

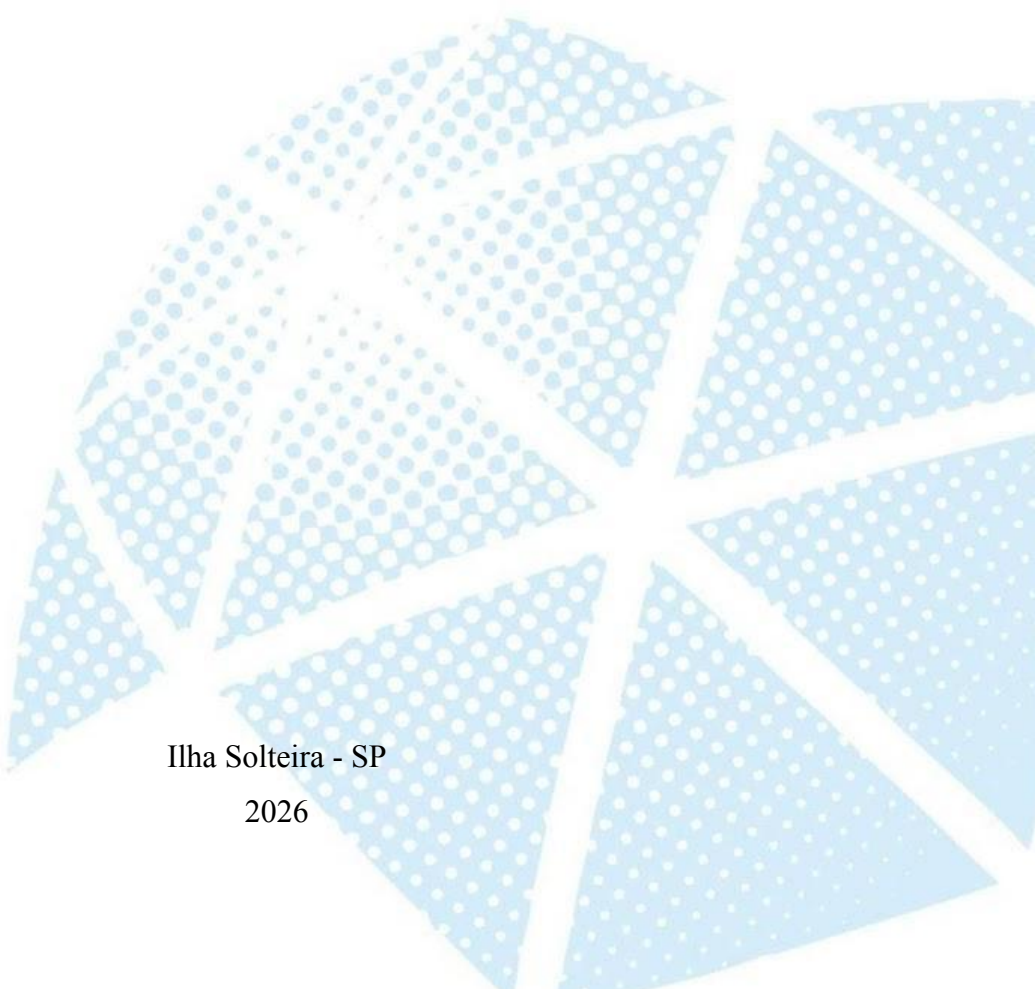
**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

JÚLIA MENDONÇA NUNES

**PARÂMETROS E DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR CARACTERES
BIOMÉTRICOS DE FRUTOS E PSEUDOFRUTOS EM ACESSOS DE
CAJUZINHO-DO-CERRADO**

Ilha Solteira - SP

2026



JÚLIA MENDONÇA NUNES

**PARÂMETROS E DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR CARACTERES
BIOMÉTRICOS DE FRUTOS E PSEUDOFRUTOS EM ACESSOS DE
CAJUZINHO-DO-CERRADO**

TCC apresentado à Universidade Estadual Paulista (UNESP) 'Júlio de Mesquita Filho', Ilha Solteira, para obtenção do título de Engenheira Agrônoma.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Flávio Arruda
Ferreira

Ilha Solteira - SP

2026

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

N972p Nunes, Júlia Mendonça.
Parâmetros e divergência genética por caracteres biométricos de frutos e pseudofrutos em acessos de cajuzinho-do-cerrado / Júlia Mendonça Nunes. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2026
37 f. : il.

Trabalho de conclusão de curso (Graduação em Engenharia Agrônoma) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira, 2026

Orientador: Antonio Flávio Arruda Ferreira

Inclui bibliografia

1. Cerrado. 2. *Anacardiaceae*. 3. Variáveis morfoagronômicas. 4. Variabilidade genética .

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO" FACULDADE
DE ENGENHARIA – UNESP – CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA CURSO DE GRADUAÇÃO
EM ENGENHARIA AGRONÔMICA

ATA DA DEFESA – TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

TÍTULO: "Parâmetros e Divergência Genética por Caracteres Biométricos de Frutos e Pseudofrutos de Acessos de Cajuzinho-do-Cerrado"

ALUNA: JÚLIA MENDONÇA NUNES - RA: 202051935

ORIENTADOR: ANTONIO FLÁVIO ARRUDA FERREIRA

Aprovado (x) Reprovado () pela Comissão Examinadora com nota obtida: 9,0

Comissão Examinadora:

Antonio Flávio Arruda Ferreira

Prof. Dr. Antonio Flávio Arruda Ferreira (orientador)

Bruno Ettore Pavan

Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan (DFTASE-UNESP)

Gabriel M. Favara

Prof. Dr. Gabriel Madoglio Favara (DEFERS-UNESP)

Julia M. Nunes

Julia Mendonça Nunes

Aluna

Ilha Solteira (SP), 02 de abril de 2026.

IMPACTO POTENCIAL DESTA PESQUISA

Diante das pressões ambientais e da diminuição da biodiversidade, é importante preservar as espécies nativas do Cerrado. Nesse cenário, o cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* A. St.-Hill) é destacado por seu potencial ecológico, econômico e social. O estudo das características morfoagronômicas e da diversidade genética dessa espécie apresenta informações importantes para programas de conservação e domesticação, possibilitando a identificação de genótipos superiores e promovendo a utilização sustentável em sistemas produtivos adaptados ao Cerrado. Do ponto de vista ambiental, o estudo ajuda a preservar a diversidade genética e apoiar estratégias de conservação tanto no habitat natural quanto em ambientes controlados, o que é essencial para a recuperação dos ecossistemas. No aspecto econômico e social, os resultados podem estimular o aproveitamento comercial dos frutos, criando oportunidades de renda e fortalecendo as cadeias produtivas locais. Além disso, a pesquisa valoriza o conhecimento tradicional sobre o uso do cajuzinho-do-cerrado, integrando as sabedorias locais ao avanço científico e incentivando um desenvolvimento sustentável que respeita a cultura da região.

POTENTIAL IMPACT OF THIS RESEARCH

Given environmental pressures and declining biodiversity, it is important to preserve native Cerrado species. In this context, the Cerrado cashew (*Anacardium humile* A. St.-Hill) stands out for its ecological, economic, and social potential. The study of the morpho-agronomic characteristics and genetic diversity of this species provides important information for conservation and domestication programs, enabling the identification of superior genotypes and promoting sustainable use in production systems adapted to the Cerrado. From an environmental perspective, the study helps preserve genetic diversity and supports conservation strategies in both its natural habitat and controlled environments, which is essential for ecosystem recovery. Economically and socially, the results can stimulate the commercial use of the fruit, creating new income opportunities and strengthening local production chains. Furthermore, the research values traditional knowledge about the use of the Cerrado cashew, integrating local wisdom with scientific advancement and encouraging sustainable development that respects the region's culture.

Dedico este trabalho aos meus pais e meu
irmão, por sempre me apoiar e me incentivar
em todos os momentos da minha vida

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, por me conceder força e sabedoria no decorrer dessa longa caminhada.

Aos meus pais, Edna Maria Mendonça Nunes e Luis Roberto Nunes, por serem meu maior alicerce e por estarem sempre ao meu lado. Obrigada pelo incentivo constante e por nunca deixarem de acreditar em mim durante toda essa trajetória.

Ao meu irmão, Pedro Augusto, por me incentivar e apoiar, você me inspira a ser uma pessoa melhor todos os dias.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Antonio Flávio por me acolher desde o primeiro dia e por todas as oportunidades que foram oferecidas, sem contar na sua paciência, orientação e dedicação na qual foram fundamentais para este projeto ter saído do papel.

Ao Grupo de Pesquisa em Fruticultura, Conservação e Domesticação de Frutíferas Nativas, em especial ao Douglas Carfane e Henrique Nogara.

Aos meus amigos que estiveram ao meu lado durante toda a faculdade, me apoiando e me ajudando mesmo nos momentos mais difíceis, em especial ao Breno Brancato, Ingrid Valverde e Wilian Ferro.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), em especial à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, por toda a estrutura, apoio e pelas inúmeras oportunidades de aprendizado e crescimento proporcionadas ao longo da minha graduação. Agradeço também à Pró-Reitoria de Pesquisa (PROPe UNESP) pela concessão da bolsa de iniciação científica (Projeto: 15021 - Edital 8/2024 - PIBIC), cujo apoio foi essencial para o desenvolvimento desta pesquisa.

A todos os professores que fizeram parte da minha trajetória, deixo minha mais sincera gratidão. Obrigada por compartilharem seus conhecimentos, pela dedicação, pelos incentivos e por contribuírem de forma tão significativa para a minha formação. Levo comigo não apenas o aprendizado acadêmico, mas também os exemplos, os conselhos e as experiências que me ajudaram a crescer como profissional e como pessoa.

“Todos os dias quando acordo
Não tenho mais o tempo que passou
Mas tenho muito tempo
Temos todo o tempo do mundo”

Renato Russo

RESUMO

O Cerrado é conhecido como um dos principais hotspots global de biodiversidade, mas sofre intensa pressão devido à expansão agrícola e ao extrativismo, o que ameaça diversas espécies nativas, como o cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* A. St.-Hil.). Essa espécie frutífera apresenta potencial econômico e social, sendo utilizada principalmente de forma extrativista, no entanto, a restrita disponibilidade de informações sobre sua variabilidade genética e características morfoagronômicas, restringe seu avanço em programas de conservação, domesticação e melhoramento genético. Dessa forma o presente trabalho caracterizou, acessos de *A. humile* em área de Cerrado nativo, por meio de descritores e estimativas de parâmetros genéticos. Para isso, foram avaliados 49 acessos no Parque Nacional das Emas (GO/MS), considerando variáveis morfoagronômicas dos frutos e pseudofrutos. As análises estatísticas foram realizadas pelos métodos REML/BLUP e pelos agrupamentos de Tocher e Ward. Os resultados revelaram ampla variabilidade genética entre os acessos, com destaque para °Brix e massa total, que apresentaram maiores valores de herdabilidade e variância genotípica. O método de Ward demonstrou maior capacidade de distinção entre os genótipos, formando 18 grupos distintos e identificando o acesso 45 como o mais divergente. Os resultados evidenciam ampla variabilidade genética entre os acessos de *A. humile*, demonstrando o potencial da espécie para utilização em programas de melhoramento genético e em estratégias de conservação. Essa diversidade constitui um recurso valioso para o aprimoramento dessa frutífera, favorecendo seu uso sustentável e contribuindo para a preservação da variabilidade genética dessa espécie nativa do Cerrado.

Palavras-chave: Cerrado; Anacardiaceae; variáveis morfoagronômicas; variabilidade genética

ABSTRACT

The Cerrado is known as one of the main global biodiversity hotspots, but it suffers intense pressure due to agricultural expansion and extractive activities, which threatens several native species, such as the Cerrado cashew (*Anacardium humile* A. St.-Hil.). This fruit-bearing species has regional economic and social potential, being mainly used in extractive activities; however, the limited availability of information on its genetic variability and morpho-agronomic characteristics restricts its advancement in conservation, domestication, and genetic improvement programs. Therefore, this study characterized accessions of *A. humile* in a native Cerrado area using descriptors and estimates of genetic parameters. To this end, 49 accessions in the Emas National Park (GO/MS) were evaluated, considering morpho-agronomic variables of the fruits and pseudo-fruits. Statistical analyses were performed using the REML/BLUP methods and Tocher and Ward clustering. The results revealed wide genetic variability among the accessions, with °Brix and total mass standing out, showing higher heritability and genotypic variance values. Ward's method demonstrated a greater capacity for distinguishing between genotypes, forming 18 distinct groups and identifying accession 45 as the most divergent. The results highlight wide genetic variability among *A. humile* accessions, demonstrating the species' potential for use in genetic improvement programs and conservation strategies. This diversity constitutes a valuable resource for the improvement of this fruit tree, favoring its sustainable use and contributing to the preservation of the genetic variability of this native Cerrado species.

Keywords: Cerrado; Anacardiaceae; morpho-agronomic variables; genetic variability.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	12
2.	OBJETIVOS	15
2.1.	Objetivo geral	15
2.2.	Objetivo geral	15
3.	MATERIAIS E MÉTODOS	15
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
5.	CONCLUSÃO	33
6.	REFERÊNCIA	33

1. INTRODUÇÃO

O Cerrado, segundo maior ecossistema do Brasil, ocupa cerca de 23,9% da área do país e é reconhecido como um *hotspot* global de biodiversidade. Esse bioma se destaca pela variedade de habitats e pela quantidade de espécies endêmicas. Com um clima predominantemente tropical sazonal, oferece condições adequadas para o desenvolvimento de espécies com potencial para pesquisa, exploração e comércio (Brasil, 2004).

A flora do Cerrado possui muitas espécies frutíferas de alto valor, identificadas por suas várias utilizações no setor farmacêutico e alimentício. As espécies destacam-se por seu valor nutricional, sabor e aromas únicos (Reis; Schmiele, 2019). No entanto, esse patrimônio natural vem passando por mudanças (Gomes et al., 2020).

O setor agrícola tem crescido, em média, cerca de 3% ao ano, e essa expansão já resultou na perda de aproximadamente 40% da vegetação nativa. Além disso, mais da metade desse bioma está sendo usada para atividades econômicas (Brasil, 2004) e segundo Araújo et al. (2022), aproximadamente 80% do Cerrado já sofre algum nível de degradação, o que evidencia a necessidade urgente de estratégias eficazes para sua conservação.

De acordo com Dos Santos et al. (2023) e Zuffo et al. (2018), o *Anacardium humile* A. St.-Hill, também conhecido popularmente como cajuzinho-do-cerrado ou cajuí, é uma das espécies nativas com importância econômica e nutracêutica. Pertencente à família Anacardiaceae, ocorre em diferentes fitofisionomias do Cerrado, como o campo sujo, caracterizado pelo predomínio de vegetação herbácea com arbustos distribuídos de forma esparsa, e o Cerrado sensu stricto, que apresenta árvores de pequeno porte, geralmente tortuosas e espaçadas, associadas a um estrato arbustivo-herbáceo bem desenvolvido (Ribeiro; Walter, 1998). A espécie está distribuída no Distrito Federal e pelos estados da Bahia, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Paraná, Rondônia e São Paulo (Belo et al., 2019, Souza et al., 2023).

O cajuzinho-do-cerrado (*A. humile*) é um subarbusto hermafrodita que floresce de junho a novembro e frutifica nos meses de outubro a novembro. Espécie perene, de pequeno porte (30–150 cm de altura), é definida por folhas coriáceas, alternadas e inflorescência terminal, com flores pequenas, cálice esverdeado e pétalas vermelhas listradas (Lorenzi, 2006; Silva-Luz; Pirani, 2010; Ressel et al., 2015; Costa et al., 2021). Nas regiões do Cerrado, seu pedúnculo tem grande valorização, sendo possível consumi-lo tanto *in natura* quanto processado (Santos; Santos Junior, 2015; De Lima Júnior et al., 2021; de Oliveira et al., 2023).



Figura 1 - *Anacardium humile* (Cajuzinho-do-cerrado).

Fonte: Próprio autor (2024)

Apesar de pouco estudada e não domesticada, essa espécie tem sido prejudicada pelo extrativismo predatório e o crescimento das áreas agrícolas, o que torna urgente a necessidade de caracterização, coleta, conservação e seleção de plantas produtivas para início do processo de seleção e domesticação, tornando-se um objeto de estudo de grande importância e contribuição para diversos segmentos (Silva et al., 2001; Pereira et al., 2019; Barrera-Redondo et al., 2020).

A identificação de variações fenotípicas e genéticas é de grande importância para o processo de conservação, pois permite a avaliação da variabilidade genética entre populações de uma mesma espécie e a conexão entre essas variações (Silva et al., 2007; Gonçalves et al., 2013; Paixão, 2023). Tal prática é relevante em plantas não domesticadas, pois auxilia na detecção do potencial genético e na coleta de dados destinados à preservação e à utilização comercial (Moura et al., 2003; Gusmão, Vieira e Fonseca Júnior, 2006; Valentim, 2024).

Sendo assim, a identificação por meio de descritores morfoagronômicos é essencial para distinguir e preservar etnovariedades, contribuir para programas de melhoramento na identificação de genótipos superiores, estimulando inovações para a produção frutícola e futuros consumidores (Fuhrmann et al., 2016; Giles et al., 2018, Ronoh et al., 2019).

A adoção desses descritores morfoagronômicos deve-se à sua facilidade de medição e baixo custo (Tao et al., 2014; Silva et al., 2017; Ronoh et al., 2019). A escolha desses descritores exige a seleção de variáveis com alto poder discriminatório, que não restrinjam a compreensão da variabilidade genética, descartando-se características redundantes ou de difícil aferição (Strapasson; Vencovsky; Batista, 2000; Paiva et al., 2010). Como descrito por Guimarães et al. (2007), essa análise viabiliza a detecção da divergência genética entre os

acessos, sendo um passo fundamental para a preservação e o uso estratégico do germoplasma disponível.

Aliada à caracterização morfoagronômica, a estimativa de parâmetros genéticos é fundamental para ampliar o conhecimento sobre a variabilidade da população e orientar estratégias de conservação e melhoramento. Tais indicadores permitem compreender a variabilidade intrínseca às populações, fornecendo subsídios essenciais para embasar o processo decisório e auxiliar na identificação de genótipos superiores, bem como na predição do avanço genético ao longo das gerações. Nesse sentido, quantificar a magnitude da variabilidade disponível e o potencial de resposta à seleção torna-se imperativo para a estruturação de programas mais eficientes (Costa et al., 2004; Verardi et al., 2013; Cruz; Carneiro; Regazzi, 2014).

No âmbito dos principais parâmetros genéticos, destacam-se a herdabilidade e o ganho de seleção. A primeira expressa a proporção da variação fenotípica atribuída a efeitos genéticos, indicando o grau de transmissibilidade de caracteres de interesse; já o segundo representa o progresso esperado após a seleção de indivíduos superiores. Sob essa ótica, a análise conjunta desses fatores possibilita avaliar a eficácia do processo seletivo e estimar o avanço possível em cada ciclo de melhoramento, contribuindo diretamente para a obtenção de cultivares com atributos agronômicos otimizados (Costa et al., 2004; Verardi et al., 2013; Resende, 2002).

Nesse cenário, pesquisas focadas na conservação de materiais genéticos de melhor qualidade e no desenvolvimento de métodos de cultivo sustentáveis são importantes para reduzir a pressão do extrativismo sobre as populações naturais, contribuindo para a conservação da variabilidade genética da espécie. Além disso, a identificação e preservação de diferentes genótipos com características desejáveis permitem conservar indivíduos de grande potencial agronômico e auxiliar na redução da ameaça aos recursos naturais (Silva, 2010; Junqueira, 2012).

Desta forma, objetivou-se com esse trabalho avaliar, por meio de descritores morfoagronômicos e parâmetros genéticos, acessos de cajuzinho- do-cerrado (*Anacardium humile* A.St.-Hil.) em áreas de Cerrado nativo, com o intuito de selecionar plantas para início do processo de seleção e domesticação.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

Objetivou-se com este projeto dimensionar a variabilidade genética de acessos de uma população de cajuzinhos-do-cerrado, por meio de descritores morfoagronômicos e parâmetros genéticos de acessos de cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* A.St.-Hil.) em áreas de Cerrado nativo.

2.2. OBJETIVO GERAL

Objetiva-se em específico:

1. Caracterizar a variabilidade genotípica de acessos de cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* A.St.-Hil.);
2. Estimar os parâmetros genéticos como herdabilidade para identificar as características e acessos promissores para futuras domesticação e seleção; e
3. Estimar a divergência genética multivariada entre os acessos, buscando identificar genitores promissores.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

As coletas dos frutos foram realizadas nos dias 12 e 13 de outubro de 2024, na Unidade de Conservação Parque Nacional das Emas, localizada entre os municípios de Costa Rica/MS, Mineiros, Chapadão do Céu e Serranópolis/GO. A área encontra-se nas coordenadas 18°6'23" S e 52°55'40" O, com altitude variando entre 350 e 1000 metros, compreendendo ainda a faixa de 04°48' a 05°16' de latitude Norte e 60°05' a 60°44' de longitude Oeste. Durante as coletas de campo, foi realizado o registro das origens geográficas de cada acesso (Figura 2). Os dados climáticos da região foram obtidos da estação meteorológica de Costa Rica/MS do Inmet (Figura 3).

Parque Nacional das Emas

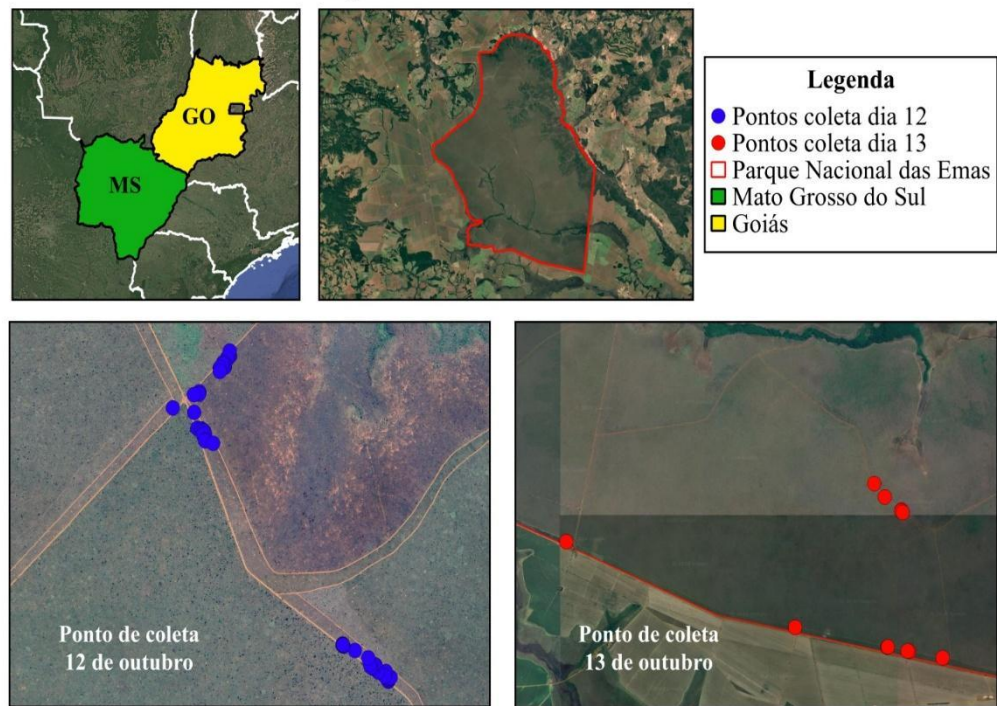


Figura 2 - Localização do Parque Nacional das Emas e pontos de coleta do dia 12 e 13 de outubro de 2024.
Fonte: Próprio autor (2026)

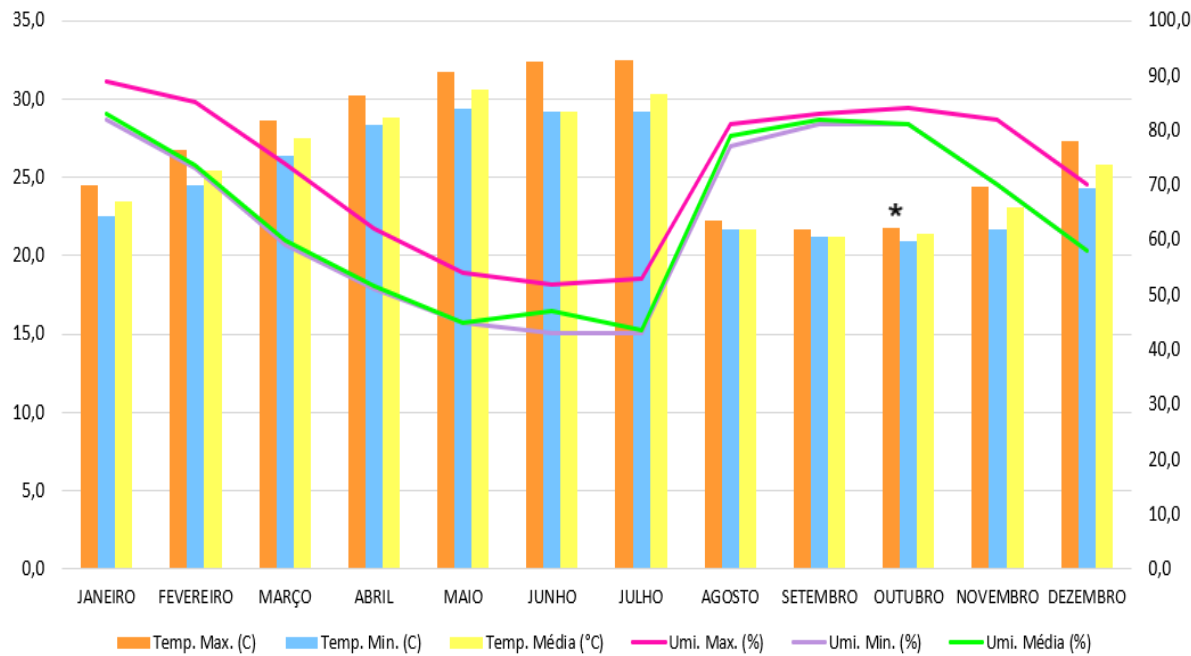


Figura 3 - Dados climáticos do município de Costa Rica/MS no ano de 2024. *Coleta
Fonte: Inmet - Mapa das Estações.

Para a realização do estudo, foram coletados, de forma aleatória, frutos e pseudofrutos de 49 acessos de cajuzinho-do-cerrado (*A. humile* A. St.-Hil.), sendo cada acesso representado

por um subarbusto. As coletas foram realizadas utilizando frutos em estágio ideal de maturação, descartando-se aqueles que apresentavam sintomas visuais de infestação por pragas, doenças, deterioração ou danos aparentes.

Tabela 1 - Coordenadas geográficas dos acessos de cajuzinho-do-cerrado avaliados.

Data da coleta	Matriz	Nº de Frutos	Latitude	Longitude	Altitude (m)
12-OUT-24	3	20	18° 4' 16.76" S	52° 55' 57.26" W	850,5
12-OUT-24	4	3	18° 4' 16.69" S	52° 55' 56.93" W	851,3
12-OUT-24	5	20	18° 4' 16.51" S	52° 55' 56.91" W	851,9
12-OUT-24	6	5	18° 4' 16.28" S	52° 55' 56.97" W	853,7
12-OUT-24	7	20	18° 4' 16.20" S	52° 55' 57.22" W	856,6
12-OUT-24	8	20	18° 4' 16.10" S	52° 55' 57.42" W	857,2
12-OUT-24	9	7	18° 4' 16.14" S	52° 55' 57.72" W	855,4
12-OUT-24	10	20	18° 4' 16.35" S	52° 55' 57.92" W	855,2
12-OUT-24	11	18	18° 4' 16.60" S	52° 55' 58.09" W	855,9
12-OUT-24	12	20	18° 4' 16.88" S	52° 55' 58.20" W	856,7
12-OUT-24	13	20	18° 4' 17.14" S	52° 55' 58.29" W	855,4
12-OUT-24	1	18	18° 4' 17.43" S	52° 55' 58.40" W	859,9
12-OUT-24	15	20	18° 4' 17.70" S	52° 55' 58.51" W	860,4
12-OUT-24	16	20	18° 4' 17.96" S	52° 55' 58.66" W	861,1
12-OUT-24	23	11	18° 4' 19.90" S	52° 55' 59.33" W	853,6
12-OUT-24	24	20	18° 4' 20.19" S	52° 55' 59.46" W	854,1
12-OUT-24	25	20	18° 4' 20.44" S	52° 55' 59.57" W	854,2
12-OUT-24	26	20	18° 4' 20.72" S	52° 55' 59.68" W	852,3
12-OUT-24	27	16	18° 4' 20.98" S	52° 55' 59.80" W	854,3
12-OUT-24	28	16	18° 4' 21.27" S	52° 55' 59.91" W	853,5
12-OUT-24	29	5	18° 4' 21.53" S	52° 56' 0.03" W	852,8
12-OUT-24	30	12	18° 4' 21.79" S	52° 56' 0.15" W	854,3
12-OUT-24	31	20	18° 4' 22.06" S	52° 56' 0.26" W	856,8
12-OUT-24	32	18	18° 4' 22.34" S	52° 56' 0.36" W	854,2
12-OUT-24	33	20	18° 4' 22.60" S	52° 56' 0.49" W	855,5
12-OUT-24	34	15	18° 4' 22.86" S	52° 56' 0.61" W	854,2
12-OUT-24	35	20	18° 4' 23.13" S	52° 56' 0.73" W	852,9
12-OUT-24	36	20	18° 4' 23.40" S	52° 56' 0.85" W	854,1
12-OUT-24	37	20	18° 4' 23.66" S	52° 56' 0.96" W	859,0
12-OUT-24	38	11	18° 4' 23.93" S	52° 56' 1.08" W	847,8
12-OUT-24	39	20	18° 4' 24.20" S	52° 56' 1.19" W	858,3
12-OUT-24	40	20	18° 4' 24.46" S	52° 56' 1.31" W	861,5
12-OUT-24	41	20	18° 4' 24.73" S	52° 56' 1.42" W	852,4
12-OUT-24	42	20	18° 4' 25.00" S	52° 56' 1.54" W	854,3
12-OUT-24	43	8	18° 4' 25.27" S	52° 56' 1.65" W	856,9
12-OUT-24	44	20	18° 4' 25.53" S	52° 56' 1.77" W	852,2
12-OUT-24	45	20	18° 4' 25.80" S	52° 56' 1.89" W	844,2
12-OUT-24	46	20	18° 18' 3.67" S	52° 49' 44.22" W	852,3

13-OUT-24	47	9	18° 18' 6.85" S	52° 49' 40.78" W	823,1
13-OUT-24	48	14	18° 18' 16.90" S	52° 49' 31.56" W	825,2
13-OUT-24	49	20	18° 18' 26.79" S	52° 49' 17.08" W	827,2
13-OUT-24	50	20	18° 18' 27.60" S	52° 49' 17.21" W	825,7
13-OUT-24	51	20	18° 18' 28.48" S	52° 49' 16.01" W	826,9
13-OUT-24	52	8	18° 18' 29.25" S	52° 49' 14.82" W	842,6
13-OUT-24	53	20	18° 18' 30.04" S	52° 49' 13.60" W	850
13-OUT-24	54	13	18° 18' 30.86" S	52° 49' 12.39" W	843,4
13-OUT-24	55	7	18° 18' 31.68" S	52° 49' 11.18" W	841,8
13-OUT-24	56	20	18° 18' 32.48" S	52° 49' 9.98" W	842,6
13-OUT-24	57	20	18° 18' 33.28" S	52° 49' 8.80" W	848,3
13-OUT-24	58	20	18° 18' 41.51" S	52° 49' 9.32" W	844,2

Após a avaliação das amostras no campo, o material vegetal foi acondicionado em sacos plásticos apropriados, devidamente rotulados e transportadas em caixa térmica até a Sala de Avaliação de Plantas do Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais (LCTV) da Faculdade de Engenharia da UNESP, Câmpus de Ilha Solteira. O material foi caracterizado com base em descritores fenotípicos vegetativos e em caracteres biométricos de frutos e pseudofrutos.

Neste estudo, foram avaliados os seguintes caracteres biométricos dos frutos: diâmetro mediano (mm) (DMF), comprimento (cm) (CF) e massa (g) (MF). Para os pseudofrutos, determinou-se o comprimento (cm) (CPF), diâmetro médio (mm) (DMPF), massa (g) (MPF) e teor de sólidos solúveis (°Brix). Além disso, avaliou-se o comprimento total (cm) (CTotal) e a massa total (g) (MTotal) do conjunto fruto-pseudofruto. As mensurações de comprimento foram realizadas com o auxílio de régua milimetrada, enquanto os diâmetros foram aferidos com paquímetro digital. A massa foi obtida por pesagem direta em balança de precisão (0,001 g), e o teor de sólidos solúveis foi quantificado utilizando-se um refratômetro digital (DBR0055).

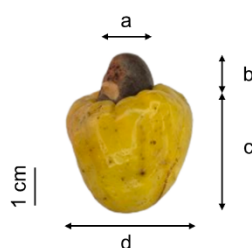


Figura 4 – Diâmetro mediano (a) e comprimento (b) do fruto. Comprimento (c) e diâmetro médio (d) do pseudofruto. Comprimento total (b+c) do conjunto fruto-pseudofruto de cajuzinho-do-cerrado (*A. humile*).

Os dados obtidos para as variáveis morfoagronômicas avaliadas nos frutos e pseudofrutos dos 49 acessos de *Anacardium humile* foram submetidos à Análise de Deviência (ANADEV) baseada no modelo estatístico para clones não aparentados. Para tanto, empregou-se o modelo misto definido pela equação $y = X\mu + Zg + \varepsilon$, em que:

y : representa o vetor de observações das características morfoagronômicas avaliadas nos frutos e pseudofrutos dos 49 acessos de *Anacardium humile*;

μ : a média geral (efeito fixo);

g : o vetor dos efeitos genotípicos (considerados aleatórios);

ε : o vetor de erros (também aleatório); e

X e Z : as matrizes de incidência associadas aos efeitos fixos e aleatórios.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, bem como o cálculo da distância generalizada de Mahalanobis, foram obtidas por meio do software Selegen – REML/BLUP (Resende, 2007).

Para a visualização do ranqueamento e seleção dos acessos, foram elaborados gráficos do tipo *Lollipop Chart* para cada um dos nove parâmetros avaliados. Os gráficos foram construídos no ambiente R (R Core Team, 2023), utilizando os pacotes *ggplot2* (Wickham, 2016) e *dplyr* (Wickham et al., 2023).

A representação visual consistiu na ordenação decrescente dos valores genotípicos preditos ($u+g$) de todos os 49 acessos, indicados por marcadores pontuais. Adicionalmente, foram inseridas barras de erro verticais em cada ponto, representando o respectivo Erro Padrão de Predição (SEP - *Standard Error of Prediction*) de cada variável, obtidos via software Selegen-REML/BLUP. Com o intuito de facilitar a identificação dos genótipos superiores, aplicou-se um critério de seleção com foco nos 10 melhores acessos para cada característica.

Visando a identificação de genótipos superiores que reúnem o maior número de características agronômicas e tecnológicas favoráveis simultaneamente (seleção múltipla), procedeu-se com a construção de um Mapa de Calor (*Heatmap*). Para isso, elaborou-se uma matriz binária de seleção, onde atribui-se o valor indicativo de presença aos acessos que figuraram entre os 10 melhores de cada parâmetro avaliado, e ausência aos demais.

O gráfico foi confeccionado no ambiente R, com o auxílio dos pacotes *ggplot2* (Wickham, 2016) e *tidyr* (Wickham et al., 2023). Para facilitar a interpretação biológica e a visualização da elite populacional, o eixo das ordenadas (linhas), contendo os acessos avaliados, foi reordenado de forma decrescente com base no somatório (frequência acumulada) de suas aparições no agrupamento superior.

A fim de avaliar a divergência genética entre os acessos, procedeu-se com o cálculo da distância generalizada de Mahalanobis, obtida a partir dos valores genotípicos preditos via metodologia REML/BLUP utilizando o software Selegen. Com base nessa matriz de dissimilaridade, as matrizes foram agrupadas utilizando dois métodos estatísticos complementares: o método de otimização de Tocher (Faria et al., 2012), executado no software GENES (Cruz, 2013; 2016), e o método hierárquico de Ward (Seidel et al., 2008). A confecção do dendrograma referente ao agrupamento de Ward foi realizada no ambiente RStudio, utilizando-se os pacotes *factoextra* e *ggplot2*.

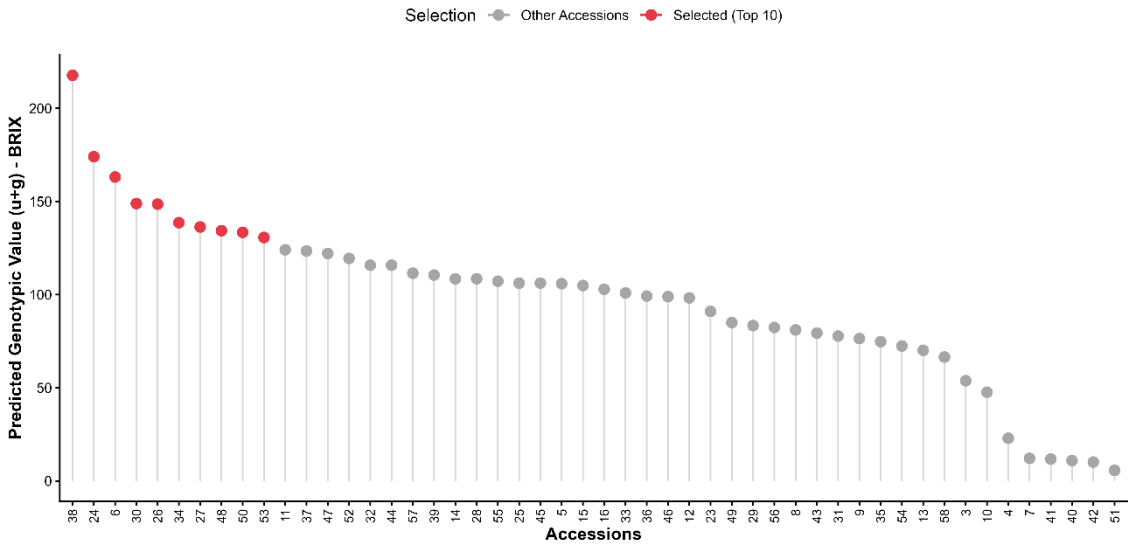
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Figura 5A, consta o ranqueamento e seleção dos acessos a partir dos valores genotípicos preditos (u+g) de todos os 49 acessos.

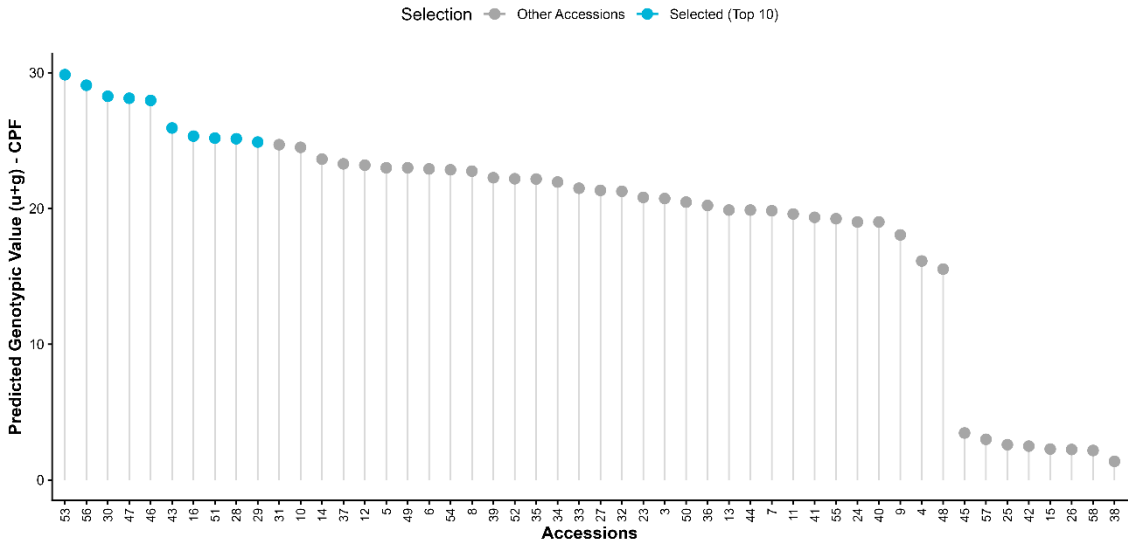
A análise de seleção múltipla, baseada na intersecção dos 10 melhores genótipos para cada característica, revelou a presença de indivíduos de alta superioridade genética simultânea (Figura 6). Os genótipos 29 e 51 destacaram-se como os mais promissores, figurando no agrupamento superior em oito das nove características avaliadas, demonstrando excelente conformação física e rendimento. Da mesma forma, o genótipo 53 apresentou desempenho superior em sete características, evidenciando seu potencial para compor a base genética de futuros programas de domesticação e melhoramento da espécie.

Os resultados observados podem estar relacionados não apenas à constituição genética dos acessos, mas também a fatores inerentes às condições naturais de ocorrência da espécie. Aspectos como a localização dos indivíduos na área da coleta, bem como diferenças de idade e estágio de desenvolvimento das plantas, podem ter contribuído para parte da variação observada entre os acessos. Entretanto, como essas variáveis não foram avaliadas, não foi possível determinar sua influência sobre as características analisadas.

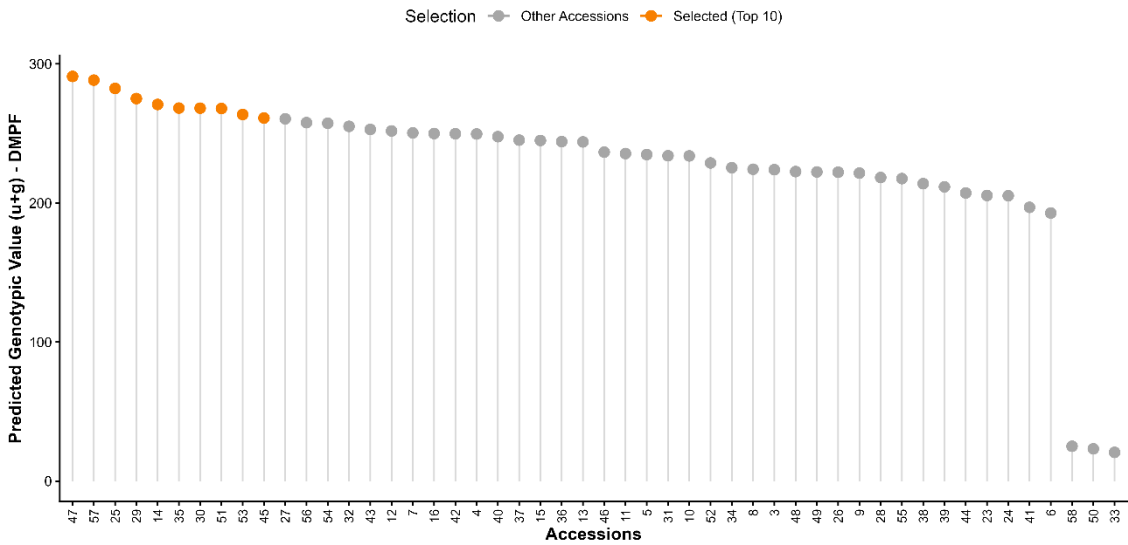
A



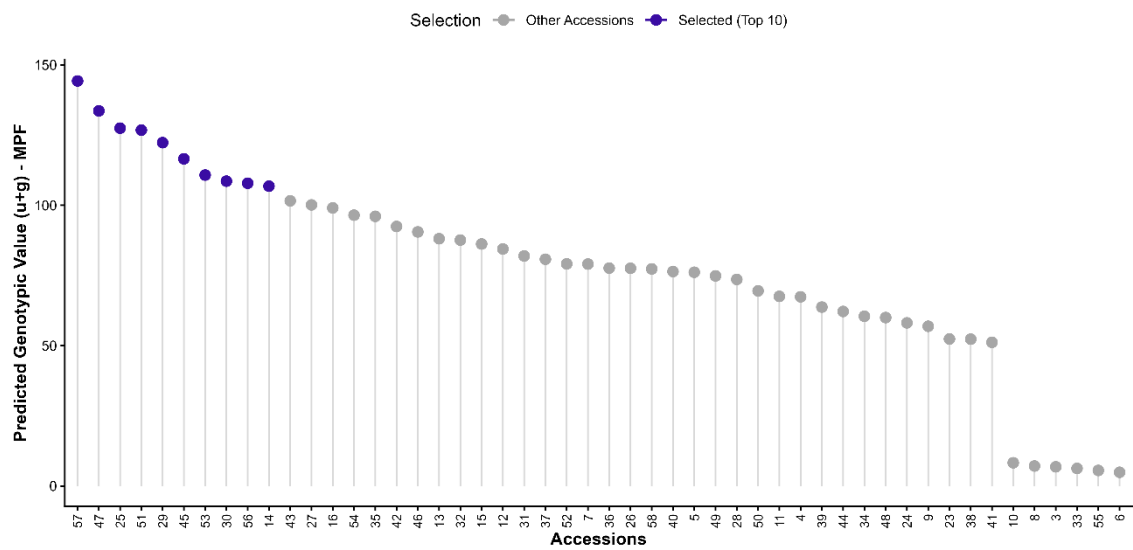
B



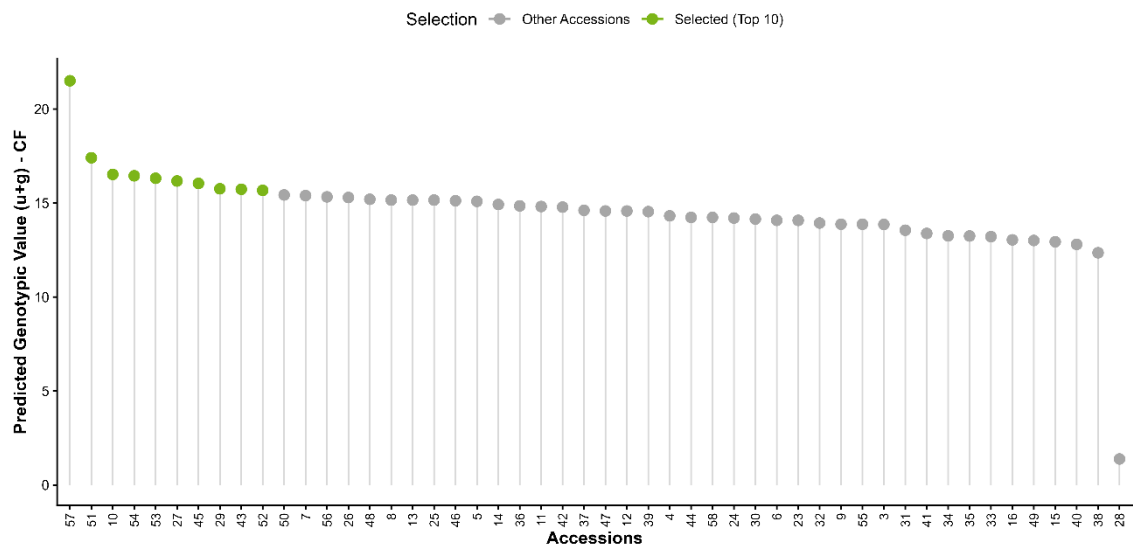
C



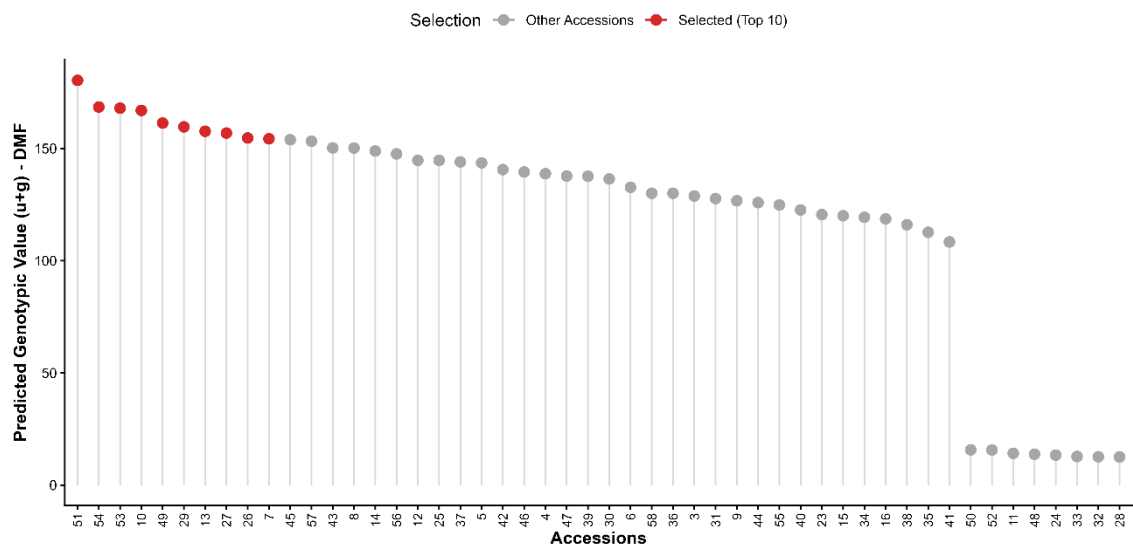
D



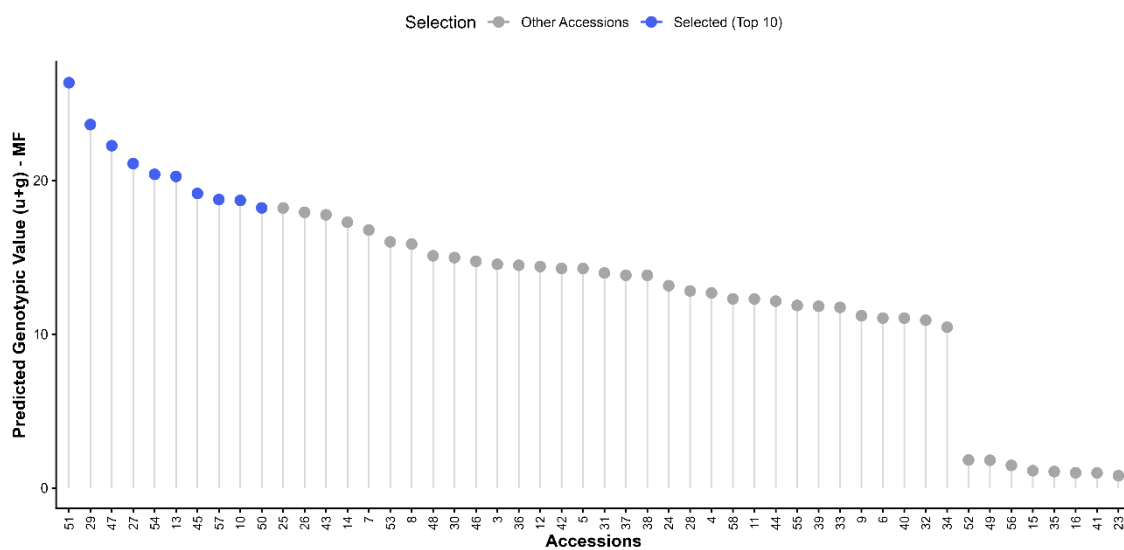
E



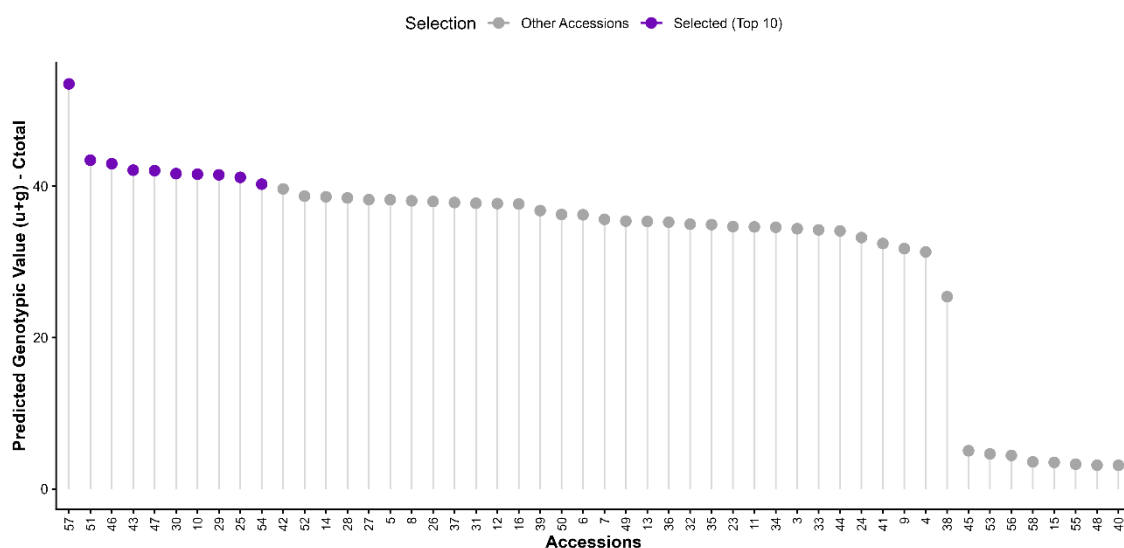
F



G



H



I

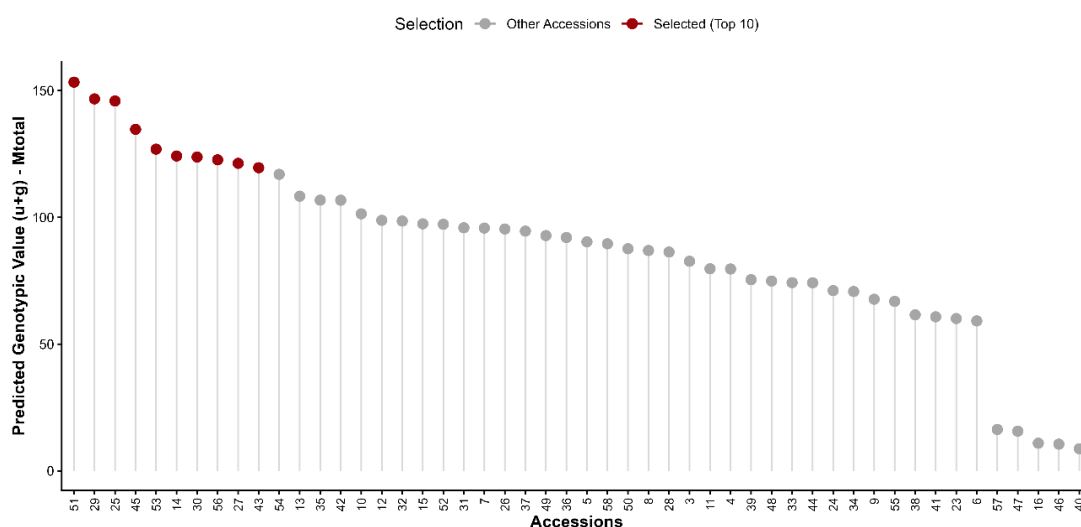


Figura 5. Ranqueamento dos acessos de *A. humile* para as características dos pseudofrutos (A, B, C e D), dos frutos (E, F e G) e do conjunto fruto-pseudofruto (H e I).

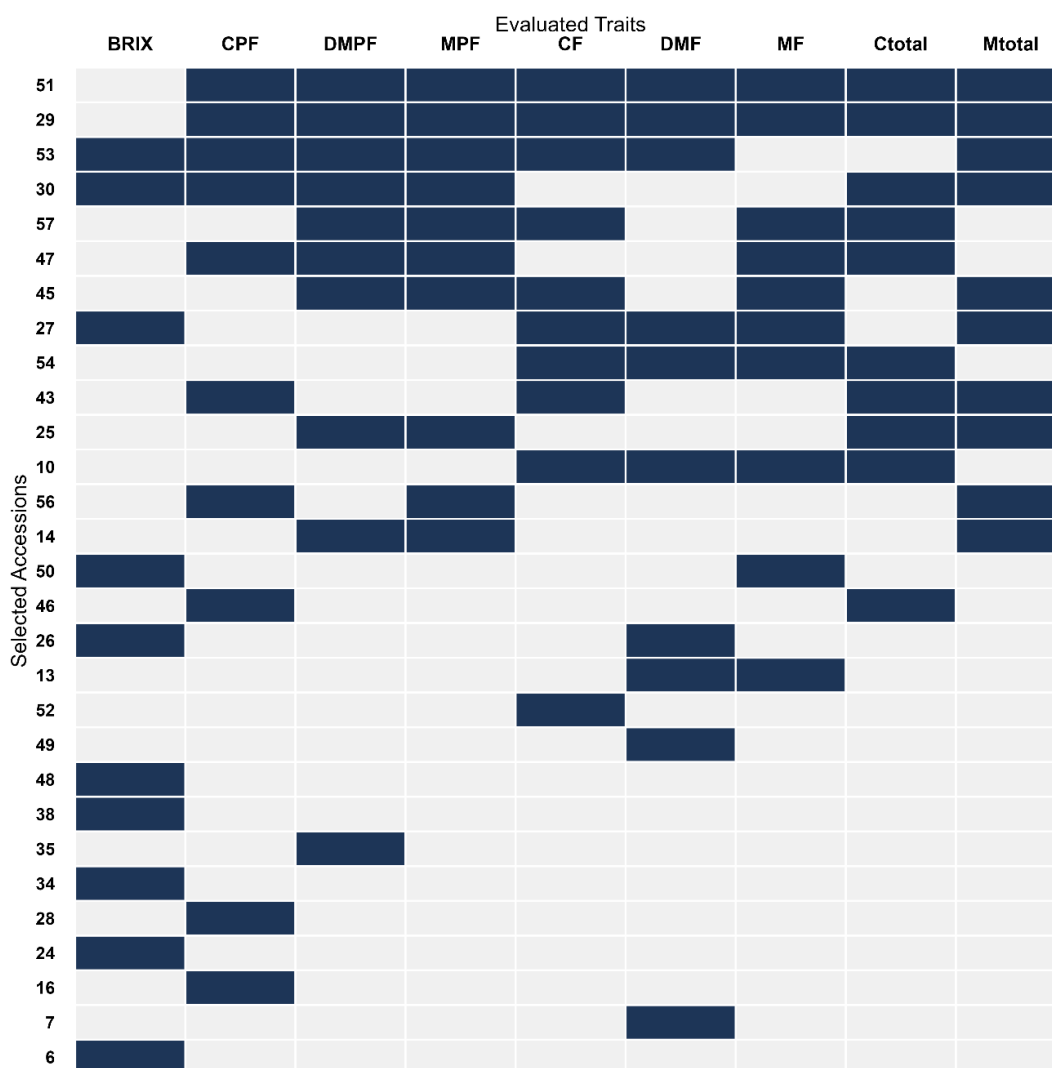


Figura 6. Seleção múltipla dos acessos de *A. humile* para as características (°Brix) teor de sólidos solúveis; (CPF) Comprimento do pseudofruto; (DMPF) Diâmetro mediano do pseudofruto; (MPF) Massa do pseudofruto; (CF) Comprimento do fruto; (DMF) Diâmetro mediano do fruto; (MF) Massa do fruto; (Ctotal) Comprimento total; e (Mtotal) Massa total.

Adicionalmente, o genótipo 53 apresentou desempenho superior para sete das características avaliadas, com destaque para o elevado teor de sólidos solúveis (°Brix). Esse atributo é amplamente valorizado por estar associado ao sabor e à qualidade dos frutos, além de contribuir para seu aproveitamento industrial e aceitação pelo consumidor. Dessa forma, juntamente com os acessos 29 e 51, o genótipo 53 destacou-se entre os materiais mais promissores da população avaliada, sendo recomendado para compor a base genética em futuras etapas de domesticação e melhoramento da espécie.

Ao analisar os parâmetros genéticos exibidos na Tabela 1, nota-se que a variância genotípica (σ_g^2) demonstrou uma ampla variação entre as características analisadas, variando de 0,03 em CF a 12,90 em °Brix. Os maiores valores foram observados para °Brix (12,90), MTtotal (7,23) e DMPF (6,18), sugerindo que essas variáveis apresentam maior contribuição genética para a variação observada entre os acessos.

Tabela 2 – Parâmetros genéticos e estatísticos para as variáveis avaliadas em frutos e pseudofrutos de *A. humile*.

Parâmetros	Variáveis		
	°Brix	CPF	DMPF
σ_g^2	12,90	0,16	6,18
σ_e^2	0,29	0,09	7,12
σ_f^2	13,19	0,25	13,30
h ² g	0,98 ± 0,23	0,64 ± 0,08	0,46 ± 0,07
CVgi%	32,68	17,39	10,34
CVe%	4,93	13,01	11,10
Média geral	10,99	2,28	24,04
	MPF	CF	DMF
σ_g^2	5,69	0,03	2,84
σ_e^2	3,54	0,32	2,06
σ_f^2	9,23	0,36	4,9
h ² g	0,62 ± 0,01	0,10 ± 0,03	0,58 ± 0,07
CVgi%	28,46	12,64	12,01
CVe%	22,45	38,57	10,25
Média geral	8,38	1,47	14,02
	MF	CTotal	MTotal
σ_g^2	0,16	0,27	7,23
σ_e^2	0,07	0,45	3,61
σ_f^2	0,24	0,72	10,83
h ² g	0,69 ± 0,08	0,38 ± 0,06	0,67 ± 0,08
CVgi%	27,07	13,91	27,21
CVe%	17,95	17,77	19,23
Média geral	1,5	3,76	9,88

* σ_g^2 : variância genética; σ_e^2 : variância de erro; σ_f^2 : variância fenotípica; h²g: herdabilidade individual no sentido amplo; CVgi%: coeficiente de variação genético; CVe%: coeficiente de variação experimental.

Os resultados evidenciam uma expressiva diversidade genética entre os acessos avaliados. As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram a existência de variabilidade

entre os materiais estudados, evidenciando diferenças que podem ser exploradas em programas de melhoramento. Os elevados valores de variância genotípica observados para algumas características sugerem que a expressão desses caracteres é fortemente influenciada pelos fatores genéticos, aumentando as chances de sucesso na seleção de indivíduos superiores. Entre as características avaliadas, o teor de sólidos solúveis totais (°Brix) e a massa total dos frutos merecem destaque por sua importância para a qualidade e produtividade, apresentando potencial para gerar avanços em futuros trabalhos de melhoramento genético.

Segundo Ferreira (2022), a variância genotípica (σ_g^2) indica que parte da variação total que se deve às diferenças genéticas entre os indivíduos analisados, mostrando o nível de diversidade genética presente em uma população. Por outro lado, a variância residual ou ambiental (σ_e^2) refere-se à variação causada por fatores externos, como solo, clima, manejo e erros experimentais. A variância fenotípica (σ_f^2), por sua vez, representa a variação total observada nos indivíduos, resultando da soma da variação genética e ambiental.

Assim, ao dividir a variância fenotípica entre os fatores genéticos e ambientais, torna-se possível compreender o quanto as diferenças observadas entre os indivíduos são causadas pela herança genética ou pela influência do ambiente.

Conforme destacado por Ferreira et al. (2003), compreender a natureza e a magnitude das variâncias e correlações entre os caracteres de interesse é essencial em programas de melhoramento, pois permite a identificação das características que são mais afetadas por fatores genéticos e, conseqüentemente, mais promissoras para a seleção. Nesse contexto, apenas a variância genotípica e suas correlações relacionadas são herdáveis e, portanto, direcionam as estratégias de melhoramento (Rodrigues, 2010).

A variância ambiental (σ_e^2) exibiu valores que variaram entre 0,07 (MF) e 7,12 (DMPF), sugerindo que o ambiente exerce diferentes graus de influência sobre as características (Tabela 1). Os valores mais elevados da variância ambiental, observados para DMPF (7,12), MTotal (3,61) e MPF (3,54), indicam que essas variáveis são fortemente afetadas por fatores ambientais, tornando a seleção direta baseada apenas no fenótipo menos preciso. Por outro lado, °Brix (0,29) e MF (0,07) apresentaram baixa variância ambiental, indicando que o ambiente teve menos influência e que essas características eram mais estáveis, facilitando a seleção fenotípica.

A variância fenotípica (σ_f^2), que indica a variação total entre os indivíduos, variou de 0,25 (CPF) a 13,30 (DMPF) (Tabela 1). Destacam-se °Brix (13,19) e DMPF (13,30), que mostraram os maiores valores, evidenciando uma ampla variação fenotípica entre os acessos analisados.

Esses resultados indicam a existência de ampla variabilidade entre os indivíduos avaliados, no qual pode ser utilizada em programas de melhoramento genético. No entanto, ao analisar os valores de variância genotípica (σ_g^2) e variância ambiental (σ_e^2), nota-se que o °Brix possui uma contribuição genética significativa, pois sua σ_g^2 (12,90) é alta, enquanto sua σ_e^2 (0,29) é baixa. Isso indica que a maior parte da variação observada para essa característica é de origem genética, o que a torna bastante estável e confiável para a seleção.

Por outro lado, as variáveis CF (0,36) e MF (0,24) mostraram valores de σ_f^2 mais baixos e uma contribuição genética menor, indicando uma redução na variabilidade total e um aumento na influência ambiental, dessa forma, o potencial de ganho genético por meio da seleção direta torna-se limitado. Assim, atributos como °Brix e DMPF se destacam por sua alta variabilidade e forte controle genético, sendo os mais promissores para a qualidade e produtividade dos frutos de *A. humile*.

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais importantes e frequentemente empregados, pois permite avaliar a precisão do valor fenotípico como indicador do valor genético dos indivíduos em uma população (Carneiro Júnior, 2009). Entender o coeficiente de herdabilidade (h^2) permite estimar os ganhos genéticos e orientar a seleção da estratégia mais apropriada para o melhoramento da espécie (Baldissera et al., 2014; Almeida, 2022).

Esse parâmetro oferece informações essenciais para a escolha dos métodos e etapas a serem utilizados no desenvolvimento de uma cultivar (Falconer, 1987; Reis, 2000; Mistro, 2013). Sua importância está na habilidade de mostrar como os efeitos genéticos influenciam a forma como as características se manifestam, uma vez que é o valor genotípico que define o potencial hereditário que será passado para as próximas gerações (Falconer; Mackay, 1996; Mistro, 2013).

Segundo Sturion et al. (2017), a herdabilidade em sentido amplo é adequada para produzir ganhos de seleção em plantas propagadas, ao passo que a herdabilidade em sentido restrito ganha maior importância para características transmitidas por meio da reprodução. Ele pode ser calculado como o quociente da variância genética pela variância fenotípica, sendo esta última resultante da soma das variâncias genética e ambiental (Ferreira et al., 2022).

Nesta análise, os valores de herdabilidade (h^2g) estimados para as variáveis avaliadas em *A. humile* mostraram uma grande variação entre as características, indicando que diferentes fatores, como genética e ambiente, influenciam cada uma delas.

O teor de sólidos solúveis ($^{\circ}\text{Brix}$) teve o maior valor de herdabilidade, com 0,98, seguido por CPF (0,64), MF (0,69) e CTotal (0,38), indicando que essas características apresentam maior influência dos fatores genéticos e menor influência das condições ambientais. Esses resultados sugerem que os valores observados nos frutos são confiáveis para indicar o potencial genético dos indivíduos, tornando essas características bastante promissoras para programas de melhoramento, especialmente na busca por frutos de melhor qualidade.

A importância do teor de sólidos solúveis observada neste estudo também foi relatada por Lucena (2006) em trabalhos com o cajueiro comum (*Anacardium occidentale* L.), nos quais essa característica foi apontada como um importante indicador da qualidade dos pseudofrutos. Por estar relacionada à concentração de açúcares, ela influencia diretamente o sabor e o potencial de aproveitamento industrial dos frutos, sendo especialmente relevante para a produção de sucos, doces e outros derivados. Nesse sentido, o desempenho superior de alguns acessos de *A. humile* para essa característica reforça seu potencial para utilização em programas de seleção voltados à obtenção de frutos com maior qualidade e valor agregado.

O coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}\%$) representa a amplitude da variação genética em relação à média do caráter, servindo como um indicador da variabilidade genética presente na população. Esse parâmetro, apresentado em forma percentual da média, possibilita a avaliação do potencial de resposta de uma característica à seleção, uma vez que reflete a dispersão relativa dos valores genotípicos (Almeida, 2022).

O coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi}\%$) apresentou uma variação de 10,34% para DMPF a 32,68% para $^{\circ}\text{Brix}$. Os maiores valores de $CV_{gi}\%$ em $^{\circ}\text{Brix}$ (32,68%) e MPF (28,46%) indicam uma grande diversidade genética entre os acessos para esses atributos, destacando seu potencial para seleção. Por outro lado, os menores valores registrados em DMPF (10,34%) e CF (12,63%) sugerem uma variabilidade genética mais limitada, o que pode restringir os avanços genéticos.

Por último, o coeficiente de variação residual ($CV_e\%$) variou de 4,93% ($^{\circ}\text{Brix}$) a 38,57% (CF). O baixo $CV_e\%$ de $^{\circ}\text{Brix}$ (4,93%) e DMPF (11,10%) indica elevada precisão nos experimentos e menor impacto de fatores ambientais, o que fortalece a credibilidade dos resultados para essas variáveis. Por outro lado, os valores mais altos de $CV_e\%$ em CF

(38,57%) e MPF (22,45%) mostram uma maior variabilidade ambiental, diminuindo a precisão do experimento e dificultando a análise dos resultados genéticos.

A análise dos parâmetros genéticos mostrou variações importantes no controle das características estudadas, proporcionando uma compreensão mais aprofundada da extensão da variabilidade encontrada entre os diferentes acessos de *Anacardium humile*. Esses resultados mostram a possibilidade de usar determinados caracteres em programas de melhoramento genético e em ações de conservação da espécie, além de destacar os fatores que devem ser considerados em futuras estratégias de seleção.

A variabilidade observada entre os acessos de *Anacardium humile* evidencia o potencial da espécie para ações de conservação, domesticação e melhoramento genético. Esse comportamento também tem sido relatado para o cajueiro comum (*Anacardium occidentale* L.), no qual a ampla variabilidade genética disponível tem possibilitado a seleção de materiais com características desejáveis para diferentes formas de utilização e comercialização (Lucena, 2006). Além disso, estudos com a espécie demonstram que características de interesse agrônomo podem apresentar elevado controle genético, favorecendo a obtenção de ganhos por seleção (Cavalcanti; Barros; Vidal Neto, 2009). Dessa forma, a identificação de acessos superiores e geneticamente divergentes em *A. humile* reforça o potencial da espécie como recurso genético promissor para futuras etapas de domesticação e melhoramento.

Nesse contexto, a estimativa de parâmetros genéticos se torna uma ferramenta fundamental para o processo de seleção, uma vez que possibilita a compreensão da estrutura e do potencial genético da população em análise. Tal abordagem oferece suporte técnico para a identificação de genótipos superiores (Ramalho; Santos; Pinto, 2000; Vencovsky, 1987), sem gerar custos extras para os programas de melhoramento (Mistro, 2013).

O dendrograma gerado pelo método de agrupamento de Ward indicou a existência de 18 grupos genéticos diferentes entre os acessos de *Anacardium humile* (Figura 5).

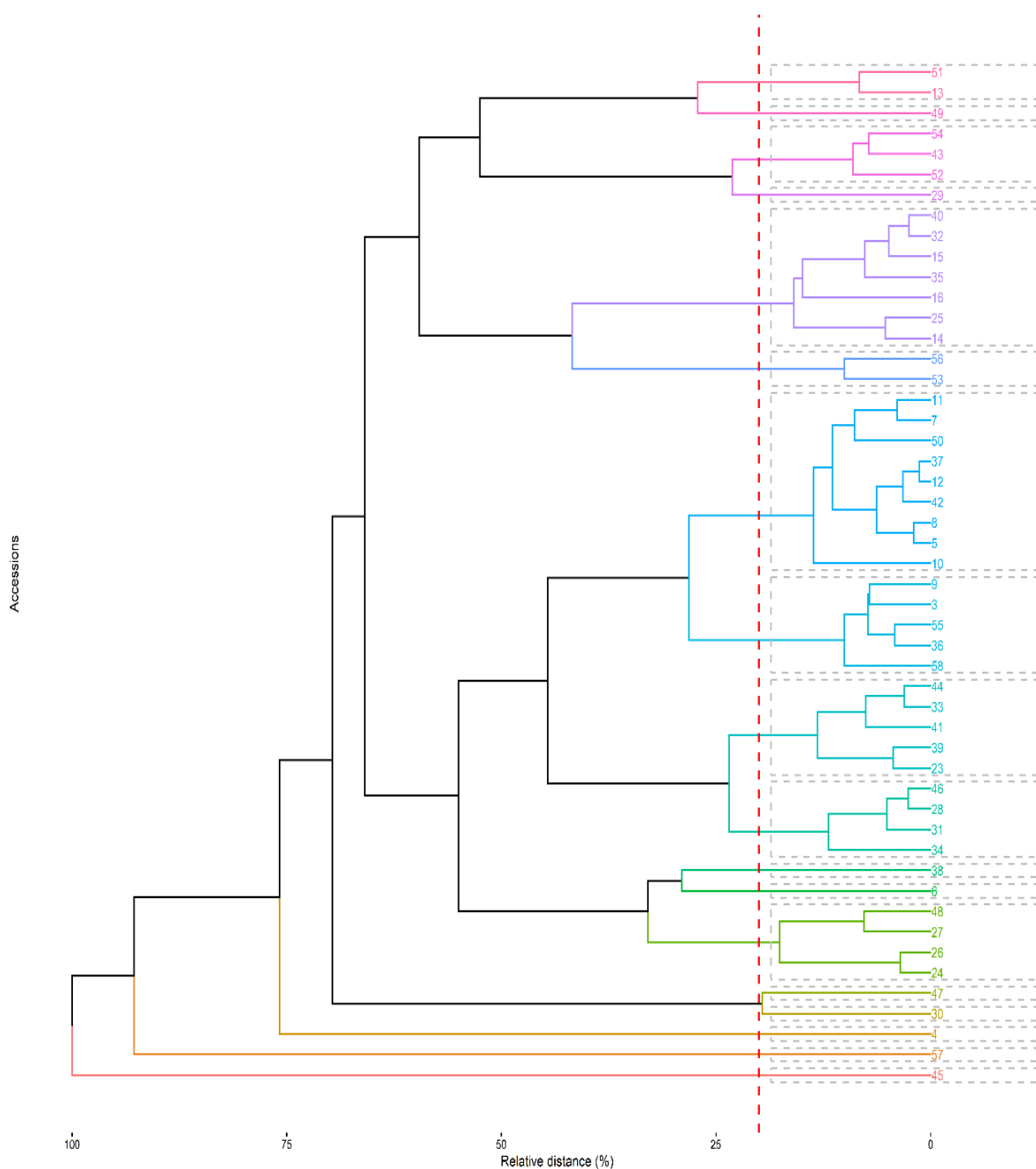


Figura 7. Método de Agrupamento de Ward.

No método de agrupamento de Ward (Figura 7), os acessos foram classificados de acordo com o grau de similaridade, permitindo visualizar a estrutura da variabilidade genética presente na população avaliada. Por meio desse método, os genótipos são organizados em grupos que reúnem indivíduos com características morfoagronômicas semelhantes. Por outro lado, a presença de ramos mais longos no dendrograma indica a existência de acessos mais divergentes, evidenciando diferenças entre os materiais avaliados. A identificação dessa divergência é importante para programas de melhoramento genético, uma vez que

cruzamentos entre genótipos mais distantes podem contribuir para o aumento da variabilidade genética e para a obtenção de combinações favoráveis em gerações futuras.

Observa-se ainda que alguns acessos que se destacaram para determinadas características morfoagronômicas, como os acessos 53, 51 e 29, não ficaram agrupados necessariamente no mesmo grupo. Isso pode ser explicado pelo fato de que a análise de agrupamento considera todas as características avaliadas em conjunto. Dessa forma, mesmo que esses acessos apresentem resultados superiores para alguns descritores, diferenças em outras características podem ter influenciado sua distribuição no dendrograma.

Entre os acessos analisados, o acesso 45 se destacou por apresentar maior dissimilaridade em relação aos demais, formando um grupo isolado (Figura 7). Esse comportamento sugere a presença de características genéticas diferenciadas quando comparado aos outros acessos avaliados. Em programas de melhoramento genético, materiais com esse perfil são importantes, pois podem contribuir para o aumento da variabilidade genética quando utilizados em cruzamentos. Além disso, a combinação do acesso 45 com genótipos que apresentam características agronômicas desejáveis pode favorecer a obtenção de descendentes com maior potencial de seleção.

Assim, o método de Ward evidenciou a existência de variabilidade genética entre os acessos analisados, mostrando-se eficiente na identificação de materiais promissores para utilização em programas de melhoramento genético.

A análise comparativa dos métodos de Ward e Tocher revela diferenças na sensibilidade para identificar a variabilidade genética. O método de Ward exibiu um poder discriminatório superior, dividindo os acessos em 18 grupos diferentes e evidenciando de forma detalhada a variedade genética presente.

Por outro lado, o método de Tocher agrupou os indivíduos em apenas três grupos, adotando uma abordagem mais generalista e conservadora, com uma tendência maior de agrupar indivíduos semelhantes no mesmo conjunto. Embora houvesse variações na quantidade de grupos formados, ambos os métodos concordaram em identificar o acesso 45 como o mais divergente, destacando sua relevância para estratégias de cruzamento que buscam aumentar a variabilidade e o ganho genético em programas de melhoramento do cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile*).

O método de Tocher (Tabela 2) resultou na formação de apenas três grupos principais, demonstrando uma estrutura de agrupamento mais compacta e conservadora quando comparado ao método de Ward.

Tabela 3 – Agrupamento pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 49 acessos de cajuzinho-do-cerrado para as variáveis avaliadas.

Grupos	Acessos	%
I	3; 4; 5; 6; 7; 8; 9; 10; 11; 12; 13; 14; 15; 16; 23; 24; 25; 26; 27; 28; 29; 30; 31; 32; 33; 34; 35; 36; 37; 38; 39; 40; 41; 42; 43; 44; 46; 47; 48; 49; 50; 51; 52; 53; 54; 55; 56; 58	95,92
II	57	2,04
III	45	2,04
Total	49	100,00

Entre os grupos identificados, 47 indivíduos foram agrupados em um único conjunto, o que sugere uma maior homogeneidade genética na maioria dos acessos. Mesmo assim, o acesso 45 permaneceu distante dos outros, particularmente do indivíduo 57, o que confirma sua posição como o mais geneticamente distinto no conjunto analisado. Assim, o método de Tocher se mostrou mais rigoroso na separação dos grupos, porém confirmou o padrão de divergência previamente identificado pelo método de Ward.

A análise comparativa dos métodos de Ward e Tocher revela diferenças na sensibilidade para identificar a variabilidade genética. O método de Ward exibiu um poder discriminatório superior, dividindo os acessos em 18 grupos diferentes e evidenciando de forma detalhada a variedade genética presente.

Por outro lado, o método de Tocher agrupou os indivíduos em apenas três grupos, adotando uma abordagem mais generalista e conservadora, com uma tendência maior de agrupar indivíduos semelhantes no mesmo conjunto. Embora houvesse variações na quantidade de grupos formados, ambos os métodos concordaram em identificar o acesso 45 como o mais divergente, destacando sua relevância para estratégias de cruzamento que buscam aumentar a variabilidade e o ganho genético em programas de melhoramento do cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile*).

De forma geral, os resultados mostram que há uma grande variedade genética entre os diferentes acessos de *Anacardium humile*, trazendo uma importante oportunidade para melhorar a espécie por meio de programas de melhoramento genético e ações de conservação. A identificação de características que são altamente herdáveis e que apresentam bastante variabilidade entre os genótipos reforça o potencial de obter ganhos significativos por meio da seleção. Além disso, a análise de agrupamento oferece informações úteis para ajudar na escolha dos melhores genitores e no planejamento das estratégias de manejo genético da espécie.

5. CONCLUSÃO

- Os acessos de cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile* A. St.-Hil.) apresentaram variabilidade genética para as características avaliadas, evidenciando a importância da espécie para conservação, domesticação e utilização em programas de melhoramento genético;
- As estimativas dos parâmetros genéticos demonstraram elevados valores de herdabilidade e variância genotípica para características como °Brix e massa total, indicando forte influência genética e maior possibilidade de sucesso na seleção dessas variáveis. Dessa forma, foi possível identificar acessos promissores para futuras etapas de domesticação e seleção da espécie; e
- A análise de divergência genética multivariada evidenciou diferenças genéticas entre os acessos avaliados. O método de agrupamento de Ward apresentou maior eficiência na formação dos grupos, resultando em 18 agrupamentos distintos e destacando o acesso 45 como o mais divergente em relação aos demais, indicando potencial de uso como genitor promissor em programas de melhoramento genético.

6. REFERÊNCIA

ALMEIDA, P. *et al.* Genetic parameters and gains with the selection of fig tree genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 44, e55796, 2022. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.55796>.

ARAÚJO, K. V. *et al.* Structural characterization and bioactivity of humic and fulvic acids extracted from preserved and degraded Brazilian Cerrado Biomes Soils. **Eurasian Soil Science**, v. 54, n. 1, p. 16-25, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1134/S1064229322030024>.

BALDISSERA, J. N. C. *et al.* Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Journal of Agroveterinary Sciences**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

BARRERA-REDONDO, J. *et al.* Genomic, transcriptomic and epigenomic tools to study the domestication of plants and animals: a field guide for beginners. **Frontiers in Genetics**, v. 11, p. 555-530, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00742>.

BELO, A. P. M. *et al.* Fenologia, biometria e precocidade de plantas de caju arbóreo do cerrado (*Anacardium othonianum* Rizz.). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 29, n. 4, p. 1653-1665, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5902/1980509818841>.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Plano de manejo do parque nacional das emas**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, 2004. Disponível em: <https://www.gov.br/icmbio/pt-br>. Acesso em: 19 jun. 2025.

CARNEIRO JUNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. In: GONÇALVES, R. C.; OLIVEIRA, L. C. (ed.). **Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia**. Rio Branco: Embrapa Acre, 2009. p. 197–208.

CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M.; VIDAL NETO, F. C. Avanços, desafios e novas estratégias do melhoramento genético do cajueiro no Brasil. In: **SIMPÓSIO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS DO NORDESTE**, 1., 2009. Anais. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2009.

COSTA, T. R. *et al.* Gallic acid anti-myotoxic activity and mechanism of action, a snake venom phospholipase A2 toxin inhibitor, isolated from the medicinal plant *Anacardium humile*. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 185, p. 494–512, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.06.163>.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547–552, 2016.

DE LIMA JÚNIOR, J. P. *et al.* *Anacardium humile* St. Hil as a novel source of antioxidant, antiglycation and α -amylase inhibitors molecules with potential for management of oxidative stress and diabetes. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 268, p. 113667, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jep.2020.113667>.

DE OLIVEIRA, C. B. *et al.* Application of response surface methodology in the characterization and sensorial analysis of *Anacardium humile* liqueur. **Food Chemistry Advances**, v. 3, p. 100533, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.focha.2023.100533>.

DOS SANTOS, G. F. *et al.* Mass spectrometry-based untargeted metabolomics approaches for comprehensive structural annotation of bioactive metabolites from bushy cashew (*Anacardium humile*) fruits. **South African Journal of Botany**, v. 163, p. 121–134, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2023.10.030>.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Ed. UFV, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FARIA, P. N. *et al.* Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428–432, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>.

FERREIRA, K. *et al.* Como determinar a herdabilidade para um caráter quantitativo? **Genética na Escola**, São Paulo, v. 17, n. 2, p. 215–236, 2022. DOI: 10.55838/1980-3540.ge.2022.443. Disponível em: <https://geneticanaescola.com.br/revista/article/view/443>. Acesso em: 18 set. 2025.

FERREIRA, M. A. J. F. *et al.* Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 3, p. 438-442, jul./set. 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362003000300004>.

GUSMÃO, E.; VIEIRA, F. A.; FONSECA JÚNIOR, E. M. Biometria de frutos e endocarpos de murici (*Byrsonima verbascifolia* Rich. ex A. Juss.). **Cerne**, Lavras, v. 12, n. 1, p. 84-91, jan./mar. 2006.

JUNQUEIRA, N. T. V. *et al.* Frutíferas nativas do cerrado: o extrativismo e a busca da domesticação. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 22., 2012, Bento Gonçalves. **Anais [...]**. Bento Gonçalves: SBF, 2012.

LORENZI, H. *et al.* **Frutas brasileiras e exóticas cultivadas**: de consumo *in natura*. Nova Odessa: Plantarum, 2006. 640 p.

LUCENA, V. M. X. **Diversidade genética entre genótipos de cajueiro (*Anacardium occidentale* L.) e qualidade do fruto e pseudofruto**. 2006. 91 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Ambientais) – Universidade Federal de Roraima, Boa Vista, 2006.

MISTRO, J. C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)**. 2013. 152 f. Tese (Doutorado em Engenharia Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

MOURA, N. F. *et al.* Estrutura espacial da variabilidade genética de populações naturais de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) no Cerrado. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A CULTURA DA MANGABA, 2003, Aracaju. **Anais [...]**. Aracaju: Embrapa-CPATC, 2003. 1 CD-ROM.

PAIVA, A. L. C. *et al.* Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 39, n. 2, p. 285-288, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982010000200009>.

PEREIRA, L. D. *et al.* Genetic diversity of bushy cashew (*Anacardium humile* A. St.-Hil.) based on characteristics of fruits. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 41, n. 5, e-065, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1590/0100-29452019065>.

R CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2023. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 7. ed. São Paulo: Globo, 2000.

REIS, A. F.; SCHMIELE, M. Características e potencialidades dos frutos do Cerrado na indústria de alimentos. **Brazilian Journal of Food Technology**, Campinas, v. 22, e2017238, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1590/1981-6723.15017>.

REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 2000. 120 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESSEL, K. A. *et al.* Desempenho de progênies de diferentes matrizes de cajuzinho-do-cerrado mediante o armazenamento e o peso das núculas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 10, p. 1782-1787, out. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20141143>.

RODRIGUES, H. C. A. *et al.* Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres de mamoneira. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 6, p. 1390-1395, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1413-70542010000600005>.

RONOH, R. *et al.* Morphological characterization, genetic diversity and population structure of African nightshades (section *Solanum* L.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 66, n. 1, p. 105-120, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-018-0700-z>.

SANTOS, R. C.; SANTOS JÚNIOR, J. R. Divergência genética por análise multivariada de caracteres fenotípicos de *Anacardium humile* (St. Hilaire). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n. 6, p. 521-530, nov./dez. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/0034-737X201562060007>.

SEIDEL, E. J. *et al.* Comparação entre o método ward e o método K-médias no agrupamento de produtores de leite. **Ciência e Natura**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 7-15, 2008. DOI: <https://doi.org/10.5902/2179460X9487>.

SILVA, D. B. *et al.* **Frutas do cerrado**. Brasília, DF: Embrapa Informações Tecnológicas, 2001.

SILVA, R. S. *et al.* Selection of morphoagronomic descriptors for the characterization of accessions of cassava of the Eastern Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, gmr16029595, 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16029595>.

SILVA-LUZ, C. L.; PIRANI, J. R. **Anacardiaceae in lista de espécies da flora do Brasil**. Rio de Janeiro: Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 2010.

SOUZA, J. M. *et al.* Genetic diversity and structure of *Anacardium humile* (Anacardiaceae) populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 58, e03186, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03186>.

STRAPASSON, E.; VENCovsky, R.; BATISTA, L. A. R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, n. 2, p. 373-381, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982000000200008>.

STURION, J. A. *et al.* Genetic parameters estimates and visual selection for leaves production in *Ilex paraguariensis*. **Bragantia**, Campinas, v. 76, n. 4, p. 492-500, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.2016.419>.

TAO, J. *et al.* Characterization of genetic relationship of dragon fruit accessions (*Hylocereus* spp.) by morphological traits and ISSR markers. **Scientia Horticulturae**, v. 170, p. 82-88, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.03.006>.

VALENTIM, T. D. S. *et al.* Caracterização morfológica de frutos de jenipapo. **Contribuciones a las Ciencias Sociales**, v. 17, n. 5, e6369, 2024. DOI: <https://doi.org/10.55905/revconv.17n.5-030>.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, cap. 5, p. 137-214.

WICKHAM, H. **ggplot2**: elegant graphics for data analysis. New York: Springer-Verlag, 2016.

WICKHAM, H. *et al.* **dplyr**: a grammar of data manipulation. R package version 1.1.2, 2023. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr>.

WICKHAM, H. *et al.* **tidyr**: tidy messy data. R package version 1.3.0, 2023. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=tidyr>.

ZUFFO, A. M. Biometria do hipocampo, fruto e semente e desenvolvimento das plântulas de *Anacardium humile* A. St. Hil. (Anacardiaceae). **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 41, n. 2, p. 464-474, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rca.18011>.