


Parâmetros genéticos e dissimilaridade entre progênes de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*, Malvaceae) oriundas de polinização livre no sudeste paraense

Genetic parameters and dissimilarity between progenies of ‘cupuaçu’ tree (*Theobroma grandiflorum*, Malvaceae) from free pollination in southeastern Pará, Brazil

Edilene Oliveira Alves¹, Carlos Batista Sousa de Freitas², Mariana Gomes de Oliveira³,
 Murilo da Serra Silva ^{4*}

¹Graduada em Tecnologia em Agroecologia, Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará, Marabá, edileneagro@gmail.com; ²Técnico Agrícola, Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará, Marabá; carlos.freitas@ifpa.edu.br; ³Doutora em Ciências Florestais, Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará, Marabá; mariana.gomes@ifpa.edu.br; ⁴Doutor em Agronomia, Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará, Marabá; murilo.serra@ifpa.edu.br. *Autor correspondente.

ARTIGO

Recebido: 16-04-2023
 Aprovado: 22-11-2023

Palavras-chave:

Conservação
 Cupuaçu
 Melhoramento Genético

RESUMO

A avaliação da diversidade genética pode fornecer informações valiosas para programas de conservação e melhoramento genético, visando maximizar a expressão de características de interesse na produção. Nesse contexto, o cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Malvaceae) se destaca por ser uma árvore nativa da Amazônia e ter, seu fruto, o cupuaçu, amplamente utilizado na produção e comercialização de diversos alimentos. Assim, o objetivo do estudo foi analisar os parâmetros genéticos e a dissimilaridade entre as progênes conservadas *ex situ* no município de Marabá, estado do Pará, Brasil. O delineamento experimental consistiu em 200 genótipos distribuídos em blocos ao acaso, considerando uma planta por parcela. Os genótipos são procedentes de 10 progênes, com sementes oriundas de polinização livre. A partir dos caracteres silviculturais e morfológicos das folhas foram estimados parâmetros genéticos e medidas de dissimilaridade. As estimativas das variâncias resultaram em altas herdabilidades individuais, com todos os caracteres apresentando valores superiores a 0,80. As estimativas de acurácia para todos os caracteres foram superiores a 0,90, proporcionando alta precisão em uma possível seleção. Os resultados da análise multivariada sugerem que o diâmetro do coleto mais contribuiu para explicar a variação total do material analisado. O método de agrupamento de Tocher a partir das distâncias genéticas de Mahalanobis, constituiu oito grupos de dissimilaridade, demonstrando diversidade genética para os caracteres observados. Há diversidade genética nas progênes analisadas, com potencial para a conservação genética e seleção, baseada nos caracteres observados.

ABSTRACT

Key words:

Conservation
 Cupuaçu
 Genetical enhancement

The genetic diversity assessment can provide valuable information for conservation and genetic improvement programs, aiming to maximize the expression of traits of interest in production. In this context, the cupuaçu tree (*Theobroma grandiflorum* Malvaceae) stands out because it is a native tree of the Amazonia basin and its fruit, cupuaçu, is widely used in the production and sale of various foods. We performed the progeny test at the Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará Campus Marabá Rural. The experimental design consisted of 200 genotypes distributed in randomized blocks, considering one plant per plot. The genotypes come from 10 progenies, with seeds derived from free pollination. We used silvicultural and morphological leaf characters to estimate genetic parameters and dissimilarity measures. Variance estimates indicated high individual heritability, with all characters showing values greater than 0.80. Accuracy estimates for all characters were greater than 0.90, providing high precision for potential selection. The results of the multivariate analysis suggest that the collar diameter contributed most to explaining the total variation in the analyzed material. The Tocher grouping method based on Mahalanobis genetic distances constituted eight dissimilarity groups, demonstrating genetic diversity for the observed characters. Based on the characters herein tested, we found genetic diversity in the progenies, with the potential for genetic conservation and selection.

INTRODUÇÃO

Theobroma grandiflorum (Willd. ex Spreng.) K.Schum., conhecido popularmente como cupuaçuzeiro, é uma espécie arbórea de clima tropical pertencente à família Malvaceae, cuja domesticação remonta a 8.000 anos, antes mesmo do seu parente cacau (*Theobroma cacao* L.) (COLLI-SILVA et al., 2023). Nativo da Amazônia (DUCKE, 1946), seu fruto, o cupuaçu, é comercialmente utilizado como matéria-prima na produção de diversos alimentos, tais como: sucos, geleias e sorvetes (OLIVEIRA; GENOVESE, 2013; ALVES et al., 2021). Com o aumento da demanda por produtos derivados dessa espécie, o extrativismo deu lugar aos plantios domesticados e estima-se que há mais de 20 mil hectares plantados em estados da região Norte do Brasil (HOMMA et al., 2014). De acordo com o IBGE (2023), no ano de 2017, o estado do Amazonas apresentou a maior produção (valor em Mil Reais) atingindo 16.647, seguido do estado do Pará com 16.188.

Diversos estudos apontam o cupuaçuzeiro como uma espécie útil para compor sistemas agroflorestais e, conseqüentemente, há várias pesquisas relacionadas ao seu manejo (ANDREATA; MOTA, 2022; RAYOL; ALVINO-RAYOL, 2019). É uma das espécies com maior frequência relativa em sistemas de agricultores familiares, que a utilizam tanto para autoconsumo como para comercialização (VIEIRA et al., 2007), sendo uma opção interessante para compor sistemas diversificados de produção.

A perda da diversidade genética de plantas domesticadas tem sido preocupante nas últimas décadas (GLIESSMAN, 2009). Nesse sentido, a participação de pequenos agricultores na geração e manutenção de recursos genéticos diversificados é sugerida como uma estratégia para ingressar em nichos de mercado singulares (ALTIERI, 2012). Considerando que o cupuaçuzeiro é uma planta domesticada e amplamente cultivada por agricultores em sistemas diversificados, é importante realizar estudos que identifiquem genótipos de interesse tanto para a conservação, como o enriquecimento de áreas com fins de reserva legal, quanto para o melhoramento genético da espécie, visando a produção de frutos.

A importância da conservação *ex situ* de progênies de cupuaçuzeiro no município de Marabá - PA é justificada por dois principais fatores antropogênicos: 1) há a preocupação com a perda do material genético decorrente do desmatamento, uma realidade que afeta a Amazônia (KULEVICZ et al., 2020); 2) as populações desta espécie localizadas no município de São João do Araguaia - PA em áreas adjacentes em caso de implantação de uma hidrelétrica na região, poderão sofrer influência direta da inundação causada pelo represamento do rio (SILVA; FILHO, 2017). Essa situação aumenta significativamente as

chances de perda de parte da vegetação e demais recursos naturais vitais.

A Amazônia abriga a única reserva de variabilidade genética do cupuaçuzeiro, sendo também o centro da diversidade dessa espécie (ALVES et al., 2021). Diversos estudos realizados em outras localidades da região contribuíram para o conhecimento da espécie, como por exemplo, na avaliação de frutos (CABRAL-MAIA et al., 2011) e na produção de matéria seca em progênies com resistência às pragas e doenças (SILVA et al., 2016). No entanto, pesquisas sobre as progênies na região sudeste do Pará são incipientes, tendo em vista que um dos maiores estados produtores do fruto de cupuaçu.

A instalação do teste de progênies no município de Marabá - PA, desempenha um papel fundamental na conservação desses genótipos ameaçados de extinção. Além disso, a avaliação da diversidade genética pode fornecer informações valiosas para programas de conservação e melhoramento genético, visando maximizar a expressão de características de interesse na produção. Nesse contexto, o objetivo do estudo foi analisar por meio do teste de progênies, os parâmetros genéticos e a dissimilaridade entre as progênies conservadas *ex situ* no município de Marabá - PA.

MATERIAL E MÉTODOS

Procedência das progênies e local do experimento

As progênies são oriundas de matrizes localizadas no município de São João do Araguaia - PA, no assentamento Araras (05°23'37,34" S e 48°52'40,43" O) (Figura 1).

De um total de 33 matrizes inventariadas em um fragmento florestal com aproximadamente 7,5 ha, apenas 10 matrizes (1, 3, 4, 5, 20, 21, 24, 25, 26 e 33) foram selecionadas e tiveram suas sementes coletadas, considerando-se o critério de um mínimo de 20 plantas por progênies para o experimento. Esse número recomendado para a conservação *ex situ* de espécies com sistema misto de reprodução e com altas taxas de cruzamento ($t > 0,8$) (SEBBENN, 2003). O estudo foi

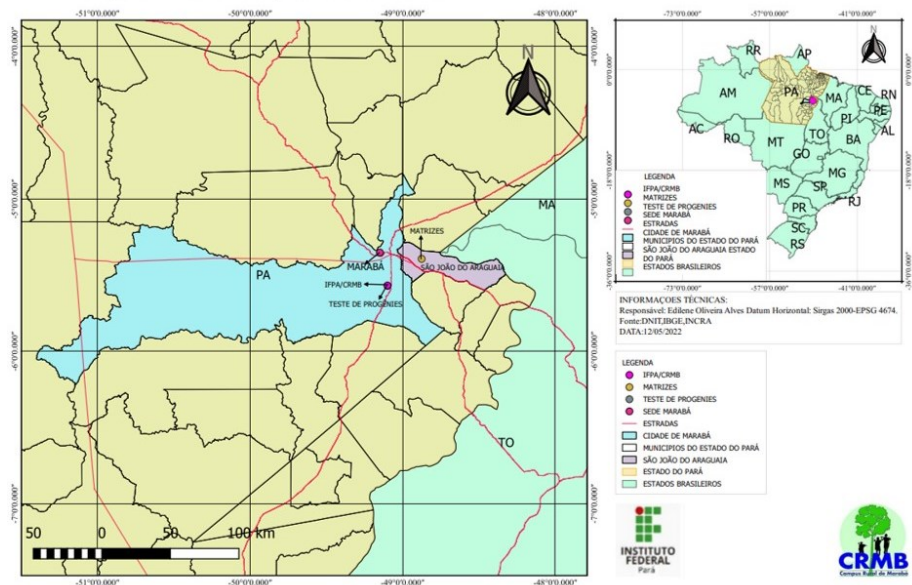


Figura 1. Localização das matrizes de cupuaçuzeiro em São João do Araguaia e progênies que originaram o teste em Marabá, ambos no estado do Pará.

desenvolvido no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará (IFPA), Campus Rural Marabá, município de Marabá - PA (05°34'14,8" S e 49°06'02,3" O) (Figura 1), em uma área de 0,5 ha onde predominam castanheiras (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) e seringueiras (*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A.Juss.) Müll.Arg.). O clima de Marabá - PA é classificado por Köppen-Geiger como AW, quente e úmido, com períodos de chuva e estiagem bem definidos. Dados do INMET (2019) apontam que a pluviosidade total em Marabá foi de 1.555,2 mm, temperatura máxima atingida no ano de 36,9 °C e mínima de 18,2 °C, bem como a temperatura média anual máxima de 27,1 °C e temperatura média anual mínima de 25,9 °C.

Delineamento experimental

O plantio foi realizado no final de janeiro de 2022 e as plantas dispostas da seguinte maneira: o experimento consistiu em 10 tratamentos com 20 repetições, totalizando 200 genótipos. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com uma planta por parcela. Contudo, em uma das progênies, apenas 10 mudas foram obtidas durante o período de instalação

do experimento, compondo somente os dez primeiros blocos. As mudas foram plantadas em espaçamento 5 × 3 m, em covas nas dimensões 40 × 40 × 40 cm.

O período de plantio corresponde ao período de maior ocorrência das chuvas na região. Nenhum insumo químico, como fertilizantes ou agrotóxicos, foi utilizado, no intuito de verificar o comportamento do genótipo, com menor interferência de componentes externos ao sistema em que as plantas estão inseridas. As progênies possuem pelo menos o parentesco correspondente a meio-irmãos. Em campo os 10 tratamentos, que são as progênies estudadas receberam nomenclatura de: 1, 3, 4, 5, 20, 21, 24, 25, 26, 33. Esses números (nomenclatura) são utilizados na matriz de dissimilaridade e tabela de agrupamento de progênies.

Caracteres analisados e coleta de dados

As avaliações foram feitas no quinto mês da instalação do teste de progênie. As medidas foram obtidas utilizando um paquímetro digital e/ou fita métrica. Os caracteres e respectivas unidades de medidas estão expressos na Tabela 1.

Tabela 1. Caracteres silviculturais e morfológicos observados no teste de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*, Malvaceae) oriundas de polinização livre no sudeste paraense

Silviculturais			
Abreviação	Nome	Descrição	Unidade
DC	Diâmetro do coleto	medida obtida do caule na base da planta	mm
Alt	Altura	medida obtida a partir da base da planta até a inserção do último lançamento foliar	cm
Morfológicos*			
NF	Número de folhas	contagem do número de folhas	–
CP	Comprimento do pecíolo	mensuração a partir da inserção da folha no caule	cm
DP	Diâmetro do pecíolo	medido na base do limbo foliar	mm
CL	Comprimento de limbo	medida da base do limbo ao seu ápice	cm
LL	Largura do limbo	medida no centro do limbo foliar	cm
AF	Área foliar	calculada com base na fórmula sugerida por Conceição et al. (1996)	cm ²

* Obtidos a partir do penúltimo lançamento foliar. Os valores médios foram calculados com base em medições de três folhas por planta útil.

Análise dos dados

As análises multivariadas, variâncias e parâmetros genéticos foram estimados pelo Software Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

Os parâmetros genéticos e variâncias das progênies foram estimados considerando progênies de meios-irmãos, com uma planta por parcela: $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X e Z) representam as matrizes de incidência para os efeitos mencionados (RESENDE, 2007).

Para verificar a significância dos efeitos aleatórios do modelo foi realizado o teste de razão de verossimilhança (LRT), utilizando o teste qui-quadrado para a probabilidade de 1%. No caso deste estudo o efeito a ser testado foi a progênie, e, portanto, o valor de LRT foi obtido por meio da subtração entre os valores de *deviance* sem e com o efeito a ser testado (progênie).

As variâncias e os parâmetros genéticos estimadas pelo modelo foram os seguintes: a) Variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_a^2$;

b) Variância residual (ambiental + não aditiva): $\hat{\sigma}_e^2$; c)

Variância fenotípica individual: $\hat{\sigma}_f^2$; d) Herdabilidade

individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos: \hat{h}_a^2 ;

e) Herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa: h_m^2 ; f) Acurácia da seleção de

progênies, assumindo sobrevivência completa: \hat{r}_{aa} ; g)

Coefficiente de variação genética aditiva individual: $CV_{gr}(\%)$; h) Coeficiente de variação genotípica entre

progênies: $CV_{gp}(\%)$; i) Coeficiente de variação residual: $CV_r(\%)$

; j) Coeficiente de variação relativa: CV_r .

Para a análise de dissimilaridade genética entre as progênies, foram realizadas as análises multivariadas componentes principais e análise de agrupamento de acordo com Cruz e Regazzi (2001). O agrupamento foi baseado no método de Tocher, onde a formação dos grupos foi obtida por meio da matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis (Tabela 2) e é definida a partir do critério de que a média das distâncias dentro do grupo seja menor que as distâncias do próximo grupo a ser constituído.

Tabela 2. Estimativa das distâncias genéticas com base em Mahalanobis, a partir de oito caracteres analisados em *Theobroma grandiflorum*, Marabá - PA.

Genótipo	1	3	4	5	20	21	24	25	26	33
1	0									
3	7,3782	0								
4	14,6707	15,9422	0							
5	11,0777	17,6055	17,3498	0						
20	14,4298	16,1242	17,9958	17,4504	0					
21	12,2068	17,273	17,6612	17,9499	17,7318	0				
24	12,5977	17,1243	17,7495	17,9034	17,8091	17,9932	0			
25	6,0431	17,961	15,3326	17,3168	15,5401	16,8958	16,715	0		
26	9,3538	17,8985	16,7552	17,9033	16,8959	17,7155	17,6203	17,7324	0	
33	15,6249	15,0492	17,9196	16,8119	17,8787	17,2504	17,3867	14,326	16,0418	0

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Parâmetros genéticos

Os valores de *deviance* das progênies para os caracteres observados foram maiores que do modelo, proporcionando LRT com significância a 1% de probabilidade (Tabela 3). Considerando que o teste apresentou variâncias significativas para todos os caracteres observados, a população estudada apresenta variabilidade genética, essencial para programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

As variâncias genéticas aditivas mostraram-se muito próximas às variâncias fenotípicas (Tabela 4), indicando que a expressão fenotípica é principalmente influenciada por fatores genéticos, em vez de fatores ambientais. Esses resultados sugerem altos valores tanto de herdabilidade individual quanto de herdabilidade média de progênie, o que é encorajador para programas de melhoramento genético, possibilitando ganho de seleção e conservação da espécie.

Como os valores de herdabilidade influem nas estratégias de seleção, é importante ressaltar que para os caracteres silviculturais o diâmetro do coleto foi maior em nível individual do que de progênies e o inverso ocorreu para o caractere altura. Nos caracteres morfológicos foram observados maiores valores de herdabilidade em nível individual somente para os caracteres número de folha, diâmetro do pecíolo e largura do limbo. Em estudo avaliando caracteres de frutos do cupuaçuzeiro, Cabral-Maia et al. (2011), constaram que a herdabilidade média de progênies foi superior à herdabilidade individual para a maioria das

características. Como a herdabilidade demonstra o quanto da variação é de origem genética e segundo Falconer e Mackay (1996) é parâmetro preditivo, ambos os caracteres são de interesse para realização de melhoramento genético, pois as herdabilidades foram altas de acordo com a classificação de Bourdon (2000), em que $0,2 \geq h^2 \leq 0,4$ é moderada e $h^2 > 0,4$ é alta.

A acurácia fornece uma estimativa da relação entre os valores preditos e os valores observados, sendo um indicador de precisão na seleção, de acordo com Resende (2002). Estimativas elevadas de acurácias são essenciais em programas de melhoramento genético. Neste estudo, todos os caracteres analisados apresentaram acurácias superiores a 0,90 (Tabela 4), indicando que são promissores para contribuir em um programa de melhoramento genético. Valores de acurácia entre 0,40 e 0,70 são considerados moderados, enquanto acurácia acima de 0,70 são consideradas altas (RESENDE; DUARTE, 2007).

As estimativas de coeficiente de variação genética foram maiores em nível individual para todos os caracteres avaliados neste estudo, variando de 17,42 a 36,8 (Tabela 4). Entre as progênies, o coeficiente variou de 8,71 a 18,40. Em uma possível seleção, é importante dar maior atenção à variabilidade individual. Estimativas de variação genética em caracteres relacionados aos frutos do cupuaçuzeiro também foram encontradas em nível individual (CV_{gi} entre 6,6 e 27,43), conforme relato por Cabral-Maia et al. (2011) em progênies, reforçando a recomendação favorável para a seleção do material analisado.

Tabela 3. Análise de *deviance* em teste de progênies de *Theobroma grandiflorum* para as seguintes variáveis: diâmetro do coleto (DC, em mm), altura (ALT, em cm), número de folhas (NF), comprimento pecíolo (CP, em cm), diâmetro pecíolo (DP, em mm), comprimento limbo (CL, em cm), largura limbo (LL, em cm) e área foliar (AF, em cm²).

Efeito	DC	ALT	Nº de Folhas	CP	DP	CL	LL	AF
Progênie (<i>deviance</i>)	472,98	1244,23	795,86	788,1	82,36	729,75	356,06	1490,41
Modelo (<i>deviance</i>)	433,17	1221,69	760,66	766,86	54,82	705,52	328,61	1464,38
χ^2	39,81**	22,54**	35,2**	21,24**	27,54**	24,23**	27,45**	26,03**

χ^2 , teste da razão de verossimilhança (LRT) qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para a probabilidade de 5 e 1%, respectivamente; ** Não significativo a 5% de probabilidade. *Significativo a 5% de probabilidade. **Significativo a 1% de probabilidade.

Tabela 4. Estimativas dos parâmetros genéticos em teste de progênies de *Theobroma grandiflorum* para as seguintes variáveis: diâmetro do coleto (DC, em mm), altura (ALT, em cm), incremento diâmetro do coleto, número de folhas (NF), comprimento pecíolo (CP, em cm), diâmetro pecíolo (DP, em cm), comprimento limbo (CL, em cm), largura limbo (LL, em cm), área foliar (AF, em cm²).

Parâmetro	DC (mm)	ALT (cm)	NF	CP (cm)	DP (mm)	CL (cm)	LL (cm)	AF (cm ²)
$\hat{\sigma}_a^2$	4,37	235,37	26,51	20,05	0,40	15,71	1,90	1.258,05
$\hat{\sigma}_e^2$	-0,37	79,31	-1,33	5,96	0,05	2,91	0,25	206,44
$\hat{\sigma}_f^2$	4,00	314,68	25,19	26,01	0,45	18,62	2,15	1.464,49
\hat{h}_a^2	1,09+-0,41	0,74+-0,34	1,05 +- 0,41	0,77 +-0,35	0,89 +- 0,38	0,84+-0,37	0,88 +- 0,379	0,85 +- 0,37
\hat{h}_m^2	0,89	0,83	0,89	0,84	0,86	0,85	0,86	0,85
\hat{r}_{aa}	0,94	0,91	0,94	0,92	0,93	0,92	0,93	0,92
\hat{h}_{ad}^2	1,13	0,69	1,07	0,72	0,86	0,80	0,85	0,82
$CV_{gt}(\%)$	23,99	24,90	36,57	18,66	17,42	19,74	20,30	36,80
$CV_{sp}(\%)$	12,00	12,45	18,29	9,33	8,71	9,87	10,15	18,40
$CV_e(\%)$	19,58	25,96	30,60	19,09	16,25	19,09	19,09	35,19
CV_r	0,61	0,48	0,60	0,49	0,54	0,52	0,53	0,52
\bar{m}	8,71	61,62	14,08	24,00	3,63	20,08	6,79	96,38

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 : herdabilidade média de progênie; \hat{r}_{aa} : acurácia; \hat{h}_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de progênie; $CV_{gt}(\%)$: coeficiente de variação genética individual; $CV_{sp}(\%)$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_e(\%)$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; \bar{m} : média geral do experimento.

Componentes principais

O presente estudo revelou que o primeiro componente principal, representado pelo diâmetro do coleto, explicou 87% da variação total, e quando incluída a altura, a explicação atingiu 95% (Tabela 5). É considerado desejável que os dois primeiros componentes principais expliquem 80% ou mais da variabilidade total, ou seja, as duas primeiras variáveis (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Portanto, tanto o diâmetro do coleto quanto a altura são as variáveis que melhor explicam a variabilidade encontrada neste estudo.

Tabela 5. Componentes principais, importância relativa (P) e acumulada (%) para oito caracteres avaliados em progênies de *Theobroma grandiflorum* de procedência de São João do Araguaia-PA, implantadas em Marabá, Pará.

Componente Principal	P	%
DC	0,876	87
ALT	0,076	95
NF	0,027	98
CP	0,014	99
DP	0,003	99
CL	0,000	100
LL	0,000	100
AF	0,000	100

Diâmetro do coleto (DC), altura (ALT), Número de folhas (NF), comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento do limbo (CL), largura do limbo (LL) e área foliar (AF).

Dissimilaridade entre as progênies

O agrupamento de Toucher com base nas distâncias genéticas de Mahalanobis promoveram a formação de oito grupos de similaridade (Tabela 6), com três progênies compondo o primeiro grupo e os demais somente uma

progênie. Araújo et al. (2002), ao investigarem características de frutos do cupuaçuzeiro, identificaram a formação de cinco grupos de similaridade com base na distância de Mahalanobis em 27 clones. Considerando que apenas 10 progênies foram avaliadas neste estudo, os resultados ainda sim são promissores para a realização de cruzamentos entre progênies pertencentes a grupos distintos, os quais podem resultar em ganhos de heterose, especialmente se forem empregadas técnicas de polinização controlada.

Tabela 6. Grupos de progênies de *Theobroma grandiflorum*, constituído de acordo com procedimento adotado por Toucher, com base na distância de Mahalanobis a partir de oito variáveis, em Marabá, Pará.

Grupo	Progênies
1	1, 3, 25
2	26
3	33
4	4
5	5
6	20
7	21
8	24

CONCLUSÕES

Os genótipos cupuaçuzeiro apresentam divergência genética. Essa constatação abre possibilidades para a realização de cruzamentos entre os diferentes grupos, com o intuito de obter genótipos de interesse para a conservação.

Em um potencial programa de melhoramento genético, todos os caracteres demonstram valores satisfatórios para a

seleção, sobretudo quando consideramos os parâmetros de herdabilidade e coeficiente de variação genético individual.

O estudo destaca a relevância dos genótipos de cupuaçuzeiro para contribuir com programas de conservação e melhoramento genético, uma vez que os caracteres exibiram potencial para seleção com base nos critérios mencionados.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao IFPA e à FAPESPA, por colaborarem com a pesquisa através da concessão de uma bolsa estudantil (Edital nº. 02/2021 – PIBIC-Gr/IFPA/FAPESPA).

REFERÊNCIAS

- ALVES, R. M.; CHAVES, S. F. D. S.; ALVES, R. S.; SANTOS, T. G. D.; ARAÚJO, D. G. D.; RESENDE, M. D. V. Cupuaçu tree genotype selection for an agroforestry system environment in the Amazon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 56:e02139, 2021. [10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02139](https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02139)
- ALTIERI, M. *Agroecologia: bases científicas para uma agricultura sustentável*. 3ed. São Paulo: Expressão Popular, 2012, 400p.
- ANDREATA, H. K.; MOTA, D. M. Sistemas agrofloreais como estratégia de ação coletiva em uma comunidade quilombola da Amazônia oriental paraense. *Desenvolvimento e Meio Ambiente*, 60: 393-412, 2022. [10.5380/dma.v60i0.78419](https://doi.org/10.5380/dma.v60i0.78419)
- ARAÚJO, D. G.; CARVALHO, S. P.; ALVES, R. M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd ex Spreng Schum). *Ciência e Agrotecnologia*, 26(1):13-21, 2002
- BOURDON, R. M. *Understanding animal breeding*. 2ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2000, 538p.
- CABRAL-MAIA, M. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ALVES, R. M.; SILVA FILHO, J. L.; ROCHA, M. M.; CAVALCANTE, J. J. V.; RONCATTO, G. Análise genética de famílias de meios-irmãos de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 31(66):123-130, 2011. [10.4336/2011.pfb.31.66.123](https://doi.org/10.4336/2011.pfb.31.66.123)
- COLLI-SILVA, M.; RICHARDSON, J. E.; NEVES, E. G.; WATLING, J.; FIGUEIRA, A.; PIRANI, J. R. Domestication of the Amazonian fruit tree cupuaçu may have stretched over the past 8000 years. *Communications Earth & Environment*, 4(1): p. 401, 2023. [10.1038/s43247-023-01066-z](https://doi.org/10.1038/s43247-023-01066-z)
- CONCEIÇÃO, H. E. O.; SILVA, E. S. A.; ROCHA-NETO, O. G.; STEIN, R. L. B.; SANTIAGO, E. J. A.; SOUSA, D. B.; GEMAQUE, R. C. R.; SOUZA, M. M. Método para estimar a área foliar do cupuaçuzeiro. In: *Seminário Internacional Sobre Pimenta do reino e Cupuaçu*. Embrapa Amazônia Oriental Documentos. 1, p. 325-331, 1996.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3ed. Viçosa: UFV, 2003, 585p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
- DUCKE, A. *Plantas de cultura pré-colombiana na Amazônia Brasileira: notas sobre as espécies ou formas espontâneas que supostamente lhes teriam dado origem*. Belém: IAN, 1946. 84p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to quantitative genetics*. 4ed. Harlow: Prentice-Hall, 1996, 464p.
- GLIESSMAN, S. R. *Agroecologia: processos ecológicos em agricultura sustentável*. 4ed. Porto Alegre UFRGS, 2009, 654p.
- OLIVEIRA, T. B.; GENOVESE, M. I. Chemical composition of cupuassu (*Theobroma grandiflorum*) and cocoa (*Theobroma cacao*) liquors and their effects on streptozotocin-induced diabetic rats. *Food Research International*, 51(2): 929-935, 2013. [10.1016/j.foodres.2013.02.019](https://doi.org/10.1016/j.foodres.2013.02.019)
- HOMMA, A. K. O.; CARVALHO, R. de A.; MENEZES, A. J. E. A. Extrativismo e plantio racional de cupuaçuzeiros no sudeste paraense: transição inevitável. In: HOMMA, A. K. O (ed). *Extrativismo vegetal na Amazônia: história, ecologia, economia e domesticação*. Brasília: Embrapa, 2014, p.297-305.
- IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. *Produção de Cupuaçu no Brasil*. Rio de Janeiro: 2023. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/cupuacu/br>. Acessado em: 05 Out 2023.
- INMET, Instituto Nacional de Meteorologia. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. *Dados históricos anuais*. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/dadoshistoricos>. Acessado em: 05 Out 2023.
- KULEVICZ, R. A.; OLIVEIRA, O. S. D.; POMPEU, N.; SILVA, B. A. D.; SOUZA, E. C. D. Análise da vulnerabilidade genética das florestas e argumentos para redução do desmatamento. *Ambiente & Sociedade*, 23:e02222, 2020. [10.1590/1809-4422asoc20170222r2vu2020L1AO](https://doi.org/10.1590/1809-4422asoc20170222r2vu2020L1AO)
- RAYOL, B. P.; ALVINO-RAYOL, F. O. Desenvolvimento inicial de espécies arbóreas em sistemas agrofloreais no Baixo Amazonas, Pará, Brasil. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 18(1):59-64, 2019. [10.5965/223811711812019059](https://doi.org/10.5965/223811711812019059)
- RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002, 975p.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, 37(3):182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007, 359p

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4):330-339, 2016. [10.1590/1984-70332016v16n4a49](https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49)

SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação ex situ de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. *Revista do Instituto Florestal*, 15(2):147-162, 2003.

SILVA, C. B.; SANTOS-FILHO, A. S. A construção social do conflito: reflexões a partir da vila espírito santo-território ribeirinho do sudeste paraense. *Confronteiras*, 1(1):212-232, 2017.

SILVA, D. A. S.; VIÉGAS, I. J. M.; SILVA, S. P.; OKUMURA, R. S.; OLIVEIRA NETO, C. F.; SILVA JÚNIOR, M. L.; VIÉGAS, S. F. S. S.; FRAZÃO, D. A. C.; CONCEIÇÃO, H. E. O.; ARAÚJO, F. R. R. Multivariate analysis on dry mass variables in cupuassu progenies (*Theobroma grandiflorum*) in function of the plant age. *African Journal of Agricultural Research*, 11(14):1227-1236, 2016. [10.5897/AJAR2015.10516](https://doi.org/10.5897/AJAR2015.10516)

VIEIRA, T. A.; ROSA, L. D. S.; VASCONCELOS, P. C. S.; SANTOS, M. M. D.; MODESTO, R. D. S. Sistemas agroflorestais em áreas de agricultores familiares em Igarapé-Açu, Pará: caracterização florística, implantação e manejo. *Acta Amazonica*, 37(4): 549-557, 2007. [10.1590/S0044-59672007000400010](https://doi.org/10.1590/S0044-59672007000400010)