

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE COQUEIRO-GIGANTE-DO-BRASIL<sup>1</sup>

FRANCISCO ELIAS RIBEIRO<sup>2</sup>, ANTONIO RESENDE SOARES<sup>3</sup> e MAGNO ANTONIO PATTO RAMALHO<sup>3</sup>

RESUMO - O presente trabalho teve como objetivo estudar a divergência genética entre cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil (*Cocos nucifera* L.): Pacatuba, SE, Praia do Forte, BA, Merepe, PE, Santa Rita, PE e São José do Mipibu, RN, por meio de técnicas de análise multivariada, utilizando-se as variáveis canônicas e as distâncias de Mahalanobis. Essas técnicas são largamente utilizadas em estudos de divergência genética e se apresentam com potencial para utilização na cultura do coqueiro. As menores divergências genéticas foram entre as populações Pacatuba e Merepe. A população mais divergente foi a Santa Rita. Para programas de melhoramento genético, visando à obtenção de híbridos, são recomendados cruzamentos entre as populações Santa Rita e Merepe, por apresentarem maior divergência genética.

Termos para indexação: variabilidade genética, análise multivariada, variáveis canônicas, distâncias de Mahalanobis.

### GENETIC DIVERGENCE AMONG POPULATIONS OF BRAZILIAN TALL COCONUT

ABSTRACT - The genetic divergence among five populations of Brazilian Tall Coconut (*Cocos nucifera* L.) – Pacatuba, SE, Praia do Forte, BA, Merepe, PE, Santa Rita, PE and São José do Mipibu, RN – was studied by multivariate analysis techniques using canonical variables and Mahalanobis distances. Such techniques are largely used to study genetic divergence and are potentially useful for coconut palms. The lowest genetic divergence were found between populations of Pacatuba and Merepe. Santa Rita had the highest divergent population. In a breeding program is recommended crosses among the Santa Rita and Merepe populations due to their higher genetic divergence.

Index terms: genetic variability, multivariate analysis, canonical variables, Mahalanobis distances.

## INTRODUÇÃO

Os objetivos do melhoramento genético do coqueiro resultam de um compromisso entre os diversos hábitos alimentares e culturais, do conhecimento da planta e das tecnologias de transformação (Bourdeix, 1989), e reveste-se de diferentes formas de acordo com as condições ecológicas. A diversidade das situações ecológicas encontradas devem

ser consideradas e o melhorista dará ênfase àquelas que em determinado local, ou momento, são limitantes da produção (Gascon & Nucé de Lamothe, 1976).

Uma das principais preocupações da pesquisa em melhoramento do coqueiro em outros países tem sido o aumento da quantidade de albúmen sólido. Já no Brasil, como praticamente toda a produção é utilizada na alimentação humana, os caracteres número de frutos e características organolépticas são também importantes (Siqueira & França-Dantas, 1984).

O programa de melhoramento genético do coqueiro no Brasil está sendo conduzido utilizando-se, principalmente, a seleção massal, teste de progênes e obtenção de híbridos. As limitações de um programa de seleção para um rápido progresso genético por unidade de tempo são: longo ciclo do coqueiro, pequeno número de sementes produzidas e ausência de métodos disponíveis de propagação

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 27 de novembro de 1998.

Extraído da tese apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal de Lavras (UFLA).

<sup>2</sup> Eng. Agr., M.Sc., Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros (CPATC), Caixa Postal 44, CEP 49001-970 Aracaju, SE. E-mail: elias@cpac.embrapa.br

<sup>3</sup> Eng. Agr., Dr., Prof. Titular, Universidade Federal de Lavras (UFLA), Caixa Postal 37, CEP 37200-000 Lavras, MG.

vegetativa. A prática usual para isolar genótipos desejáveis é o teste de progênies, o qual leva em média 12 anos para uma classificação provisória (Liyanage, 1967). Um aspecto compensador é que, desde que bons genótipos sejam identificados, eles podem ser usados por um longo período, mais de 60 anos (Liyanage, 1967). A maioria dos caracteres de interesse agrônomo são de herdabilidade alta e intermediária e que a seleção sobre esses caracteres é eficiente (Liyanage & Sakai, 1960).

O estudo da variação em plantas cultivadas é um pré-requisito essencial para a identificação de cultivares superiores. E embora métodos para estimar a variabilidade genética estejam disponíveis para culturas anuais, tais procedimentos não têm sido padronizados em culturas perenes como o coqueiro (Raveendra et al., 1987).

A divergência genética entre variedades ou populações é, em geral, desconhecida e o meio mais comumente usado para determinar o seu nível, empiricamente, é pelo cruzamento entre esses materiais (Hallauer & Miranda Filho, 1981).

Inferências a respeito da divergência genética podem ser feitas a partir da heterose ou da capacidade específica de combinação, manifestado numa série de cruzamentos. Os modelos utilizados para suas estimativas possuem o inconveniente de requerer um grande número de cruzamentos, o que tornaria oneroso, demorado e de difícil execução com a cultura do coqueiro.

Uma medida de divergência genética entre essas populações que possa ser obtida antes que os cruzamentos sejam efetuados permite ao melhorista concentrar esforços naquelas combinações que apresentem maiores chances de sucesso (Maluf & Ferreira, 1983). Uma maneira para a predição da divergência genética é aquela que relaciona as diferenças dos pais com o desempenho dos híbridos e é avaliada por medidas de similaridade ou de dissimilaridade (Ferreira, 1993).

Uma metodologia bastante utilizada de se estimar a divergência genética são as técnicas de análise multivariada ou associações entre elas, como por exemplo variáveis canônicas e distâncias multivariadas (Cruz, 1990). Essa associação tem a finalidade de reduzir o número de variáveis e conseqüentemente de simplificar a obtenção das distâncias

multivariadas, cuja eficiência aumenta com a quantidade de variação que essas novas variáveis explicam em relação à variação existente nos caracteres originais (Ferreira, 1993). A utilização da técnica multivariada permite ao melhorista que a avaliação do material genético seja feita sobre um conjunto de características que combina as múltiplas informações contidas na unidade experimental. Desse modo, é possível selecionar materiais mais promissores e avaliar a sua divergência, levando em consideração a contribuição e a importância relativa dos caracteres para a variância total existente entre as populações (Oliveira, 1989).

Entre as técnicas multivariadas disponíveis, as variáveis canônicas e a análise de agrupamento a partir das distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ) têm sido as mais usadas na avaliação de divergências genéticas em várias espécies (Maluf & Ferreira, 1983; Maluf et al., 1983; Oliveira, 1989; Cruz, 1990; Resende, 1991; Ferreira, 1993). Esses autores encontraram concordância satisfatória entre as combinações mais divergentes e os híbridos superiores.

Ferreira & Duarte (1992) estudando a eficiência de técnicas multivariadas em soja, recomendam a sua utilização, por considerar a correlação existente entre as variáveis dependentes e por apresentar uma solução única em relação ao caso univariado.

Maluf et al. (1983), encontraram correlação de 0,89 entre a heterose para produção, manifestado nos híbridos  $F_1$  de tomate e as distâncias de Mahalanobis, mostrando que essa técnica pode ser utilizada de modo eficiente para tal propósito.

Balakrishnan & Namboodiri (1987) estudando a divergência genética em populações de coqueiro-gigante, em 17 caracteres avaliados, por meio das distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ), constataram ser a técnica eficiente na discriminação de materiais genéticos e na escolha de parentais divergentes para exploração do vigor de híbrido em cruzamentos específicos e concluíram ainda que apenas três caracteres tiveram a maior contribuição para a divergência total, sendo um deles o peso de albúmen, que também neste trabalho foi um dos caracteres de maior contribuição.

Entre os métodos de dissimilaridade, a distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) tem sido bastante utilizada nas análises de agrupamento, dos quais os mais comuns

são os hierárquicos, que usam a menor distância entre indivíduos e é denominado método do vizinho mais próximo (Ferreira, 1993), cujos indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma.

A técnica das variáveis canônicas é um processo utilizado para a avaliação do grau de similaridade entre as populações, levando em consideração tanto a matriz de soma de quadrados e produtos residuais quanto a de soma de quadrados e produtos entre médias fenotípicas dos caracteres avaliados (Cruz, 1990). Essa técnica, em estudos de divergência genética, além de possibilitar a identificação de grupos similares, à semelhança da técnica dos componentes principais, apresenta a vantagem de manter o princípio de conglomeração com base na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando ainda as correlações residuais existentes entre as médias das populações (Resende, 1991).

Essas técnicas auxiliam os melhoristas na definição da manutenção desses germoplasmas em bancos ativos, na conservação e avaliação, bem como permite identificar aquelas populações com maior potencial a ser explorado na obtenção de híbridos.

Este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a divergência genética entre as populações de coqueiro-gigante, utilizando-se técnicas de análise multivariada.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisadas cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil das seguintes localizações geográficas: Pacatuba, Sergipe ( $10^{\circ}27'11''S$  e  $36^{\circ}38'50'' W. Gr.$ ), Praia do Forte, Bahia ( $12^{\circ}31'47''S$  e  $38^{\circ}18'0'' W. Gr.$ ), Merepe, Pernambuco ( $8^{\circ}23'0''S$  e  $35^{\circ}3'20'' W. Gr.$ ), Santa Rita, Pernambuco ( $7^{\circ}50'45''S$  e  $34^{\circ}50'40'' W. Gr.$ ) e São José do Mipibu, Rio Grande do Norte ( $5^{\circ}47'42''S$  e  $35^{\circ}12'34'' W. Gr.$ ). Todas essas populações foram anteriormente prospectadas, identificadas e selecionadas como legítimas da variedade gigante, de acordo com os critérios de legitimidade (idade superior a 60 anos) e homogeneidade (isolamento de, pelo menos, 500 metros) (Ribeiro & Siqueira, 1995).

Foram coletados três frutos com idade aproximada de 12 meses em 96 plantas de cada população. Os frutos foram mantidos em galpões com ventilação livre durante 21 dias para complementação da maturação e secagem da

fibra, e em seguida procedeu-se a análise dos componentes do fruto utilizando-se as seguintes características: pesos de fruto, de noz, de noz sem água, de albúmen, de coque, de água, de casca e de copra, em gramas; porcentagem de albúmen e de copra no fruto sem água; porcentagem de matéria seca no albúmen; relações de pesos entre: noz/fruto, coque/noz, albúmen/noz, água/noz e copra/noz; diâmetro polar e diâmetro equatorial, em centímetros; e índice polar equatorial. As avaliações foram realizadas na Embrapa-Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros (CPATC).

Os dados desses caracteres foram inicialmente submetidos à análise de variância univariada do tipo entre e dentro. Em seguida, realizou-se a análise de variância multivariada para ajudar na interpretação e avaliação da variabilidade genética global existente entre as populações. O critério para concluir se houve diferença entre os vetores médios de populações foi o de Wilks (Pimentel-Gomes, 1990), com base na estatística ( $\Lambda$ ) dada pela expressão:

$$\Lambda = \frac{|E|}{|E + H|},$$

onde:  $|E|$ : é o determinante da matriz de soma de quadrados e produtos referente ao erro experimental;  $|H+E|$ : é o determinante da soma das matrizes de soma de quadrados e produtos referente ao erro experimental e populações. A distribuição da estatística ( $\Lambda$ ) é bastante complexa e uma alternativa para se avaliar a significância é a sua transformação para F (Pimentel-Gomes, 1990). Essas análises preliminares permitiram avaliar a divergência entre as populações de forma univariada para cada caráter, e de forma global, pela análise de variância multivariada.

Realizou-se análise multivariada mediante as variáveis canônicas e as distâncias de Mahalanobis ( $D^2$ ), com base nos 19 caracteres avaliados.

As variáveis canônicas foram obtidas a partir da análise de variância multivariada, na qual encontraram-se as matrizes de soma de quadrados e produtos residuais E e a soma de quadrados e produtos H relativa a populações. Essa técnica consiste em reduzir os p caracteres a um novo conjunto, que são não correlacionados entre si.

As variáveis canônicas podem ser representadas da seguinte forma:

$$Y_1 = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1p}X_p$$

$$Y_2 = a_{21}X_1 + a_{22}X_2 + \dots + a_{2p}X_p$$

.

.

$$Y_p = a_{p1}X_1 + a_{p2}X_2 + \dots + a_{pp}X_p$$

onde:

$a_{ij}$ : é o elemento do primeiro autovetor associado a  $i$ -ésima variável canônica;

$X_i$ : é a  $i$ -ésima variável dependente observada na unidade experimental;

$p$ : é o número de variáveis dependentes observados na unidade experimental;

$i = 1, 2, \dots, p$ .

Para se determinar os autovalores ( $\lambda$ ) e os autovetores ( $a$ ) associados, basta resolver o sistema indeterminado de equações:

$$(H - \lambda_i E)a_i = 0.$$

As correlações entre as variáveis canônicas e os caracteres foram estimados para facilitar o descarte dos redundantes. O descarte dos caracteres redundantes foi feito com base na análise das variáveis canônicas selecionadas, ou seja, as que explicaram um mínimo de 90% da variação disponível. O critério utilizado foi o de descartar os caracteres que não apresentam correlações significativas com nenhuma das variáveis canônicas selecionadas.

A partir da obtenção das matrizes de soma de quadrados e produtos residual  $E$  e  $a$  de soma de quadrados de produtos  $H$ , relativo a populações, obtiveram-se as 19 variáveis canônicas. Para a interpretação da divergência foi utilizado o método do vizinho mais próximo (Johnson & Wichern, 1982).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância univariada houve diferenças significativas entre populações ( $p < 0,01$ ) na maioria dos caracteres avaliados, exceto em relação à porcentagem de copra no fruto sem água (Tabela 1), indicando que, a princípio, as populações são divergentes. E por meio da análise de variância multivariada obteve-se  $\Lambda = 0,0002557$ , correspondente a um  $F$  de 171,68, o qual foi significativo ( $p < 0,01$ ), confirmando o resultado da análise univariada e indicando haver divergência genética entre as populações.

Para as comparações múltiplas foi realizado o processo das variáveis canônicas, obtendo-se os autovalores associados às variáveis canônicas com base nos 19 caracteres, bem como as variâncias em porcentagem individuais e acumuladas (Tabela 2). Pode-se observar que as três primeiras variáveis canônicas explicam 95,12% da variação total, sen-

do assim utilizadas para a identificação dos caracteres de menor importância.

Pelos coeficientes de correlação, que indicam a contribuição parcial de cada caráter para a divergência total entre os 19 caracteres e as três variáveis canônicas de maior importância, apenas quatro caracteres apresentaram correlações significativas com essas variáveis canônicas: peso de noz, peso de albúmen sólido, diâmetro equatorial e porcentagem de albúmen sólido no fruto sem água (Tabela 3), indicando que esses caracteres tiveram a maior contribuição para a divergência total e, conseqüentemente, a maior contribuição para a discriminação das populações.

Os 15 caracteres que não apresentaram correlações significativas com qualquer das três variáveis canônicas selecionadas foram descartados, pois eles tiveram pouca contribuição para a divergência total. Isso provavelmente porque esses caracteres são correlacionados com outros e, quando avaliados em conjunto, na análise multivariada, tais diferenças individuais se tornam redundantes, uma vez que esses caracteres estão representados indiretamente por outros.

A partir dos quatro caracteres remanescentes, foram obtidas novas variáveis canônicas cujas variâncias (autovalores), variância percentual e variância acumulada estão apresentadas na Tabela 4. Pôde-se verificar que com três variáveis canônicas acumula-se um total de 99,88% da variação contida nos caracteres originais. Isso leva a um ganho adicional de 4,76% em relação às obtidas anteriormente, com base nos 19 caracteres (Tabela 2).

A partir dos autovetores associados às variáveis canônicas principais foram obtidos os escores das cinco populações. A dispersão gráfica dos escores, das duas variáveis canônicas principais, é apresentada na Fig. 1. Os escores foram plotados em um espaço bidimensional, onde a distância desses pontos é proporcional ao grau de dissimilaridade entre as populações. Subjetivamente as populações podem ser agrupadas em três conjuntos: o primeiro com a população de Santa Rita, o segundo com a população de Merepe e o terceiro com as populações de São José do Mipibu, Pacatuba e Praia do Forte.

**TABELA 1. Resumo das análises de variância dos 19 caracteres obtidos na avaliação das cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil. Aracaju, Sergipe, 1996.**

Caracteres	Quadrados médios	
	Entre	Dentro
Peso de fruto (PF)	5347762,467**	145102,699
Peso de noz (PN)	680363,413**	17478,682
Peso de noz sem água (PNSAg)	247247,248**	7868,751
Peso de albúmen (PA)	88880,524**	3131,667
Peso de coque (PE)	49043,577**	2269,040
Peso de casca (PC)	2333868,600**	86171,613
Peso de água (PAg)	129094,867**	2835,269
Peso de copra (Pco)	33949,665**	1303,607
% de matéria seca no albúmen (%MS)	358,293**	16,978
% de copra no fruto sem água (Q)	24,055	10,408
% de albúmen no fruto sem água (R)	193,680**	23,242
Relação copra/noz (Co/N)	99,344**	15,440
Relação água/noz (Ag/N)	901,267**	21,390
Relação coque/noz (E/N)	433,179**	23,341
Relação albúmen/noz (A/N)	203,433**	26,787
Relação noz/fruto (N/F)	291,633**	48,406
Diâmetro polar (DP)	191,644**	4,840
Diâmetro equatorial (DE)	144,529**	2,157
Índice polar/equatorial (I)	0,416**	0,014

\*\* Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade.

**TABELA 2. Variâncias das variáveis canônicas obtidas a partir dos 19 caracteres mensurados em cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil. Aracaju, Sergipe, 1996.**

Variáveis canônicas	Variância (autovalor)	Variância percentual (%)	Variância percentual acumulada (%)
1	0,6933	40,82	40,82
2	0,5075	20,88	70,70
3	0,4147	24,42	95,12
4	0,0000	4,87	99,98
5	0,0002	0,00	99,98
6	0,0000	0,01	99,99
7	0,0001	0,00	99,99
8	0,0001	0,01	100,00
9	0,0000	0,00	100,00
10	0,0000	0,00	100,00
11	0,0000	0,00	100,00
12	0,0000	0,00	100,00
13	0,0000	0,00	100,00
14	0,0000	0,00	100,00
15	0,0000	0,00	100,00
16	0,0000	0,00	100,00
17	0,0000	0,00	100,00
18	0,0000	0,00	100,00
19	0,0000	0,00	100,00

A dispersão gráfica dos escores pode ser utilizada numa primeira interpretação das divergências genéticas entre as populações. E a distribuição das populações no gráfico de dispersão (Fig. 1) permite identificar como menos divergentes entre si as populações de Pacatuba, Praia do Forte e São José do Mipibu, e como mais divergente a população de Santa Rita, principalmente em relação à população de Merepe.

A Fig. 2 apresenta o dendrograma para o agrupamento hierárquico pelo método do vizinho mais próximo com base nas distâncias de Mahalanobis. Observa-se que as populações de Pacatuba e de Merepe formaram um mesmo grupo, enquanto as demais, São José do Mipibu, Praia do Forte e Santa Rita, formaram grupos isolados. A população de Santa Rita foi a que apresentou maior dissimilaridade, principalmente em relação às populações de Merepe e de Pacatuba.

Comparando-se os resultados da dispersão gráfica dos escores das variáveis canônicas (Fig.1) e do dendrograma a partir das distâncias de

**TABELA 3. Coeficiente de correlação entre os 19 caracteres e as três variáveis canônicas principais, ou seja, aquelas que explicam mais de 95% da variação total. Aracaju, Sergipe, 1996.**

Caracteres	Variáveis canônicas		
	1	2	3
Peso de fruto (PF)	0,7234	0,6690	0,1645
Peso de noz (PN)	0,1360	0,9800**	-0,0113
Peso de noz sem água (PNSAg)	0,3390	-0,5161	-0,7865
Peso de albúmen (PA)	-0,3162	0,9043*	0,2370
Peso de coque (PE)	0,7530	-0,4489	-0,4001
Peso de casca (PC)	0,3442	0,7560	0,5581
Peso de água (PAg)	0,3662	-0,5867	-0,6957
Peso de copra (PCo)	0,4529	-0,4367	0,7265
% de matéria seca no albúmen (%MS)	0,7635	-0,3116	0,5534
% de copra no fruto sem água (Q)	0,0629	-0,5386	0,3111
% de albúmen no fruto sem água (R)	-0,0500	0,3814	-0,9217*
Relação copra/noz (Co/N)	0,3138	-0,6493	0,4291
Relação água/noz (Ag/N)	0,2895	0,3539	-0,3991
Relação coque/noz (E/N)	0,8053	-0,4557	-0,3269
Relação albúmen/noz (A/N)	0,4534	0,7013	0,3246
Relação noz/fruto (N/F)	-0,0286	-0,7985	-0,4869
Diâmetro polar (DP)	0,1696	0,5624	-0,7464
Diâmetro equatorial (DE)	0,9613**	-0,1970	-0,1511
Índice polar/equatorial (I)	-0,5440	0,5482	-0,5307

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

**TABELA 4. Variância das variáveis canônicas obtidas a partir dos quatro caracteres selecionados em cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil. Aracaju, Sergipe, 1996.**

Variáveis canônicas	Variâncias (autovalores)	Variância percentual (%)	Variância percentual acumulada (%)
1	57,48	70,99	70,99
2	21,05	26,00	96,99
3	2,34	2,89	99,88
4	0,10	0,12	100,00

Mahalanobis (Fig. 2), obteve-se concordância entre os dois métodos e observou-se que a população de Santa Rita foi a mais divergente.

Balakrishnan & Namboodiri (1987), utilizando as distâncias de Mahalanobis para o estudo da divergência genética entre ecótipos de coqueiro gigante, avaliaram 17 caracteres, tomando dados vegetativos, reprodutivos e de frutos, e verificaram que apenas três deles tiveram a maior contribuição para a divergência total: número de flores femininas por inflorescência, teor de copra e peso de albúmen sólido. Embora esses autores não tenham utilizado nenhuma técnica para descarte de variáveis, houve concordância entre seus resultados e os obtidos no presente trabalho, no que se refere ao peso de albúmen sólido.

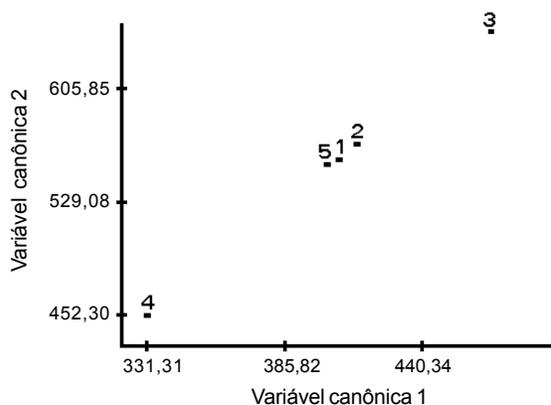


FIG. 1. Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas mais importantes, para as cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil (1: Pacatuba; 2: Praia do Forte; 3: Merepe; 4: Santa Rita; 5: São José do Mipibu). Aracaju, Sergipe, 1996.

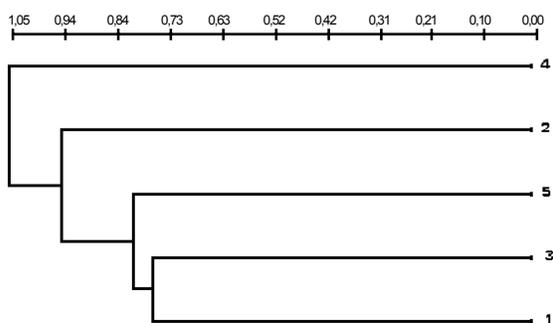


FIG. 2. Dendrograma representativo da divergência genética entre cinco populações de coqueiro-gigante-do-brasil, obtido pelo método do vizinho mais próximo, a partir da distância de Mahalanobis (1: Pacatuba; 2: Praia do Forte; 3: Merepe; 4: Santa Rita; 5: São José do Mipibu). Aracaju, Sergipe, 1996.

Tais informações poderão ser úteis em programas de melhoramento genético da cultura visando à obtenção de híbridos – em que poderão ser recomendadas principalmente as combinações entre as populações de Santa Rita e Merepe, por apresentarem maior divergência genética entre si e boa composição de fruto –, bem como servir de orientação na escolha das populações mais adequadas para se aplicar métodos de seleção massal.

## CONCLUSÕES

1. As cinco populações são divergentes entre si e a população de Santa Rita é a mais distante geneticamente, principalmente em relação à população de Merepe, enquanto as populações de São José do Mipibu e de Praia do Forte apresentam distâncias intermediárias.

2. As técnicas de medidas de divergência genética, variáveis canônicas e distâncias de Mahalanobis são úteis e concordantes na avaliação de divergência genética em coqueiro.

3. Dos 19 caracteres avaliados, apenas quatro: peso de noz, peso de albúmen, diâmetro equatorial e porcentagem de albúmen no fruto sem água, têm maior contribuição para a variação total.

## REFERÊNCIAS

- BALAKRISHNAN, P.C.; NAMBOODIRI, K.M.N. Genetic divergence in coconut. *Indian Coconut Journal*, Ernakulam, v.18, n.3, p.13-19, 1987.
- BOURDEIX, R. *La selection du cocotier Cocos nucifera L. etude theorique et pratique optimisation des strategies d'amelioration genetique*. Paris: Université de Sud Centre D'orsay, 1989. 193p. These de Doctorat.
- CRUZ, C.D. *Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 188p. Tese de Doutorado.
- FERREIRA, D.F. *Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos*. Lavras: UFLA, 1993. 72p. Dissertação de Mestrado.
- FERREIRA, D.F.; DUARTE, G. de S. Eficiência da análise de variância multivariada comparada à análise de variância univariada em experimentos com soja. *Ciência e Prática*, Lavras, v.16, n.2, p.229-232, 1992.
- GASCON, J.P.; NUCÉ de LAMOTHE, M. de. Amelioration du cocotier: Methode et suggestions pour une coopération internationale. *Oleagineux*, Paris, v.31, n.11, p.479-481, 1976.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State Univ. Press, 1981. 468p.

- JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, 1982. 594p.
- LIYANAGE, D.V. Identification of genotypes of coconut palms suitable for breeding. **Experimental Agriculture**, New York, v.3, n.3, p.205-210, 1967.
- LIYANAGE, D.V.; SAKAI, K.I. Heritabilities of certain yield characters of the coconut palm. **Journal of Genetic**, v.57, p.245-252, 1960.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.1, n.2, p.31-34, 1983.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and with relationship with heterosis for yield in F<sub>1</sub> híbridos. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.6, n.3, p.453-460, 1983.
- OLIVEIRA, E.J. de. **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa: UFV, 1989. 91p. Dissertação de Mestrado.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 13.ed. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 467p.
- RAVEENDRA, T.S.; RAMANATHAN, T.; NALLATHAMBI, G.; VIJAYARAGHAVAN, H. Metrograph analysis in coconut (*Cocos nucifera* L.). **Cocos**, Sri Lanka, v.5, p.32-38, 1987.
- RESENDE, R.M.S. **Aplicação de técnicas de análise multivariada e eletroforese de isoenzimas em estudos de relações genéticas no gênero *Laelia* seção *Parviflorae***. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 130p. Dissertação de Mestrado.
- RIBEIRO, F.E.; SIQUEIRA, E.R. de. **Introdução, coleta e conservação de germoplasma de coqueiro no Brasil**. Aracaju: Embrapa-CPATC, 1995. 15p. (Embrapa-CPATC. Documentos, 3).
- SIQUEIRA, E.R.; FRANÇA-DANTAS, M.S. **Melhoramento genético do coqueiro**. Aracaju: Embrapa-UEPAE de Aracaju, 1984. 19p. (Embrapa-UEPAE de Aracaju. Documentos, 2).