

Obtenção dos descritores mínimos eficientes para mangueira pelo método de Ward

Adryellison Lemes de Campos, Sandra da Costa Preisigke, Leonarda Grillo Neves, Petterson Baptista da Luz, Marco Antonio Aparecido Barelli, Willian Krause

Universidade do Estado de Mato Grosso. Av. Santos Dumont, s/n, Santos Dumont, CEP 78200-000, Cáceres, MT, Brasil. E-mails: adryellison@hotmail.com, sandrapreisigke@hotmail.com, leonardaneves@unemat.br, petterbaptista@hotmail.com, marcobarelli@terra.com.br, krause@unemat.br.

Resumo: Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de otimizar o uso de descritores recomendados para a cultura da mangueira para determinação da diversidade genética. Foram utilizados 20 genótipos de mangueira cultivadas em pomares no município. Foram avaliados 64 descritores morfoagronômicos relacionados a características da árvore, folhas, flores/inflorescência, frutos, caroços/sementes. Foram empregadas análises por técnicas de agrupamento hierárquico de Ward. Os resultados ratificaram a importância do método de agrupamento utilizado para a identificação dos genótipos mostrando-se eficiente para futuro programa de melhoramento genético de mangueira. Também foi evidenciado que apenas a utilização das características de frutos é possível obter um discernimento eficiente dos diferentes genótipos avaliados. Os 20 genótipos de mangueira avaliados foram agrupados em dois grupos distintos de acordo com a técnica de análise multivariada baseados no agrupamento de Ward. A utilização de apenas 35 descritores de frutos é equivalente aos 64 descritores morfoagronômicos da mangueira, para estes genótipos estudados.

Palavras chave: *Mangifera indica* L, Identificação, Melhoramento genético.

Obtaining the minimum efficient descriptors for hose by Ward method

Abstract: This investigation was carried out aiming at the confection the minimum efficient descriptors by determining the similarity genetic to access de manga fruit by the methods of grouping of Ward. Twenty access to selected manga fruit were used. Sixty-four descriptors morfoagronomic were evaluated related to characteristics of the plant, leaves, flowers/ inflorescence, fruits, lumps/seeds. Clustering method by hierarchial method of Ward were employed. These results confirm the importance of the clustering method used in identifying access, showing be efficient for future on the study of genetic diversity and genetic resource management of manga fruit. It was also shown that only the use of fruit characteristics is possible to obtain an efficient discrimination of the different access. The 20 genotypes evaluated hose were grouped into two distinct groups according to the multivariate analysis technique based on the Ward clustering. The use of only 35 fruits descriptors is equivalent to the morphological descriptors of the hose 64, for these genotypes.

Key words: *Mangifera indica* L., Identification, Genetic breeding.

Introdução

A *Mangifera indica* L. (mangueira), pertencente à família Anacardiaceae, é uma árvore frutífera tropical cultivada no Brasil (Souza et al., 2012). Em 2010, a produção brasileira atingiu 1.197.694 toneladas de frutos em uma área de cerca de 75.416 hectares, segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística [IBGE], (2011). Considerando o volume exportado, a manga ocupa o terceiro lugar com 124.694 toneladas (Anuário Brasileiro de Fruticultura, 2011).

O estudo das características morfológicas das culturas é importante para se estimar a divergência genética do conjunto de cultivares disponíveis (Elias et al., 2007). Segundo Cruz et al. (2011), nos programas de melhoramento de plantas, a obtenção de informações quanto à diversidade genética é fundamental, pois permite quantificar a variabilidade genética da população e identificar genótipos geneticamente distantes que podem proporcionar a ampliação da base genética. Para Alves et al. (2012) A variabilidade genética, espontânea ou criada, é o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético de uma espécie.

Para fazer uma análise do poder discriminatório dos descritores é necessário analisar a contribuição dos descritores de forma conjunta (Cruz et al., 2004). Após as estimativas das distâncias são submetidos a métodos de

agrupamento.

Dentre as várias técnicas de agrupamento fundamentadas em matrizes de distâncias, o método de Ward é um dos mais utilizados. O procedimento de Ward consiste no agrupamento a partir das somas de quadrados dos desvios entre genótipos (Amaral et al. 2010). A estrutura final das classes é apresentada sobre a forma de um dendrograma que apresenta uma síntese objetiva dos resultados.

Diante do exposto os objetivos deste trabalho foram caracterizar morfológicamente 20 genótipos de *M. indica* e avaliar a diversidade genética pelo método de agrupamento de Ward para a confecção dos descritores mínimos eficientes.

Material e métodos

A pesquisa de campo foi realizada no município de Cáceres, MT, Brasil (entre as latitudes 15° 27' e 17° 37' S e as longitudes 57° 00' e 58° 48' W, a uma altitude de 118 m), em 2010 e 2011. O clima local é classificado como Aw, de acordo com Köppen, com precipitação total anual de 1.335 mm, a umidade relativa do ar foi de 78,50%, e temperatura média anual foi de 26,24° C (Neves et al., 2011). Foram pré-selecionadas 20 genótipos de *M. indica* adultas e produtivas, com diferentes nomenclaturas populares (Tabela 1).

Tabela 1 - Coordenadas geográficas dos genótipos de mangueira avaliados, localizada no município de Cáceres, Mato Grosso (2011).

Nº	Acesso	Local	Nº	Acesso	Local
1	Banana	Bairro D.N.E.R.	11	Keitt	EMPAER – Cáceres
2	Banana	Bairro Maracanãzinho	12	Keitt	EMPAER – Cáceres
3	Bourbon	Bairro Cidade Alta	13	Maça	Bairro D.N.E.R
4	Bourbon	Bairro Cidade Alta	14	Maça	Bairro Santo Dumont
5	Bourbon	Bairro Cidade Alta	15	Rosa	Bairro São Luiz
6	Coquinho	Bairro Maracanãzinho	16	Rosa	Bairro Centro (CEON)
7	Coquinho	Bairro D.N.E.R.	17	Tommy Atkins	Sítio Marivaldo
8	Espada	Bairro Rodeio	18	Tommy Atkins	Sítio Marivaldo
9	Espada	UNEMAT	19	Keitt	Sítio Marivaldo
10	Haden	EMPAER – Cáceres	20	Keitt	Sítio Marivaldo

Foram analisadas as seguintes características morfoagronômicas, segundo Mapa (2010):

a) Folha: coloração pela antocianina; comprimento do pecíolo; posição em relação ao ramo; simetria; comprimento; largura; razão; forma predominante; ondulação da borda; forma da base; forma do ápice.

b) Flor e Inflorescência: posição do eixo; comprimento; largura; forma; coloração do ráquis principal e secundário; pubescência nos ráquis; brácteas em forma de folha; tamanho; posição do estame em relação ao estilo; comprimento do estame fértil em relação ao estilo; coloração pela antocianina.

c) Fruto: comprimento; largura; razão comprimento/largura; forma; cor da epiderme; cerosidade; profundidade da cavidade peduncular; proeminência na base do pedicelo; base do pedicelo; forma da base ventral; forma da base dorsal; reentrância; profundidade da reentrância; protuberância próxima à cicatriz pistilar; forma da cicatriz pistilar; quantidade de látex no pedúnculo; cor predominante da epiderme; distribuição da coloração da casca; conspicuidade das lenticelas; densidade das lenticelas; tamanho das lenticelas; espessura da casca; peso da casca; aderência da casca polpa; cor principal da casca; suculência; peso da polpa; fibrosidade da polpa; quantidade de fibra aderida ao caroço; quantidade de fibra ligada à polpa abaixo da casca; firmeza da polpa; terembetina; sólidos solúveis; acidez; relação sólidos solúveis/acidez.

d) Semente e caroço: relevo da superfície do endocarpo; peso do caroço; comprimento da amêndoa em relação ao caroço; forma da amêndoa; embrionia.

e) Época de maturação e hábito de crescimento.

Para efeito de análise foram estabelecidas diferentes classes para cada uma das características avaliadas atribuindo-se a cada uma delas códigos.

As características foram mensuradas com um auxílio de uma régua milimetrada.

Na análise da diversidade genética foram empregados métodos multivariados, adotando com base em variáveis multicategóricas. Foi

realizada a análise de agrupamentos através do método hierárquico de Ward, utilizando a metodologia de variáveis multicategóricas (Cruz & Carneiro, 2003), através da equação:

$$d_{ij} = \frac{D}{C + D}$$

Em que:

dii = dissimilaridade considerando um conjunto de variáveis multicategóricas;

D = discordância de categoria;

C = concordância de categoria.

Para contornar os problemas eventuais de indeterminação nas condições em que o coeficiente é igual a "0", foi usado o inverso do coeficiente de semelhança, mais uma unidade adicionado (Cruz & Carneiro, 2003).

Foram construídas diversas matrizes e, posteriormente os dendrogramas. Inicialmente foi construída a matriz principal, a qual contém os 64 descritores, que serviu como referência para a análise dos dados. Posteriormente foram construídas, separadamente, as matrizes contendo apenas descritores de folhas, flores, frutos, sementes, árvore (época de maturação e hábito de crescimento). Para finalizar foram feitas combinações dois a dois, três a três e quatro a quatro dos descritores. Para a verificação do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma, foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (r), conforme Sokal & Rohlf, (1962).

Os dados foram analisados seguindo a metodologia de variáveis multicategóricas. Para contornar possíveis problemas de indeterminação provocados nas condições em que o coeficiente assume valor "0", foi utilizado o inverso do coeficiente de similaridade, acrescido de uma unidade, segundo Cruz & Carneiro (2003). Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

Resultados e discussão

Com base na matriz de dissimilaridade gerada pelas variáveis multicategóricas foi possível estabelecer a discriminação entre os genótipos. Em seguida foi elaborado um dendrograma pelo método de agrupamento de

Ward, onde os 20 genótipos foram alocados em seus devidos grupos.

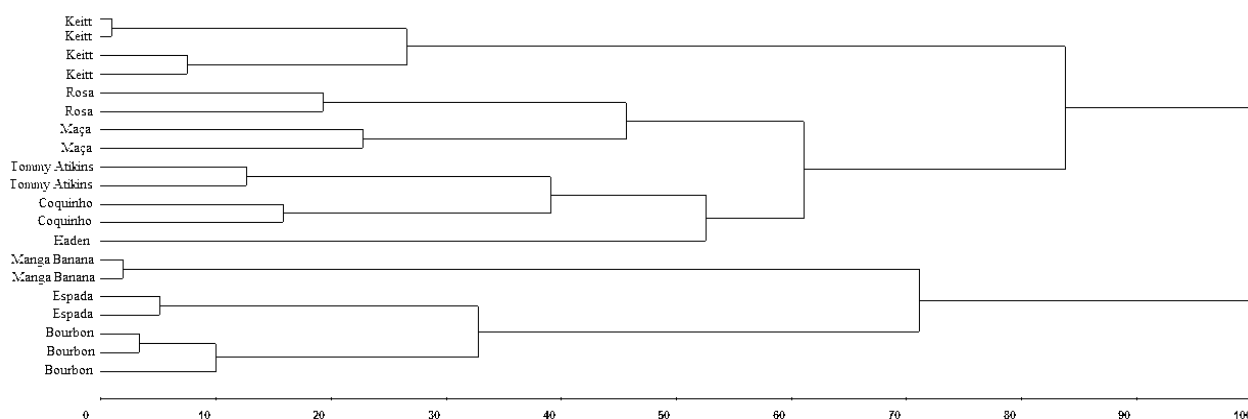
As distâncias de dissimilaridade de variáveis multicategóricas apontam as maiores dissimilaridades entre os genótipos Manga Banana (1) e Tommy Atkins (17); Keitt (12) e Rosa (16) ($d_{ij} = 0,766$), e as menores, entre os genótipos 1 e 2 (ambos Manga Banana), 19 e 20 (ambos Keitt) ($d_{ij} = 0,10$), o que significa que os genótipos 1, 17 e 12, 16 são geneticamente os mais divergentes. Verificou-se que os genótipos 1 e 2 bem como 19 e 20 foram mais similares.

A distância máxima para os descritores de frutos foi obtida entre os pares de genótipos Manga Banana (1) e Haden (10) e genótipos Manga Banana (2) e Haden (10) ($d_{ij} = 0,88$) e a mínima foi entre os pares 1 e 2 (ambos Manga Banana) e genótipos 19 e 20 (ambos Keitt) ($d_{ij} = 0,02$). Para Bertini et al. (2010), a distância genética máxima obtida indica os genótipos mais divergentes, e a distância mínima, os genótipos mais similares. Os genótipos Manga Banana (1) e

Haden (10) e genótipos Manga Banana (2) e Haden (10) foram mais divergentes em virtude de caracteres de frutos apresentarem um elevado contraste quando comparados com outros genótipos. Por outro lado, os genótipos Manga Banana (1) e Manga Banana (2) e genótipos Keitt (19) e Keitt (20) apresentaram a menor distância em virtude dos caracteres avaliados apresentarem baixo contraste. Os resultados encontrados quando foram avaliados somente os descritores de frutos foram similares aos resultados com os todos os descritores. Sendo que os genótipos 1 e 2 e os genótipos 19 e 20 mantiveram-se os mais similares.

A análise de agrupamento usando o procedimento hierárquico de Ward a partir dos 64 descritores permitiu a formação de dois grupos maiores (Figura 1). O primeiro grupo, denominado grupo I foi constituído pelos maiores números de genótipos, totalizando 13 genótipos, ou seja, 65% do total.

Figura 1 - Dendrograma obtido a partir de 64 caracteres agrônômicos (matriz principal), avaliados em 9 variedades de manga, através do método hierárquico de Ward.



No método de agrupamento hierárquico de Ward, o grupo I reuniu os genótipos Coquinho (6), Coquinho (7), Haden (10), Keitt (11), Keitt (12), Maça (13), Maça (14), Rosa (15), Rosa (16), Tommy Atkins (17), Tommy Atkins (18), Keitt (19), e Keitt (20). Devido ao grande número de genótipos no grupo I, formaram-se cinco subgrupos. O subgrupo I.A reuniu os genótipos 19, 20, 11 e 12. O subgrupo I.B reuniu os

genótipos 15 e 16. O subgrupo I.C reuniu os genótipos 13 e 14. O subgrupo I.D reuniu os genótipos 17 e 18. O subgrupo I.E reuniu os genótipos 6 e 7. Por fim, o acesso 10 forma o subgrupo I.F.

O segundo grupo formado, denominado grupo II, é composto por sete genótipos sendo Manga Banana (1), Manga Banana (2), Bourbon (3), Bourbon (4), Bourbon (5), Espada (8) e

Espada (9). Esse grupo reuniu genótipos de mangas provenientes de cultivares brasileiras. Segundo Pinto et al. (2004), as cultivares brasileiras são resultantes das introduções, efetuadas pelos portugueses, no século XVI, de genótipos filipínicos, geralmente, fibrosos e poliembriônicos. Já a maga rosa e a coquinho, apesar de serem cultivares brasileiras, apresentaram maiores similaridades com as cultivares americanas.

Segundo Miguel et al. (2011), objetivando identificar as variáveis que se associam às injúrias pelo frio e determinar as diferenças nos parâmetros de qualidade que melhor caracterizam mangas 'Tommy Atkins' submetidas à condição de injúria pelo frio, o método de agrupamento aplicado para identificar a similaridade entre grupos foi o de Ward, contribuindo para a discriminação dos mesmos.

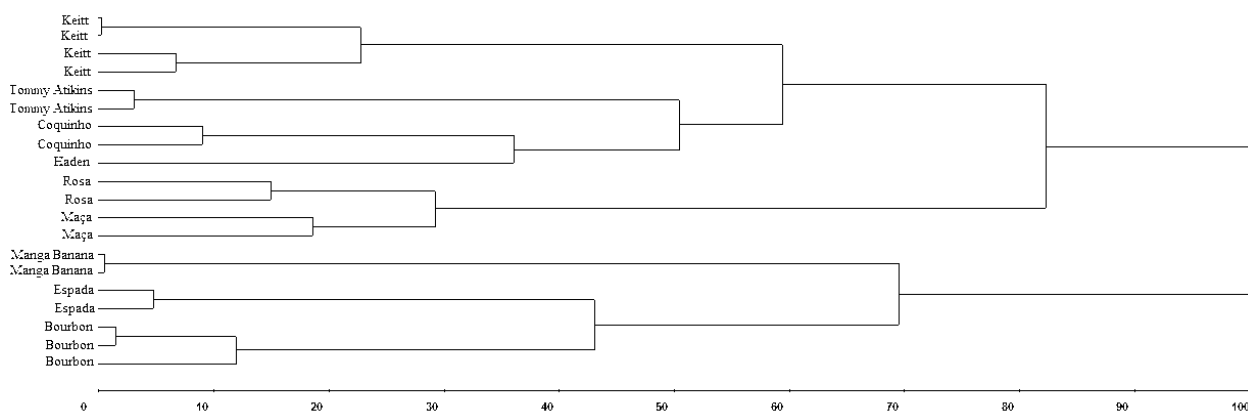
As técnicas de análise multivariada podem ser utilizadas para avaliar a divergência entre acessos e para selecionar os descritores mais importantes, na discriminação dos acessos de um banco de germoplasma (Rodrigues et al., 2010).

No entanto, é importante que sejam selecionados caracteres adequados, como relatam Chahidi et al. (2008), que demonstraram ser ineficiente o uso de caracteres relacionados com a planta e a folha, no estudo de divergência genética da tangerina (*Citrus reticulata*, Blanco), sendo os caracteres de fruto mais informativos e úteis nesse caso.

Para este estudo, avaliando-se a eficiência do método de agrupamento obtida entre todas as possíveis combinações das características, observou-se que a maioria apresentou suas respectivas distâncias máximas e mínimas, diferenciando da matriz com os 64 descritores, sendo os descritores de frutos mais equivalentes para a confecção dos descritores mínimos eficientes.

A utilização do método hierárquico de Ward, utilizando os descritores de frutos, permitiu a formação de dois grupos distintos, nove subgrupos (Figura 2), de forma análoga aos grupos formados pela matriz com todos os descritores.

Figura 2 - Dendrograma obtido a partir de 35 caracteres agrônômicos (fruto), avaliados em 9 variedades de manga, através do método hierárquico de Ward.



O primeiro grupo é formado pelos genótipos Coquinho (6), Coquinho (7), Haden (10), Keitt (11), Keitt (12), Maçã (13), Maçã (14), Rosa (15), Rosa (16), Tommy Atkins (17), Tommy Atkins (18), Keitt (19) e Keitt (20) e um grupo menor constituído pelos demais genótipos. Considerando-se, de forma aleatória, pôde-se ainda observar a separação de 09 subgrupos.

O subgrupo I.A foi formado pelos genótipos Keitt (19), Keitt (20), Keitt (11) e Keitt (12). O subgrupo I.B foi formado pelos genótipos Tommy Atkins (17) e Tommy Atkins (18). O terceiro subgrupo (I.C), pelos genótipos Coquinho (6) e Coquinho (7). O subgrupo I.D, pelo acesso Haden (10). O subgrupo I.E foi composto pelos genótipos Rosa (15) e Rosa (16). E o subgrupo I.F pelos

genótipos Maçã (13) e Maçã (14).

No grupo II, foram alocados sete genótipos (Manga Banana (1), Manga Banana (2), Bourbon (3), Bourbon (4), Bourbon (5), Espada (8) e Espada (9)). Pelo método de agrupamento hierárquico via Ward foram formados três subgrupos, com base nos descritores multicategóricos de fruto. O subgrupo II.A foi composto pelos genótipos Manga Banana (1) e Manga Banana (2). O subgrupo II.B englobou os genótipos Espada (8) e Espada (9). O subgrupo II.C foi constituído por três genótipos, sendo os genótipos Bourbon (3), Bourbon (4) e Bourbon (5). De acordo com o dendrograma obtido pelos 35 descritores dos frutos os genótipos mais distantes foram os genótipos Keitt (19) e Bourbon (3), assim como na matriz principal.

Silva et al. (2012a) encontraram valores da razão entre sólidos solúveis e acidez maior para os frutos de Haden e Bourbon, diferindo da cultivar Tommy Atkins. Para essa característica os dados encontrados corroboram com os encontrados nesse trabalho, sendo uma possível característica para diferenciar os genótipos em dois grupos, onde no grupo I foram alocados os genótipos com menor relação entre sólidos solúveis e acidez.

Neste estudo é possível observar variabilidade genética entres as cultivares estudadas, no entanto não foi encontrada variabilidade dentro das cultivares. Uma justificativa seria o fato da proximidade dos genótipos selecionados, sendo assim, poderiam ser oriundos de uma mesma planta.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) entre matriz de distâncias originais e a matriz resultante do agrupamento de Ward da matriz com os 64 descritores foi de 0,75 evidenciando que o agrupamento refletiu as distâncias originais. Na concepção de Mohammad e Prasanna (2003), quanto maior CCC, menor será a distorção provocada ao agrupar os genótipos. Resultados semelhantes com este trabalho foi obtido por Bezerra Neto et al. (2010), na avaliação de onze genótipos de mamoneira (*Ricinus communis* L.), encontrando valor da correlação cofenética de 0,76 e por Pessanha et al. (2011) na avaliação da diversidade genética de 20 genótipos de *Psidium* spp. (goiaba e araçá) que encontraram valor de CCC de 0,82 ambos para o método hierárquico de Ward.

O valor encontrado do CCC do dendrograma obtido através das características de fruto foi de 0,78, ou seja, mostrou maior correlação cofenética quando comparado com o dendrograma da matriz com todos os descritores. Na concepção de Sokal & Rohlf (1962) valores abaixo de 0,80 indicam baixa representatividade das reais distâncias entre os genótipos por meio da representação gráfica do dendrograma, tornando-se não confiável.

As características das flores/inflorescência, totalizando 11 descritores morfoagronômicos foram poucos eficientes na discriminação dos genótipos. O mesmo ocorreu com os descritores das sementes/caroços. A descrição dos genótipos com base na característica da árvore (hábito de crescimento e época de maturação) também teve pouca eficácia na discriminação dos genótipos, devido possuir pouca variação em seus descritores.

Contudo, após o descarte e reagrupamento dos genótipos, houve alteração do agrupamento inicial com exceção do reagrupamento de frutos. Para Oliveira et al. (2004), essa característica deve ser mantida em trabalhos futuros.

Comparando-se a distância entre o dendrograma e a matriz de dissimilaridade, com base nos 65 descritores da mangueira, observou-se uma concordância nas distâncias, destacando-se a coincidência das distâncias mínimas dos genótipos constantes nas mesmas formações dos subgrupos. O dendrograma de todos os descritores da mangueira e de apenas os descritores de frutos foi concordante ao formarem o grupo I e o grupo II.

O uso dos descritores multicategóricos de frutos foram eficientes para a caracterização dos genótipos de mangueira, pois o mesmo foi concordante com o dendrograma da matriz principal ao formarem o grupo I e o grupo II. Trabalhos de diversidade genética já vêm sendo realizados com o uso de somente descritores de frutos, como por exemplo, o trabalho de Silva et al. (2012b) que avaliaram a diversidade genética entre cultivares de mangueiras baseada somente em caracteres de qualidade dos frutos, mostrando a eficiência na otimização dos 64 descritores.

Associando os resultados obtidos através do dendrograma da matriz principal com os resultados obtidos com os outros dendrogramas, infere-se que os descritores morfoagronômicos com maior poder discriminatório para o grupo de

20 genótipos avaliados foi o dendrograma dos 35 descritores dos frutos, sendo assim, sugeriu-se a utilização apenas os descritores de frutos para a elaboração dos descritores mínimos eficientes, pois os descritores morfoagronômicos avaliados possibilitam a caracterização e distinção da maioria dos genótipos avaliados.

Conclusões

Houve variabilidade genética entre as variedades de mangas estudadas mas não houve divergência genética dentro das variedades.

O uso de somente 34 características de fruto foi suficiente para distinguir os genótipos avaliados neste estudo, otimizado os 64 descritores recomendados para a caracterização de *M. indica*.

Referências

- Alves, J. S. et al.(2012) Divergência genética entre genótipos de bananeira no estado do Rio de Janeiro. *Magistra*, 24 (2)116-122, Cruz das Almas, BA.
- Amaral Jr, A. T.& Viana, A. P., Gonçalves, L. S. A., Barbosa, C. D.(2010) Procedimentos multivariados em recursos genéticos vegetais. In: Pereira, T. N. S. (Ed.) *Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas* (pp.205-254). Viçosa, MG: Arca.
- Anuário Brasileiro da Fruticultura. (2011). Gazeta Santa Cruz, Santa Cruz do Sul.
- Bertini, C. H. C. et al.(2010). Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Scientiarum Agronomy*. Maringá, PR, 32(4), 613-619.
- Bezerra Neto, F. V. et al. (2010). Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. *Revista Ciência Agronômica*. Fortaleza. 41(2), 294-299.
- Chahidi, B., El-Otmani, M., Jacquemond, C., Tijane, M. El-Mousadik, A., Srairi, I.& Luro, F.(2008). Utilisation de caracteres morphologiques, physiologiques et de marqueurs moléculaires pour l'évaluation de la diversité génétique de trois cultivars de clémentinier. *Comptes Rendus Biologies*, 331, 1-12.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. 35 (3), 271-276.
- Cruz, C. D & Carneiro, P. C. S. (2003). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: UFV, 2, 585.
- Cruz, C. D., Ferreira, F. M. & Pessoni, L. A.(2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde de Rio Branco: Editora Suprema, 620.
- Cruz, C. D., Regazzi, J. A.& Carneiro, P. C. S. Divergência genética. In: Cruz, C. D., Regazzi, J. A. & Carneiro, P. C. S. (Ed.). (2004). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (pp.377-413). Viçosa: UFV.
- Elias, H.T. et al.(2007). Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42 (10) 1443-1449.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2011). *SIDRA: banco de dados agregados: Tabela 1613*. Rio de Janeiro,. Recuperado em: 3 outubro ,2012, de <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?c=1613&z=t&o=11>>.
- Mapa (2010). *Instrução para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de mangueira (Mangifera indica L.)*. Recuperado de: <http://www.agricultura.gov.br/pls/portal/url/ITEM/0CF825FBE1FF0EEDE040A8C07502676A>.
- Miguel, A. C. A., Durigan, J. F. & Ferraudo, A. S. (2011). Técnicas de analyse multivariada na avaliação de injúrias pelo frio em mangas cv. Tommy Atkins. *Revista Brasileira de Fruticultura*, (Volume Especial), 371-376.

- Mohammad, S.A. & Prasanna, B.M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants—Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, Madison, 43, 1235-1248.
- Neves, S.M.A.S., Nunes, M.C.M. & Neves R.J (2011). Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT-Brasil, no período de 1971 a 2009: subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. *Boletim Goiano Geografia*, Goiânia, GO, 31(2), 55-68.
- Oliveira, A.C.B. et al. (2004). Diversidade genética e descarte de variáveis em alfa cultivada sob sistema hidropônico. *Acta Scientiarum*, 26, 211-217.
- Pessanha, P.G.O. et al. (2011). Avaliação da diversidade genética em genótipos de *Psidium* spp. Via marcadores RAPD. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33, 129-136.
- Pinto, A.C.Q., Andrade, S.R.M., Amaro, A.A. & Gomes, U. (2004). Mango industry in Brazil. *Acta Horticulturae*, 645, 37-50.
- Rodrigues, H.C.A., Carvalho, S.P., Carvalho, A.A. Filho, J.L.S.C. & Custódio, T.N. (2010). Avaliação da diversidade genética entre acessos de mamoneira (*Ricinus communis* L.) por meio de caracteres morfoagronômicos. *Revista Ceres*, 57, 773-777.
- Silva, A. C. Souza, A.P., Leonel, S., Souza, M. E. & Tanaka, A. A. (2012a). Caracterização e correlação física e química dos frutos de cultivares de mangueira em São Manuel, São Paulo. *Magistra*, Cruz das Almas, BA, 24 (1), 15-26.
- Silva, D.F.P., Siqueira, D.L., Rocha, A., Salomão, L.C.C., Matias, R.G.P. & Struiving, T.B.(2012b) Diversidade genética entre cultivares de mangueiras, baseada em caracteres de qualidade dos frutos. *Revista Ceres*, Viçosa, 59 (2), 225-232.
- Sokal, R. R. & Rohlf, F. J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, 11, 30-40.
- Souza, C. A. F. et al. (2012) 'Tommy Atkins' mango trees subjected to high density planting in subhumid tropical climate in northeastern Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 47 (1), 36-43.

Recebido em: 13/02/2013
Aceito em: 05/03/2015