ROSSI, A. A. B. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Nativa**, v. 8, n.4, p. 585-590, 2020.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFLA. 2013. 523 p.
- BRANCO, F. D.; BRANDT, M. A.; SOUSA, A. N. da S. Potencial energético dos frutos e do biocarvão da espécie *Attalea tessmannii* explorado e produzido no Estado do Acre, Brasil, 2023. Disponível em: < [https://www.udesc.br/arquivos/udesc/id\\_cpmenu/](https://www.udesc.br/arquivos/udesc/id_cpmenu/)



16921/POTENCIAL\_ENERG\_TICO\_DOS\_FRUTOS\_16947170090811\_16921.pdf>  
Acesso em: 1 fev., 2024.

BRITES, A. D.; MORSELLO, C. Efeitos ecológicos da exploração de produtos florestais não madeireiros: uma revisão sistemática. **Desenvolvimento e Meio Ambiente**, v. 36, n. 4, p. 55-72. 2016.

BYG, A.; BALSLEV, H. Diversity and use of palms in Zahamena, eastern Madagascar. **Biodiversity and Conservation**, 10:951-970 pp. 2001.

CAMPOS, T. S.; SOUZA, A. M. B. de, VIEIRA, G. R.; PIVETTA, K. F. L. Aspectos biométricos dos frutos e diásporos de *Mauritia flexuosa* provenientes do Cerrado brasileiro. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 33, n. 1, p. 1-16, jan./mar. 2023.

CAMPOS, M. T.; EHRINGHAUS, C. Plant virtues are in the eyes of the beholders: a comparison of known palm uses among indigenous and folk communities of southwestern Amazonia. **Economic Botany**, New York, v. 57, n. 3, p. 324-344. 2003.

CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 2003.

CARRAZZA, L. R.; ÁVILA, J. C. C, SILVA, M.L. **Manual Tecnológico de Aproveitamento Integral do Fruto e da Folha do Babaçu (*Attalea spp.*)**, 2 ed., Instituto Sociedade, População e Natureza (ISNP), Brasília, 2012, p. 68.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária – UFP, p. 141, 2004.

CARVALHO, M. A.; PIZZARO-JUNCAL, E. A.; VALLS, J. F. M. Flowering dynamics and seed production of *Arachis pintoi* and *Arachis repens* in the Brazilian Cerrados. **Tropical Grasslands**, Cali, v. 43, n. 3, p. 139-150, jan./dez. 2009.

CHATFIELD, C.; COLLINS, A. J. **Introduction to multivariate analys**. 3 ed. London: Science paperbacks, Chaman and Hall, 1986. 246 p.

CLEMENT, C. R.; LLERAS, E.; LEEUWEN, J. van. O potencial das palmeiras tropicais no Brasil: acertos e fracassos das últimas décadas. **Agrociencia**, v. 9, n. 1-2, p. 67-71, 2005.

CNCFlora. *Attalea tessmannii* in Lista Vermelha da flora brasileira versão 2012.2 Centro Nacional de Conservação da Flora. Disponível em <[http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/pt-br/profile/Attalea tessmannii](http://cncflora.jbrj.gov.br/portal/pt-br/profile/Attalea_tessmannii)>. Acesso em 16 outubro 2023.

COGO, M. R. de M.; ROSA, L. Z da; SILVEIRA, N. B.; LAINDORF, B. L.; BACEGA, A.; SANTOS, N. L. dos; LOPES, A. M.; PEREIRA, A. B.; SOUZA, V. Q. Diversidade genética de *Butia lallemantii* Deble & Marchiori (Arecaceae) com base em dados morfométricos de três populações naturais com ocorrência no bioma Pampa. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 10, 2022.



COOPERMOGNO. Portfólio\_Coopermogno.cdr2020. Disponível em <[http://semapi.acre.gov.br/wpcontent/uploads/sites/20/2020/04/Portf%C3%B3lio\\_Coopermogno.pdf](http://semapi.acre.gov.br/wpcontent/uploads/sites/20/2020/04/Portf%C3%B3lio_Coopermogno.pdf)>. Acesso em: 15 set. 2023.

CORELLA, D. L. B. **Pré-melhoramento caracterização fenotípica e diversidade genética de acessos conservados em banco de germoplasma**. 2022. 192 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa - MG, 2018.

CORRÊA, G. C.; SANTOS, M. M.; ARTIAGA, S. R. A. R. Influência do período de armazenamento de frutos na germinação de sementes de baru (*Dipteryx alata* Vogel). **Agrarian Academy**, v.4, n.7; p. 297-305. 2017.

CORRÊA, L. de J.; CARVALHO da S. L.; MARIGUELE, K. H. Parâmetros genéticos de uma população de *Astrocaryum aculeatum* Meyer de ocorrência natural em área de pastagem em Roraima – Brasil. **Revista de la Facultad de Agronomía, La Plata**, v. 119, n. 2, 2020.

COSTA, A. de O. **Aspectos físico-químicos e nutricionais da amêndoa e óleo de coco de babaçu (*Orbignya phalerata* mart.) e avaliação sensorial de pães e biscoitos preparados com amêndoas**. 2014. 69 f. Dissertação (Mestrado em Ciência de Alimentos) – Universidade Federal do Ceará, 2014.

COSTA, A. M.; MOTOIKE, S. Y.; CORRÊA, T. R.; SILVA, T. C. S.; COSER, S. M.; RESENDE, M. D. V. de; TEÓFILO, R. F. Genetic parameters and selection of macaw palm (*Acrocomia aculeata*) accessions: an alternative crop for biofuels. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 168 18, n. 3, p. 259-266, 2018.

COSTA, C. J.; MARCHI, E. C. S. **Germinação de sementes de palmeiras oleaginosas**. Biodiesel BR, Biblioteca (s): Embrapa Cerrados, set. 2008.

CREPALDI, C. I.; MURADIAN, L. B. A.; RIOS, M. D. G.; PENTEADO, M. V. C.; SALATINO, A. Composição nutricional do fruto de licuri (*Syagrus coronata* (Martius) Beccari). **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.24, n.2, p.155-159, 2001.

CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D. Programa Genes: análise multivariada e simulação. Editora UFV, Viçosa. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**. v. 38, n. 3, p. 271-276, 2006.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, 514 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

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



CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 2. ed. Viçosa: Editora: UFV, Viçosa, 2020. 626 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 1997. v. 1, 480 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

CRUZ, C. D.; SALGADO, C. C.; BHERING, L. L. Biometria aplicada à análise molecular em diversidade genética. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Biotecnologia Aplicada ao melhoramento de plantas**. Visconde do Rio Branco: Suprema, p. 69 -117, 2013.

CRUZ, E. D.; CARVALHO, J. E. U. Biometria de frutos e sementes e germinação de curupixá (*Micropholis cf. venulosa* Mart. e Eichler - Sapotaceae). **Acta Amazonica**, v. 33, n. 2, p. 389-398, 2003.

DE BEER, J. H; MCDENOTT, M. **The economic value of non-timber forest products in South East, Asia**. Amsterdam: The Netherlands committee for IUCN, 1989.

DEGENHARDT, J.; DUCROQUET, J.; GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Variação fenotípica em plantas de duas famílias de meios-irmãos de goiabeira-serrana (*Acca sellowiana* Berg.) em um pomar comercial em São Joaquim, SC. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 27, p. 462-466, 2005.

DRANSFIELD, J.; UHL, N.W.; ASMUSSEN, C. B.; BAKER, W. J.; HALEY, M.M.; LEWIS, C.E. *Genera Palmarum: The Evolution and Classification of Palms*. Kew Publishing, Royal Botanical Gardens, Kew. 744p. 2008.

ELIAS, G. A.; SANTOS, R. Produtos florestais não madeireiros e valor potencial de exploração sustentável da floresta atlântica no sul de Santa Catarina. **Ciência Florestal**, v. 26, n. 1, p. 249-262. 2016.

ELIAS, H, T; VIDIGAL, M, C, G.; GANELA, A.; VOGOT, G, A, Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v, 42, n,10, p. 1443-1449, 2007.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa-MG: UFV, 1981. 279 p.



FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. The Ronald Press Co., New York, 1964. 365 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FARIAS NETO, J. T.; CARVALHO, J. U.; MULLER, C.H. Estimativas de correlação e repetibilidade para caracteres do fruto de bacurizeiro. **Ciência e Agrotecnologia**, vol. 28, n. 2, p. 300-305. 2004.

FERREIRA, D. F. **Estatística básica**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2009. 664p.

FERREIRA, E. J. L. **Manual das palmeiras do Acre, Brasil**, 2005. Disponível em <[https://www.nybg.org/bsci/acre/www1/manual\\_palmeiras.html](https://www.nybg.org/bsci/acre/www1/manual_palmeiras.html)>. Acesso em: 11 set. 2023.

FERREIRA, E. L. **Cocão (*Attalea Tessmannii*)**: Uma breve história taxonômica. Disponível em: < <http://ambienteacreato.blogspot.com/2010/03/cacao-attalea-tessmannii.html>>. Acesso em 23 de jul. 2023.

FIGUEIREDO FILHO, D. B.; SILVA JÚNIOR, J. A. da. Desvendando os Mistérios do Coeficiente de Correlação de Pearson (r). **Revista Política Hoje**, Recife, v. 18, n. 1, p. 115-146, 2009.

FLEISHMAN, E.; LAUNER, A. E.; SWITKY, K. R. Rules and exceptions in conservation genetics: genetic assessment of the endangered plant *Cordylanthus palmatus* and its implications for management planning. **Biological Conservations**, Essex, v. 98, p 45-53, 2001.

FRAGA, A. B.; SILVA, F. L.; HONGYU, K.; SANTOS, D. D. S.; MURPHY, T. W.; LOPES, F. B. Multivariate analysis to evaluate genetic groups and production traits of crossbred Holstein x Zebu cows. **Trop Anim Health Prod**. p.1-6. 2015.

FRANCO, G. **Nutrição**: texto básico e tabelas de composição química dos alimentos. 9.ed. São Paulo, SP: Atheneu, 1992, 178 p.

FRANCO, G. **Tabela de composição química dos alimentos**. 9 ed. São Paulo: Ed. Atheneu, 2002.

FREITAS, J. B.; NAVES, M. M. V. Composição química de nozes e sementes comestíveis e sua relação com a nutrição e saúde. **Revista de Nutrição**, Campinas, v. 23, n. 2, pg. 269-279, mar./abr., 2010.

GIATTI, O. F.; MARIOSA, P. H.; ALFAIA, S. S.; SILVA, S. C. P.; PEREIRA H. S. Potencial socioeconômico de produtos florestais não madeireiros na reserva de desenvolvimento sustentável do Uatumã, Amazonas. **Revista de economia e sociologia rural**. v. 59, n. 3, p. 1-19, fev. 2021.

GILES, J. A. D.; OLIARI, L. S.; ROCHA, A. C. B.; SCHMILDT, E. R.; SILVA, W.; FRANÇA, J. M. Correlações entre características físicas, químicas e físico-químicas de frutos de cirigueleira. **Revista Agro@ambiente On-line**, v. 10, n. 1, p. 30 - 35, 2016.



GONÇALVES, L. G. V.; ANDRADE, F. R.; MARIMON JUNIOR, B. H.; SCHOSSLER, T. R.; LENZA, E.; MARIMON, B. S. Biometria de frutos e sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em vegetação natural na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n.1, p. 31-40, 2013.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. 1. ed. Visconde do Rio Branco, Suprema, 2012. v. 1. 282 p.

GUSMÃO, E.; VIEIRA, F.A.; FONSECA JÚNIOR, É.M. Biometria de frutos e endocarpos de murici (*Byrsonima verbascifolia* Rich. ex A. Juss.). **Cerne**, v. 12, n. 1, p. 84-91. 2006.

HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae*, v. 3, p. 76-83, 2012.

HAMMADI, H.; MOKHTAR, R.; MOKHTAR, E.; ALI, F. New approach for the morphological identification of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars from Tunisia. **Pakistan Journal Botany**, Pakistan, v. 41, n. 6, p. 2671-2681, 2009.

HAMRICK, J. L. The distribution of Genetic Variation within and among Natural plant population. In: SCHONE-WALD-COX, C. M.; CAHAMBERS, S. H.; MacBYDE, B.; THOMAS, L. **Genetic and conservation**. Menlo Park: Benjamin Cummings, p. 335-348. 1983.

HENDERSON, A. **Evolution and ecology of Palms**. The New York Botanical Garden Press. New York, 2002.

HENDERSON, A.; GALEANO, G.; BERNAL, R. **Field Guide to the Palms of the Americas**. Princeton, Princeton University Press, 1995.

HONGYU, K. **Comparação do GGEbiplot ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo × ambiente**. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 155 p. 2015.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos químico-físicos para análises de alimentos**. São Paulo. 4<sup>o</sup>. ed. São Paulo Instituto Adolfo Lutz, 2008.

JESUS, C. L. de; SILVA, L. C. da; MARIGUELE, K. H. Parâmetros genéticos de uma população de *Astrocaryum aculeatum* Meyer de ocorrência natural em área de pastagem em Roraima – Brasil. **Revista de la Facultad de Agronomía**, La Plata, v. 119, n. 2, 2020.

JOHNSON, D.V. 1998. **Non-wood forest products 10: tropical palms**. [S.I.]. **Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO)**. Disponível em <<http://www.fao.org/docrep/x0451e/x0451e00.HTM>>. Acesso em: 30 jul. 2021.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. Madison: Prentice Hall International, 1998. 816p.



JOLLIFE, I. T. **Principal components analysis**. New York, Springer-Verlag, 1986.

JONES, B.; GLIDDON, C.; GOOD, J. E. G. The conservation of variation in geographically peripheral populations: *Lloydia serotina* (Liliaceae) in Britain. **Biological Conservation**, Essex, v. 101, p. 147-156, 2001.

KHATTREE, R.; NAIK, D.N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS software**. Cary, NC: SAS Institute, 2000. 588 p.

KRUSKAL, J. B. Multidimensional-scaling by optimizing goodness of fit to a non-metric hypothesis. **Psychometrika, Williamsburg**, v.29, n.1, p.1-27, 1964.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations 47 and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LEITMAN, P.; HENDERSON, A.; NOBLICK, L. **Arecaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil**, Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/2012/>>. Acesso em: 13 out 2023.

LORENZI, H. **Flora brasileira Lorenzi: Arecaceae (palmeiras)**. São Paulo: Nova Odessa, 2010. 367 p.

LORENZI, H.; NOBLICK, L.; KAHN, F. **Flora Brasileira - Arecaceae (Palmeiras)**. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, 2010. 384 p.

LORENZI, H.; SOUZA, de M.; CERQUEIRA, L. S. C. de; FERREIRA, E.; COSTA, J. T. de M. **Palmeiras brasileiras e exóticas cultivadas**. São Paulo, Plantarum, 2004, 415 p.

MACHADO, F. S. Etnobotânica de espécies florestais não madeireiras em comunidades locais do Vale do Juruá, Acre. In: SIVIERO, A.; MING, L. C.; SILVEIRA, M.; DALY, D.; WALLACE, R. (Org.) **Etnobotânica e Botânica Econômica do Acre**, Rio Branco, AC, Ed. Edufac, cap. 2. p. 38-52, 2016.

MALAGODI-BRAGA, K, S; MAUES, M. M.; GAGLIANONE; ALVES, D. A. Polinização e polinizadores. In: DRUMOND, P. M.; CARVALHO-ZILSE, G. A.; WITTER, S.; ALVES, R. M. de O.; DRUMMOND, M. S. (ed.). *Meliponicultura: o produtor pergunta, a Embrapa responde*. Brasília, DF: Embrapa, 2024, cap. 5, p. 57-66.

MANARIN, S. A. **Combinação de doses de fósforo e de zinco em solução nutritiva para capim-tanzânia**. 2005. 68 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Solos e nutrição de plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luzi de Queiroz, Piracicaba, 2005.

MANLY, B. F. J. **Multivariate statistical methods**. New York, Chapman and Hall, 1986. 159 p.

MARÇAL, T. de S.; BERNARDES, C. de O.; OLIVEIRA, W. B. dos S. GUILHEN, J. H. S.; FERREIRA, M. F. da S. FERREIRAS, A. Diversidade genética de *Euterpe edulis* Martius com base em frutos. **Bioscience Journal**, v. 5, p. 1549-1556, set./out. 2020.



MARTINOT, J. F.; PEREIRA, H. D. S.; SILVA, S. C. P. D. Coletar ou Cultivar: As escolhas dos produtores de açaí-da-mata (Euterpe precatoria) do Amazonas. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 55, n. 4, p. 751-766, 2017.

MARTINS, R. C.; FILGUEIRAS, T. S. Arecaceae. In: CAVALCANTI, T. C. (Org.). **Flora do Distrito Federal**, Brasil. Brasília, DF: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2006. p. 47-82.

MELO, D. S.; MAIA, M. C. C.; VIDAL NETO, F. das C. BARROS, L. de M.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, L. C.; ARAÚJO, L. B.; MEDINA, L. M. **Divergência genética em uma população de melhoramento de cajueiro**. Fortaleza, CE: Embrapa Agroindústria Tropical, 2022. 17 p.

MELO, M. L. P.; MAIA, G.A.; SILVA, A.P.V.; OLIVEIRA, G.S.F.; FIGUEIREDO, R.W. Caracterização físico-química da amêndoa da castanha de caju (*Anacardium occidentale* L.) crua e tostada. **Ciência e Tecnologia e Alimentos**, Campinas, v.18, n.2, p.184-187, 1998.

MENDONÇA, M. S. D.; MENDONÇA, M. S.; BEBER, P. M.; NASCIMENTO, F. S. S.; SANTOS, V. B.; MARINHO, J. T. Importance and correlations of characters for cowpea diversity in traditional varieties. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza. v. 49, n. 2. abril, 2018.

MENEGUETTI, N. F. S. P.; SIVIERO, A. Potencial biotecnológico de espécies vegetais oleaginosas ocorrentes em comunidades extrativistas do Acre. In: SIVIERO, A.; SANTOS, R. C. dos; MATTAR, E. P. L. (org.). **Conservação e Tecnologias para o desenvolvimento agrícola e Florestal do Acre**. 1. Ed. Rio Branco: IFAC, 2020. cap 4, p. 115-146.

MEYER, J, M. **Teores e composição de ácidos graxos de óleos de frutos de palmeiras nativas**. 2013. 90 f. Dissertação (Mestrado em Ciência na área de Botânica) - Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, 2013.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**. v. 50, p. 159-179, 1985.

MITJA, D.; SILVA-SOUSA, J. C.; MELO, S. L. Y.; CHAIB, H. F. Biometria dos Frutos e Sementes de babaçu, Natividade-to. **IX Simpósio Nacional Cerrado e II Simposio Internacional Savanas Tropicais**. 12 al 17 de outubro de 2008. Embrapa, Brasília.

MOJENA, P. A.; COELHO, C. V. L. Evaluation of the physiological quality of *Parkia platycephala* seeds. **Scientific Electronic Archives**, v.10, n.4, p. 20-31, 2017.

MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**. v. 20, p. 359-363, 1977.

MONTGOMERY, D. C.; RUNGER, G. C.; HUBELE, N. F. **Estatística aplicada à engenharia**. 2. ed. Rio de Janeiro: LTC, 2004. 335 p.



MORAES, R. M. et al. Notes on the biology and uses of the motacú palm (*Attalea phalerata*, Arecaceae) from Bolivia Economic Botany, California, v. 50, n. 4, p. 423-428, 1996.

MORGANO, M.A.; SERAFIM, F.G.; FERREIRA, M.M.C.; PAULUCI, L.F.; SILVA, M.G.; MANTOVANI, D.M.B. **Caracterização mineral de diferentes nozes**. Disponível em: < <https://marcia.iqm.unicamp.br/Puban11.pdf>>. Acesso em: 28 de set. 2024.

MORI, S.A.; SILVA, L. A. M. e LISBOA, G. 1989. **Manual de manejo do herbário**.

MOURA, N.F.; CHAVES, L.J.; VENCOSVSKY, R.; ZUCCHI, M.I.; PINHEIRO, J.B.; MORAIS, L.K.; MOURA, M.F. Seleção de marcadores RAPD para o estudo da estrutura genética de populações de *Hancornia speciosa* Gomez. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.21, p.119-125, 2005.

MUNIZ, F. R. S. Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja. Tese Doutorado. 2007. 94 p. Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

NASCIMENTO, F. S. do; SOUZA, G. do N.; SANTOS, V. B. dos; REIS, S. S. O.; SOUZA, C. da S.; PETERS, L. P.; SILVA, B. K. de A. Estimativa da diversidade de variedades tradicionais de feijão-caupi do Acre com marcadores SSR. **Scientia Naturalis**, Rio Branco, v. 5, n. 1, p. 287-303, 2023.

NASCIMENTO, R. S. M.; CARDOSO, J. A. COCOZZA, F. D. M. Caracterização física e físico-química de frutos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) no oestado Bahia. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. v.18, n.8, p.856–860, 2014.

OLIVEIRA, M. do S. P de; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açazeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.501-506, 2007.

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

OLIVEIRA, M. S. P; RIOS, S. A. **Potencial econômico de algumas palmeiras nativas da Amazônia**. In VI Encontro amazônico de agrárias. Amazônia: Universidade Federal Rural da Amazônia, 2014.

PACHECO, M. **Tabela de equivalentes, medidas caseiras e composição química dos alimentos**. 2 ed. Rio de Janeiro: Ed. Rubio, 2011.

PAGLIARINI, M. K.; KONRAD, E. C. G.; SILVA, F. C.; SILVA, M. S. C.; MOREIRA, J. P.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A. R.; FREITAS, M. L. M.; AGUIAR, A. V.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética em caracteres decrescimento em progênies de *Dipteryx alata* Vog. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 112, p. 925-935. 2016.



PAIVA, F. F. A.; GARRUTTI, D. S.; SILVA NETO, R. M. **Aproveitamento industrial do caju**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2000. 88 p.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Philos. Mag.*, 2: 559-72, 1901.

PEREIRA, P. M. **Caracterização da variabilidade genética de *Euterpe edulis* (Arecaceae) do Espírito Santo para a produção de frutos**. 2018. 111 f. Tese (Doutorado em Biologia vegetal) – Universidade Federal do Espírito Santo, 2018.

PHILIPPI, S.T. **Nutrição e técnica dietética**. Barueri, SP: Monole, 2003. 373 p.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p.

PIÑA-RODRIGUES, F. C. M.; AGUIAR, I. B. **Maturação e dispersão de sementes**. In: AGUIAR, I. B.; PIÑA-RODRIGUES, F. C. M.; FIGLIOLIA, M. Sementes florestais tropicais. Brasília: ABRATES, 1993. p. 215-274.

PIRES, T. P. **Diversidade genética, fisiológica e anatômica em populações de macaúba provenientes de diferentes biomas**. 2107. 100 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, MG, 2017.

PRIETZEL, J.; KLYSUBUN, W.; HURTARTE, L. C. C. The fate of calcium in temperate forest soils: a Ca K-edge XANES study. **Biogeochemistry**, vol. 152, p. 195– 222, 2021.

R Core Team (2024). *\_R: A Language and Environment for Statistical Computing\_*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 1 fev., 2024.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

REGAZZI, A. J. Análise multivariada, notas de aula INF 766, Departamento de Informática da Universidade Federal de Viçosa, v. 2, 2000.

RESENDE, M. D. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas, 2002.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. DE; ALVES, R. S. Linear, Generalized, Hierarchical, Bayesian and 121 Random Regression Mixed Models in Genetics/Genomics in Plant Breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.



REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. *Coffee Science*, v. 9 p. 347-353, 2014.

RIBEIRO, F. S. de C.; SOUZA, V. A. B. de; LOPES, A. C. de A. Diversidade genética em castanheira do gurgueia (***Dipteryx lacunifera*** Ducke) com base em características físicas e químico-nutricionais do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n. 1, p. 190-199, mar. 2012.

RODRÍGUEZ-CABRERA, E. H.; MORAES R., M.; ROJAS-FOX, J.; GRANDEZ, C.; MEJÍA, K.; DEL CASTILLO Á. M. R. Morfología y biometría de racimos, frutos y semillas de *Attalea bassleriana* en Alto Amazonas, Perú. **Biota Colombiana**, v. 24, n. 2, p. 1-17, jul./dez. 2023.

ROHLF, F. J., FISHER, D. R. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**. v.17, p. 407-412, 1968.

ROSADO, R. D. S. et al. Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of macaw palm. **Scientia Horticulturae**, v. 248, p. 291-296, 2019.

SALAH, M.B., HELLALI, R., 2006. Description phenopomologique de 15 cultivars tunisiens de palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.). **Plant Genet. Resour.** 148, p. 1–9.

SALOMÃO, A. N.; SANTOS, I. R. I.; ROVERI JOSÉ, S. C. B.; WALTER, B. M. T.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; GIMENES, M. A.; TEIXEIRA, F. F.; CASTRO, C. S. P. de; MAZZOCATO, A. C.; GOEDERT, C. O. Princípios e conceitos sobre recursos genéticos. In: PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMÃO, A. N.; ROVERI JOSÉ, S. C. B.; MOREIRA, J. R. (Ed.). **Recursos Genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, DF: Embrapa recursos genéticos e biotecnologia, 2019. p. 19-38.

SANDER, N. L.; SILVA, C. J. da; DUARTE, A. V. M.; ZAGO, B. W.; GALBIATI, C. VIANA, I. G.; ARRUDA, J. C. de; DARDENGO, J. E.; POLETINE, J. P.; LEITE, M. H. S.; SOUZA, M. H. S. de; OLIVEIRA, R. F. de; GUIMARAES, T. S.; SILVA, V. P. da; BARELLI, M. A. A. The Influence of Environmental Features on the Morphometric Variation in *Mauritia flexuosa* L.f. Fruits and Seeds. **Plantas**, v. 9, 2020.

SANT'ANA, V. Z.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; ZANATA, M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, M. A.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong em Luiz Antonio, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 40, n.3, p. 515-520, 2013.

SANTANA, D. G.; RANAL, M. A. **Análise da germinação – um enfoque estatístico**. Brasília: UnB, 2004. 248p.

SANTOS, A. M. **Estimativas de parâmetros genéticos e avaliação da eficiência da seleção precoce em baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 2008. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG.



SAVEGNAGO, R. P., CAETANO, S. L., RAMOS, S. B., NASCIMENTO, G. B., SCHMIDT, G. S., LEDUR, M. C. MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population, **Poultry Science**, 90, p. 2174-2188. 2011.

SEBBENN, A. M., SIQUEIRA, A. C. M. F., KAGEYAMA, P. Y., & MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva–*Myroxylon peruiferum* LF Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, 53, p. 31-38, 1998.

SEMA - Secretaria de Estado de Meio Ambiente. Governo do Estado do Acre. Plano Anual de Outorga Florestal do Acre – 2020. Rio Branco, 2019. 31 p. Disponível em: < <https://sema.ac.gov.br/wp-content/uploads/2020/04/PAOF-Estado-do-Acre-2020.pdf>. Acesso em: 10 out, 2024.

SHANLEY, P.; MEDINA, G. **Frutíferas e Plantas úteis na vida Amazônica**. Belém: CIFOR, Imazon, 2005, 300 p.

SILVA, D. F. G.; COELHO, C. de J., ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; SILVA, A. R. da; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 4, p.401-410, 2016.

SILVA, J. N. da; ALVES, E. U.; MEDEIROS, M. L. S.; PÁDUA, G. V. G.; SILVA, M. J.; RODRIGUES, M. H. B.; ERNARDO, M. K. F.; CRUZ, J. M. F. L.; SOUZA, A. G.; ARAÚJO, L. D. A. Caracterização morfológica de frutos e sementes em uma população natural de *Hymenaea martiana* Hayne. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, V. 50, n. 1., p. 1-12, 2022.

SILVA, R. F. da; ASCHERI, J. L. R.; SOUZA, J. M. L. de. Influência do processo de beneficiamento na qualidade de amêndoas de castanha-do-brasil. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 2, p. 445-450, mar./abr., 2010.

SILVA, R. G.; CHAVES, M. da C. L.; ARNHOLD, E.; CRUZ, C. D. Repetibilidade e correlações fenotípicas de caracteres do fruto de bacuri no Estado do Maranhão. **Maringá**, v. 31, n. 4, p. 587-591, 2009.

SILVA, T. C.; ARAÚJO, E. C. G.; LINS, T. R. da S.; REIS, C. A.; SANQUETTA, C. R.; ROCHA, M. P. da. Non-Timber Forest Products in Brazil: A Bibliometric and a State of the Art Review. **Sustainability**, v. 12, n. 2, set. 2020.

SINTI-PINEDO, D. A.; RODRÍGUEZ-CABRERA, E. H.; MIRANDA, I. P. A.; ROJAS-FOX, J.; MEJÍA, K.; VÁSQUEZ-VÁSQUEZ, J. E.; CASTILLO, A. M. R. Morfologia de racimos, frutos y semillas de *Attalea moorei* em el Huallaga Central, Perú. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 95, out./dez. 2024.

SIZARET, F; JARDIN, C. **Estudo nacional da defesa familiar: tabelas de composição de alimentos**. 4.ed. Rio de Janeiro: IBGE,1996. 195 p.  
SOARES, K.P.; LONGHI, S.J.; NETO, L.W.; ASSIS, L.C. Palmeiras (Arecaceae) no Rio Grande do Sul, Brasil. **Rodriguésia**, v.65, n.1, p.113-139, 2014.



SODRÉ, J. B. **Morfologia das palmeiras como meio de identificação e uso paisagístico**. 2005. 65f. Monografia (Especialização em Plantas Ornamentais e Paisagismo) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 2005.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**. v.11, n.1, p. 30-40, 1962.

SOUSA, A. N.; SEREIRA, K. R. M.; DIAS JÚNIOR, A. F.; FLORIANI, M. B.; BRAND, M. A. Carvão produzido a partir de *Attalea tessmannii* Burret. resíduos de frutas. **Scientia Forestalis**, v. 50, 3730, 2022.

STURGES, H. A. The choice of a class interval. **Journal of the American Statistical Association**, New York, v. 21, n. 153, p. 65-66, 1926.

TACO. **Tabela brasileira de composição de alimentos**. 2. ed. v. 2. Campinas: NEPA-UNICAMP, 2006. 113 p.

TEIXEIRA, M. A. Babassu—A new approach for an ancient Brazilian biomass. **Biomass Bioenergy**, v. 32, p. 857-864, 2008.

TORGGLER, M. G. F.; CONTEL, E. P. B.; TORGGLER, S. P. **Isoenzimas**: variabilidade genética em plantas. Ribeirão Preto: SBG, 1995. 186 p.

USDA. National Nutrient Database for Standard Reference, SR Legacy. **United States Department of Agriculture, 2007**. Disponível em: <<https://www.ars.usda.gov/nea/bhnrc/mafcl>>. Acesso em: 10 ago., 2024.

VALLILO, M. I.; TAVARES, M.; AUED-PIMENTEL, S.; CAMPOS, N. C.; MOITA NETO, J. M. *Lecythis pisonis* Camb. nuts: oil characterization, fatty acids and minerals. **Food Chemistry**, Kidlington, v. 66, n. 2, p.197-200, 1998.

VENCOVSKY, R. H. **Herança quantitativa**. In: Paterniani, E. (Coord.). Melhoramento e Produção de Milho no Brasil. Fundação Cargill, Piracicaba, 1978. p. 122-201.

VINHAL, J. O.; LIMA, C. F.; BARBOSA, L. C. A. Analytical pyrolysis of the kernel and oil of babassu palm (*Orbignya phalerata*). **Journal of Analytical and Applied Pyrolysis**, v. 107, p. 73 - 81, 2014.

YAWANAWÁ, E. L. A.; SANTOS, L. R.; AZEVEDO, L. A. M.; BASSO, S. L. Ocorrência de três espécies de palmeiras oleíferas na Terra Indígena Yawanawá, Acre, Brasil. **Biota Amazônia**, Macapá, v. 9, n. 1, p. 22-25, 2019.

YOKOMIZO, G. K.; DUARTE, J. B.; VELLO, N. A. Correlações fenotípicas entre tamanho de grãos e outros caracteres em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 2235-2241, 2000.

YOKOMIZO, G. K.; MOCHIUTTI, S.; QUEIROZ, J. A. L. de; SANTOS, G. R. dos; FURTADO, R. G; BRANDÃO, A. P.; COLARES, I. B. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de frutos em açaizeiros no Amapá. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 26, n. 3, p. 985-993, jul/set., 2016.



ZAMBRANA, N.Y.P.; BYG, A.; SVENNING, C.C.; MORAES, M.; GRANDEZ, C.; BALSLEY, H. Diversity of palm uses in the western Amazon. **Biodiversity and Conservation**, v.16, p. 2771-2787, 2007.

ZARUMA, D. U. G. **Variações genéticas para caracteres silviculturais em progênies e procedências de *Dipteryx alata* Vogel**. 2014. 53 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal). Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2014.

ZEHDI, S.; TRIFI, M.; BILLOTTE, N.; MARRAKCHI, M., PINTAUD, J.C., 2004. Genetic diversity of Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera*) revealed by nuclear microsatellite polymorphism. **Hereditas**, 141, p. 278–287.

ZORZETTO, M. M.; MOTTA, F. C.; MORAIS, L. K.; KIIHL, T. A. M. Análise dialética da capacidade combinatória em soja. **Revista Biociências**, v. 14, n. 2, 2009.