



# DISTÂNCIAS GENÉTICAS ENTRE 36 FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DA COLEÇÃO DE TRABALHO DO CUPUAÇU DA EMBRAPA ACRE

Maria Clideana Cabral Maia<sup>1</sup>; Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>, Giselle Mariano Lessa de Assis<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Acre. clideana@cpafac.embrapa.br, giselle@cpafac.embrapa.br

<sup>2</sup> Embrapa Florestas/UFV-Universidade Federal de Viçosa. marcos.deon@gmail.com

**Palavras-chave:** *Theobroma grandiflorum*, distância euclidiana, distância de mahalanobis.

O cupuaçuzeiro é espécie nativa da região Amazônia encontra-se em processo de domesticação e apresenta ampla variabilidade genética condição favorável para se estabelecer estratégias de melhoramento e de conservação. O objetivo desta investigação consiste em estimar as divergências genéticas de 36 progênes de meios-irmãos de cupuaçu oriundos de seleção massal estratificada em área de produtores que compõe a coleção de trabalho do programa de melhoramento genético do cupuaçuzeiro no Acre, Embrapa Acre. O experimento para seleção clonal dos indivíduos superiores foi instalado no delineamento em blocos ao acaso, com quatro plantas/parcela, três repetições. Os dados foram analisados através do melhor preditor linear não viesado e máxima verossimilhança restrita (Best Linear Unbiased Predction/ Maximum Restricted Likelihood: BLUP/REML) por meio de software Selegen. Para realizar o agrupamento utilizaram-se matrizes de distancias euclidianas genéticas e de mahalanobis. Pelo agrupamento (Tocher) de distancias euclidiana quadradas genéticas a partição obtida determinou-se dois grupos de progênes: grupo 1: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 35, 36, 31, 32, e um segundo grupo reuniu as progênes: 10 e 18. Através do agrupamento (Tocher) de distâncias genéticas mahalanobis quadradas genéticas foram disjuntos três grupos: no grupo 1 as seguintes progênes foram classificadas por similaridade: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 35, 36, 31, 32, e grupo 2 ficou composto pela progênie: 9 e um terceiro grupo ficou formado pela progênie: 18. Como pode ser evidenciado houve alta concordância entre as duas medidas de similaridade. Das 36 progênes analisadas apenas as progênes: 9, 10 e 18 mostraram divergência genética podendo ser recomendadas juntamente com alguma progênie do grupo 1 que mostrar superioridade agrônômica para formar pomares de clones elites com alta dissimilaridade genética esta condição é ideal já que o cupuaçu é espécie que apresenta auto-incompatibilidade. As famílias que compõem a população de trabalho do programa de melhoramento apresentam mesma procedência.

**Fontes financiadoras:** CNPq, FUNTAC.