

COMUNICAÇÃO CIENTÍFICA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE PESSEGUEIRO EM ZARAGOZA, ESPANHA¹

AMÉRICO WAGNER JÚNIOR², CLAUDIO HORST BRUCKNER³, CELIA MARÍA CANTÍN⁴,
MARÍA ANGELES MORENO SÁNCHEZ³, COSME DAMIÃO CRUZ²

RESUMO – O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética entre 17 populações de pessegueiro, discriminando os caracteres mais importantes na avaliação da divergência genética de características de qualidade do fruto com base em procedimentos multivariados. Os trabalhos foram desenvolvidos na Estação Experimental de Aula Dei do Consejo Superior de Investigaciones Científicas (EEAD-CSIC), Zaragoza – Espanha. Foram analisados 687 indivíduos, pertencentes a 17 populações de pessegueiro. Foram avaliadas as seguintes características: produção; número de frutos por planta; peso por fruto; coloração da epiderme; firmeza de polpa; diâmetros sutural, equatorial e polar; relação diâmetro polar/diâmetro sutural; teor de sólidos solúveis totais dos frutos; pH; acidez total titulável; relação entre teor de sólidos solúveis totais da polpa e acidez total titulável. Das características avaliadas, as que mais contribuíram para a divergência genética foram produção, número de frutos por planta e peso por fruto. Recomendou-se a realização de cruzamentos entre os genótipos superiores da população VADAC 0055 com os das populações VADAC 0027, VADAC 0036, VADAC 0063 e VADAC 0065.

Termos para indexação: Variabilidade, *Prunus persica*, melhoramento do pessegueiro.

GENETIC DIVERGENCE AMONG PEACH TREE PROGENIES FROM ZARAGOZA, SPAIN

ABSTRACT – This study aimed to evaluate the genetic diversity among seventeen peach progenies and 687 seedlings. The most important characteristics in the genetic divergence evaluation of fruit quality traits were calculated by using a multivariate analysis. Trials were carried out at the Experimental Station of Aula Dei (CSIC), Zaragoza – Spain. Traits such as yield, fruit number per tree, fruit weight, epidermis coloration, firmness, fruit height, suture diameter (SD), cheek diameter (CD), CD/SD ratio, soluble solids content (SSC, °Brix), pH, titratable acidity (TA) and SSC/TA index, were evaluated. Yield, fruit number per tree and fruit weight was the characteristics that contributed the most for genetic divergence. Based on this evaluation, hybridizations between superior genotypes from VADAC 0055, VADAC 0027, VADAC 0036, VADAC 0063 and VADAC 0065 populations were recommended.

Index terms: Variability, *Prunus persica*, peach breeding.

¹(Trabalho 058-10). Recebido em: 25-02-2010. Aceito para publicação em: 15-08-2010.

²Professor. Universidade Tecnológica Federal do Paraná – Câmpus Dois Vizinhos, Dois Vizinhos – PR. e-mail: americowagner@utfpr.edu.br

³Professor. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG. e-mail: bruckner@ufv.br.

⁴Pesquisadora. Estação Experimental de Aula Dei (CSIC), Zaragoza – Espanha. e-mail: mmoreno@eead.csic.es, celia@eead.csic.es

A qualidade do fruto é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético do pessegueiro, tendo relação direta com as preferências de mercado e do consumidor. No pessegueiro, a qualidade refere-se a obter plantas produtivas, com frutos grandes e firmes, com ótimo sabor, coloração, forma e textura. Porém, para que isso seja possível, dentro de qualquer programa de melhoramento, é necessária a realização de hibridações, envolvendo genótipos parentais superiores e com ampla base genética, aumentando-se assim a probabilidade de obter híbridos com bom desempenho para as características desejadas pelo melhorista.

Têm-se como alternativas à escolha dos genótipos parentais superiores a análise do seu comportamento isolado e/ou do resultado dos cruzamentos dialélicos. Contudo, a utilização dos cruzamentos dialélicos necessita da realização de grande número de cruzamentos controlados e a condução de experimentos envolvendo grande número de híbridos, o que limita sua utilização (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2000).

A divergência genética, avaliada por meio de processos preditivos ou técnicas multivariadas, tem merecido destaque, uma vez que dispensa a obtenção de híbridos, como nas análises dialélicas, que requerem grande número de cruzamentos (MIRANDA et al., 2003; CRUZ et al., 2004). Neste sentido, o uso de medidas da divergência genética obtidas antes que qualquer cruzamento seja realizado, poderá auxiliar o melhorista a concentrar seus esforços nas combinações mais promissoras.

Os estudos a respeito de divergência genética fornecem parâmetros para a identificação de genitores favoráveis à obtenção de populações segregantes em programas de hibridação, que favorecem a seleção de genótipos superiores e, como consequência, a obtenção de populações geneticamente melhoradas (COSTA et al., 2006). Diferentes técnicas de estatística multivariada, como as análises dos componentes principais, das variáveis canônicas, e os métodos aglomerativos, citando-se o método de Tocher, têm sido utilizados nos estudos de divergência genética (DIAS, 1994; CRUZ, 2001).

Este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética entre 17 populações de pessegueiro, discriminando os caracteres mais importantes na avaliação da divergência genética de características de qualidade do fruto com base em procedimentos multivariados.

Os trabalhos foram desenvolvidos na Estação Experimental de Aula Dei, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (EEAD-CSIC), Zaragoza - Espanha, durante o período de maio a agosto de 2006.

Foram analisados 687 indivíduos, pertencentes a 17 populações de pessegueiro [*Prunus persica* (L.) Batsch], no ciclo produtivo 2006/2007. O número de indivíduos em cada população variou entre sete e noventa e três plantas (Tabela 1). Essas populações foram obtidas a partir de cruzamentos dirigidos, realizados nos anos de 2000, 2001 e 2002, provenientes do programa de melhoramento genético de pessegueiro da citada instituição, em colaboração com a empresa Agromillora Catalana S.A.

As populações foram plantadas, a campo, em 2002, em espaçamento de 4,0m x 2,5m, identificadas pelo ano e número do cruzamento. Práticas culturais de rotina foram empregadas durante o período do experimento, exceção para o raleio dos frutos. As plantas do experimento estavam em solo calcário, com 33% de carbonato de cálcio total, 8% de CaO, pH em água 8,4 e textura francoargilosa.

De cada genótipo, coletaram-se todos os frutos que apresentavam o máximo desenvolvimento, e a coloração de fundo da epiderme passando de verde para verde-amarelada ou branco-creme (CANTILLANO; SACHS, 1984). Depois de coletados, os frutos foram levados para laboratório de análise de frutos, caracterizando-os de acordo com sua tipologia (Tabela 1) e pesados para a obtenção da produção por planta (kg), em balança digital. Através do quociente entre a produção por planta e o número de frutos colhidos, obteve-se a massa média do fruto (g). A tipologia de cada genótipo foi caracterizada de acordo com a variedade botânica apresentada, podendo ser pêssego, nectarina ou pento, sendo este último também conhecido como pêssego-chato.

Foram separadas amostras constituídas por 15 frutos, sendo, posteriormente, avaliadas as características de coloração da epiderme (% de vermelho da casca); firmeza de polpa (libras); diâmetros sutural, equatorial e polar (mm); relação diâmetro polar/diâmetro sutural; teor de sólidos solúveis totais dos frutos (°Brix); pH; acidez total titulável (expressa em equivalente grama de ácido málico por 100 g de peso fresco); relação entre teor de sólidos solúveis totais da polpa e acidez total titulável.

A coloração da epiderme foi avaliada através de notas, variando de 0 a 100% de vermelho na epiderme. A firmeza foi determinada em faces opostas, na região equatorial de cada fruta, realizada em 5 frutas por planta, após a remoção da epiderme, através de penetrômetro manual Effe-Gi, modelo FT-011, ponteira de 8 mm de diâmetro, colocado em suporte metálico adaptado. Utilizou-se paquímetro digital, marca Mitutoyo DL-10, para as avaliações dos diâmetros sutural (distância máxima transversal do fruto, desde a sutura até a parte oposta), equatorial

(distância máxima transversal do fruto, medida perpendicularmente à zona da sutura, ou seja, a distância entre as duas partes centrais das duas faces do fruto) e polar (distância do pedúnculo até o ápice) (mm) (CAILLAVET; SOUTY, 1950). O teor de sólidos solúveis totais dos frutos foi analisado no suco retirado manualmente das faces opostas da região equatorial de cada fruto, por meio de refratômetro digital ATAGO (Paleta PR-101). Para a análise da acidez e pH, separaram-se amostras de polpa de 10 frutos, sem epiderme, trituradas em batedeira mix para frutas. Em seguida, retiraram-se 10 mL deste suco e acrescentaram-se 90 mL de água destilada. A partir desta solução, avaliou-se o pH com auxílio do pH-metro Cristol Microph 2001. Posteriormente, para a determinação da acidez, a solução foi titulada com NaOH 0,1N até atingir valor de pH 8,1. Para expressar a acidez em g de ácido málico por 100 mL de suco, realizou-se o seguinte cálculo (AOAC, 1996):

g de ácido málico/100 mL =

$$\frac{6,7 \times N \text{ NaOH} \times V \text{ NaOH}}{V \text{ amostra}}$$

Foi analisada a divergência genética entre as 17 populações estudadas, com base na técnica dos componentes principais, descrita por Cruz et al. (2004). Essas populações também foram avaliadas quanto à análise de agrupamento através dos métodos de Tocher e vizinho mais próximo, utilizando-se como medida de dissimilaridade à distância de Mahalanobis (CRUZ et al., 2004). Para as análises univariada e multivariada, não foram utilizadas as médias obtidas com indivíduos da variedade botânica *platycarpa*, também conhecidos como pêssegos-chatos ou peentos, pertencentes à população VADAC 0055.

A análise dos componentes principais (Tabela 2) demonstrou que a utilização das três primeiras variáveis foi suficiente para explicar mais de 80% da variação obtida nas dezessete populações. Quando os primeiros componentes acumularem porcentagem relativamente alta da variação total, em geral, referida como acima de 80%, eles podem explicar, satisfatoriamente, a variabilidade manifestada entre os indivíduos avaliados, conduzindo a interpretação do fenômeno com considerável simplificação (CRUZ, 1990; PAIVA, 1994).

A importância de um componente avalia-se por meio da porcentagem de variância total que ele explica. O primeiro componente, ou seja, a produção, definiu-se como sendo a característica de maior importância, uma vez que reteve a maior variação total (38,3%), encontrada nos dados originais (Tabela 2).

As características que contribuíram pouco ou praticamente nada para o estudo da divergência genética entre as populações foram diâmetros polar, sutural, equatorial, firmeza, porcentagem de vermelho e a relação DP/DS. Em função disso, neste estudo, por meio da dispersão gráfica dos escores, foram utilizados os três primeiros componentes principais, denominados produção, número de frutos por planta e peso por fruto (Figuras 1 e 2), já que foram as que mais contribuíram para explicar a variação obtida, conforme ressaltado anteriormente. Nestes gráficos, as populações foram representadas pelos mesmos números de identificação (Tabela 1).

Quando o objetivo é explorar o máximo efeito heterótico em cruzamentos controlados entre os mais divergentes, pode-se observar, nas Figuras 1 e 2, a formação de cinco e quatro grupos distintos, respectivamente. Avaliando-se os componentes principais de produção e o número de frutos por planta (Figura 1), denota-se que foi formado um grupo envolvendo as populações 7 (VADAC 0036), 13 (VADAC 0065), 14 (VADAC 0063) e 12 (VADAC 0027); um segundo grupo com a 1 (VADAC 0049), 4 (VADAC 0050), 5 (VADAC 0053), 8 (VADAC 0201), 16 (VADAC 0051) e 17 (VADAC 0052); outro com 3 (VADAC 0004), 6 (VADAC 0048), 9 (VADAC 9708) e 10 (VADAC 9711); o quarto grupo tendo as populações 15 (VADAC 0062) e 2 (VADAC 0045), e por último a população 11 (VADAC 0055). Relacionando-se os componentes principais de produção e o número de frutos por planta (Figura 2), obtiveram-se quatro grupos distintos, formados pelas populações 9 (VADAC 9708) e 10 (VADAC 9711); 3 (VADAC 0004), 6 (VADAC 0048), 15 (VADAC 0062) e 2 (VADAC 0045); 1 (VADAC 0049), 4 (VADAC 0050), 5 (VADAC 0053), 7 (VADAC 0036), 8 (VADAC 0201), 12 (VADAC 0027), 13 (VADAC 0065), 14 (VADAC 0063), 16 (VADAC 0051) e 17 (VADAC 0052), e por último o grupo formado pela 11 (VADAC 0055).

De acordo com Cruz et al. (2004), o processo de formação dos grupos através do método hierárquico do vizinho mais próximo é efetuado pelas sucessivas identificações das progênies mais próximas, a partir do par mais semelhante até o estabelecimento de um dendograma. Nesse método, a delimitação dos agrupamentos foi realizada por meio da análise visual do dendograma obtido (Figura 3), considerando-se a distância genética de 50% para a formação dos grupos.

Para a formação do dendograma pelo método do vizinho mais próximo, considerou-se a maior distância, 16,31 (obtida pela D^2) como 100% de distância. A maior divergência observada entre

as populações foi entre a 1 (VADAC 0049) e a 11 (VADAC 9708), pertencentes aos grupos I e VI, pelo método de Tocher (Tabela 3), e/ou grupos VIII e I, pelo método do vizinho mais próximo (Figura 3), demonstrando, assim, o maior potencial heterótico nessas duas combinações. A obtenção de informações sobre os padrões heteróticos existentes é essencial para maximizar o uso das fontes genéticas nos programas de melhoramento (SANTOS et al., 2001), possibilitando maiores ganhos durante o processo de seleção.

Através do método do vizinho mais próximo (Figura 3), foi possível observar a formação de 8 grupos distintos, tendo o Grupo I a população 11 (VADAC 0055); o Grupo II tendo as populações 3 (VADAC 0004) e 6 (VADAC 0048); o Grupo III a 9 (VADAC 9708); o Grupo IV a 10 (VADAC 9711); o Grupo V a 15 (VADAC 0062); o GRUPO VI com a 7 (VADAC 0036); o Grupo VII com VADAC 0027 (12), VADAC 0063 (14) e VADAC 0065 (13); no Grupo VIII com maior número, tendo as populações VADAC 0045 (2) e VADAC 0049 (1), VADAC 0201 (8), VADAC 0050 (4), VADAC 0051 (16), VADAC 0052 (17) e VADAC 0053 (5).

O agrupamento realizado pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, permitiu a individualização de 6 grupos mutuamente exclusivos (Tabela 3). Verificou-se que o maior número de populações pertenceu ao grupo I, com 6 das 17 populações analisadas, o que indica pequena divergência genética entre as mesmas. Apesar da diferença no número de grupos obtidos, houve certa similaridade na ordem de formação dos grupos, sendo que, em ambos, houve individualização da população 11 e da 9 com 10.

No agrupamento I, pelo método de Tocher, pode-se verificar, com auxílio da Tabela 1, que das seis populações agrupadas, quatro (VADAC 0053, VADAC 0201, VADAC 0051 e VADAC 0052) tinham o mesmo genitor materno 'Andross' e duas (VADAC 0049 e VADAC 0050), o genitor materno 'Babygold 9'. Além disso, dessas seis populações, duas tinham em comum o genitor paterno 'Crown Princess', o que pode explicar essa menor divergência observada entre elas.

Ainda com base na genealogia das populações, verificou-se que as populações 9 (VADAC 9708) e 10 (VADAC 9711), que foram agrupadas no mesmo grupo (Tabela 3), também possuem em comum o mesmo genitor feminino, 'Royal Glory'. Observação semelhante foi obtida com as populações 3 (VADAC 0004) e 6 (VADAC 0048), que possuem o mesmo genitor paterno, 'VAC-9511', e foram agrupados no grupo II (Figura 3 e Tabela 3).

A variabilidade genética é fundamental para que ocorra a evolução das espécies. É também nas populações com variabilidade genética que se procede à seleção de plantas com características de interesse agrônomico, como frutos maiores e mais saborosos, resistência a doenças e pragas. Constatou-se, no presente estudo, que houve certas diferenças entre as populações agrupadas pelo método de Tocher com os obtidos com o dendograma pelo método de agrupamento do vizinho mais próximo (Tabela 3 e Figura 3).

Carpentieri-Pípolo et al. (2000) recomendam a utilização de genótipos parentais com a maior divergência possível para maximizar a heterose nos híbridos, aumentar a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas e ampliar a base genética.

Das características avaliadas, as que mais contribuíram para a divergência genética foram produção, número de frutos por planta e peso por fruto. Recomenda-se a realização de cruzamentos entre os genótipos superiores da população VADAC 0055 com os das populações VADAC 0027, VADAC 0036, VADAC 0063 e VADAC 0065. Esse critério teve como base nos resultados de superioridade e divergência obtidos nas variáveis analisadas. Além disso, estes genótipos poderiam ser incorporados aos programas de melhoramento de pessegueiro brasileiro, como possíveis genitores, aumentando-se a variabilidade genéticas destes e aumentando as chances de obtenção de híbridos com frutos de qualidade.

TABELA 1 - Relação das populações, genealogia e variedade botânica dos indivíduos avaliados quanto à qualidade dos frutos, dentro do programa de melhoramento genético da Estación Experimental de Aula Dei (CSIC), Zaragoza - Espanha.

Identificação	População	Genitores*	Pêssego (n°)	Nectarina (n°)	Peento (n°)	Total
1	VADAC 0049	‘Babygold 9’ x ‘VAC-9510’	84	0	0	84
2	VADAC 0045	‘Red Top’ x ‘VAC-9513’	93	0	0	93
3	VADAC 0004	‘Rich Lady’ x ‘VAC-9511’	14	6	0	20
4	VADAC 0050	‘Babygold 9’ x ‘Crown Princess’	65	1	0	66
5	VADAC 0053	‘Andross’ x ‘Rich Lady’	38	0	0	38
6	VADAC 0048	‘VAC-9512’ x ‘VAC-9511’	18	7	0	25
7	VADAC 0036	‘Orion’ x ‘VAC-9510’	11	1	0	12
8	VADAC 0201	‘Andross’ x ‘Calante’	13	2	0	15
9	VADAC 9708	‘Royal Glory’ x ‘VAC-9518’	7	0	0	07
10	VADAC 9711	‘Royal Glory’ x ‘VAC-9519’	13	0	0	13
11	VADAC 0055	‘VAC-9520’ x ‘VAC-9517’	23	8	30	61
12	VADAC 0027	‘Venus’ x ‘BigTop’	0	58	0	58
13	VADAC 0065	‘O’Henry’ x ‘VAC-9515’	27	6	0	33
14	VADAC 0063	‘Mercil’ x ‘VAC-9514’	59	21	0	80
15	VADAC 0062	‘Mercil’ x ‘VAC-9516’	45	0	0	45
16	VADAC 0051	‘Andross’ x ‘Crown Princess’	18	0	0	18
17	VADAC 0052	‘Andross’ x ‘VAC-9511’	19	0	0	19
Total			547	110	30	687

*Alguns genitores utilizados foram identificados com as letras VAC (Variedades Agromillora Catalana), e as populações em fase de seleção foram identificadas como VADAC (Variedades Aula Dei Agromillora Catalana) mais quatro números (os dois primeiros indicam o ano do cruzamento, e os dois últimos, a combinação de genitores utilizados).

TABELA 2 – Estimativa dos autovalores e da proporção da variância explicada pelos componentes principais obtidos pela análise de caracteres avaliados, em 17 populações de pessegueiro provenientes do programa de melhoramento genético da Estación Experimental de Aula Dei (CSIC), Zaragoza - Espanha.

Componentes	Autovalores	% da variância	% acumulada
Produção	4,974896	38,2684305	38,2684305
Número de frutos por planta	3,8673189	29,7486072	68,0170377
Peso por fruto	1,9114638	14,7035679	82,7206055
TSS* fruto	0,9535471	7,3349778	90,0555833
pH	0,6071604	4,6704648	94,7260481
Acidez	0,3119002	2,3992323	97,1252804
Sólidos solúveis/acidez titulável	0,2439233	1,8763335	99,0016139
Diâmetro polar (DP)	0,0744197	0,572459	99,5740729
Diâmetro sutural (DS)	0,033165	0,2555112	99,829584
Diâmetro equatorial (DE)	0,0130927	0,100713	99,930297
Firmeza	0,0056093	0,0431485	99,9734455
Vermelho (%)	0,0034022	0,026171	99,9996166
DP/DS	0,0000498	0,0003834	100,0

*Teor de sólidos solúveis.

TABELA 3 – Agrupamento resultante da análise de conglomeração pelo método de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis, entre as 17 populações de pessegueiro provenientes do programa de melhoramento genético da Estación Experimental de Aula Dei (CSIC), Zaragoza – Espanha.

Grupo	Indivíduos
I	VADAC 0053 (5); VADAC 0052 (17); VADAC 0051 (16); VADAC 0201 (8); VADAC 0050 (4) e VADAC 0049 (1);
II	VADAC 0004 (3); VADAC 0048 (6) e VADAC 0063 (14)
III	VADAC 0027 (12); VADAC 0065 (13) e VADAC 0036 (7)
IV	VADAC 9708 (9) e VADAC 9711 (10)
V	VADAC 0045 (2) e VADAC 0062 (15)
VI	VADAC 0055 (11)

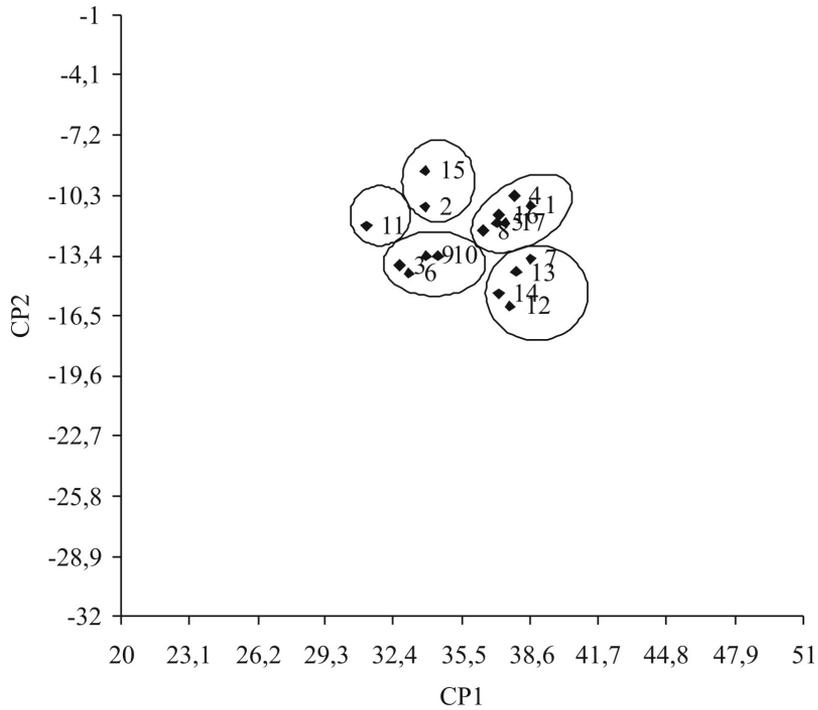


FIGURA 1 – Distribuição das 17 populações de pessegueiro avaliadas em relação aos componentes principais de produção (CP1) e número de frutos por planta (CP2).

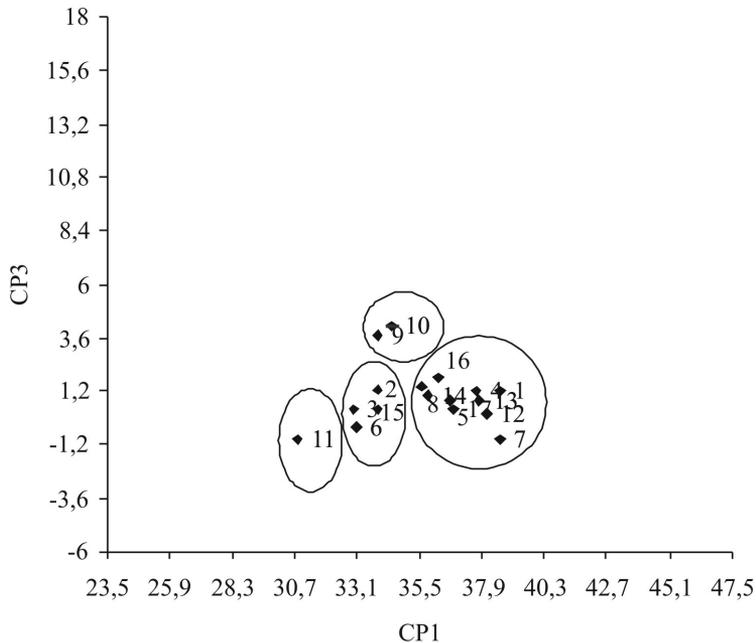


FIGURA 2 – Distribuição das 17 populações de pessegueiro avaliadas em relação aos componentes principais de produção (CP1) e peso por fruto (CP3).

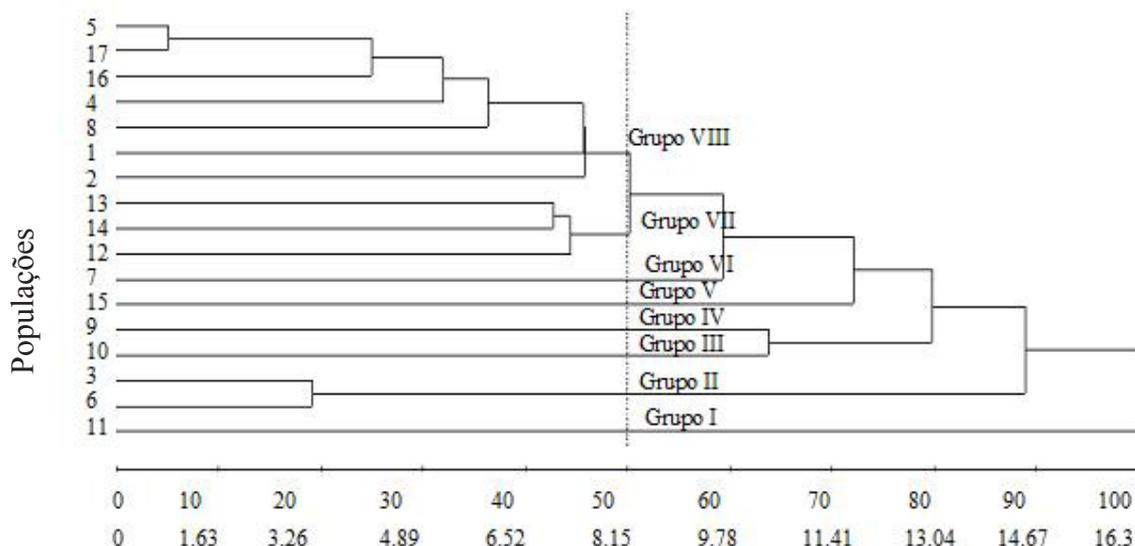


FIGURA 3 - Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 17 populações de pessegueiro, obtido pelo método do vizinho mais próximo, com base em 14 caracteres, utilizando-se da distância generalizada de Mahalanobis. No eixo X, foram representadas as porcentagens das distâncias entre as populações e, no eixo Y, foram representadas as 17 populações.

AGRADECIMENTOS

À equipe espanhola da Estación Experimental de Aula Dei, pela acolhida e auxílio na execução dos trabalhos. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio financeiro e pela concessão da bolsa para a realização do Doutorado-Sandwich.

REFERÊNCIAS

- AOAC. **Official methods of analysis of the Association of the Official Analytical Chemists International**. 16th ed. Washington: Patricia Cunniff, 1996. cap. 37.
- CAILLAVET, H.; SOUTY, J. Monographie des principales variétés de pêches. **ITEA**, v.37, p.18-26, 1950.
- CANTILLANO, R.F.F.; SACHS, S. Colheita, classificação, embalagem e armazenagem. In: EMBRAPA. **A cultura do pessegueiro**. Pelotas: Centro Nacional de Pesquisa em Fruteiras de Clima Temperado, 1984. p.113-119.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANNATTA, S.; SILVA, F.A. da. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1613-1619, 2000.
- COSTA, M.N.; PEREIRA, W.E.; BRUNO, R.L.A.; FREIRE, E.C.; NÓBREGA, M.B.M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A.P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n.11, p.1617-1622, 2006.
- CRUZ, C.D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES – versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Ed. UFV, 2001. 648 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.223-375.

DIAS, L.A.S. **Divergência genética e fenética multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. Piracicaba, 1994. 94f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba.. 1994.

MIRANDA, G.V.; COIMBRA, R.R.; GODOY, C.L.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MELO, A.V. de. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, p.681-688, 2003.

PAIVA, J.R. Divergência genética entre clones primários de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.4, p.607-615, 1994.

SANTOS, M.X.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; ANDRADE, R.V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, n.4, p.767-775, 2001.