UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO DEPARTAMENTO DE CIÊNCIA FLORESTAL

DÉBORA ASSUNÇÃO DO NASCIMENTO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CASTANHA-DO-BRASIL (Bertholletia excelsa Humb. & Bonpl.) CONSIDERANDO VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES

DÉBORA ASSUNÇÃO DO NASCIMENTO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CASTANHA-DO-BRASIL (Bertholletia excelsa Humb. & Bonpl.) CONSIDERANDO VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES

Trabalho de Conclusão de Curso II, apresentado ao Curso de Engenharia Florestal da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte das exigências para obtenção do título de Bacharel em Engenharia Florestal.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Gallo

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação Universidade Federal Rural de Pernambuco Sistema Integrado de Bibliotecas Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

N244d Nascimento, Débora Assunção do

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CASTANHA-DO-BRASIL (Bertholletia excelsa Humb. & Bonpl.) CONSIDERANDO VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES / Débora Assunção do Nascimento. - 2021. 38 f. : il.

Orientador: Ricardo Gallo. Inclui referências e apêndice(s).

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Bacharelado em Engenharia Florestal, Recife, 2021.

1. Área de coleta de sementes. 2. Biometria. 3. variabilidade genética. 4. Processamento digital de imagens . 5. Análises multivariadas. I. Gallo, Ricardo, orient. II. Título

CDD 634.9

DÉBORA ASSUNÇÃO DO NASCIMENTO

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CASTANHA-DO-BRASIL (Bertholletia excelsa Humb. & Bonpl.) CONSIDERANDO VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES

Aprovado em 23 de fevereiro de 2021.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Marcone Moreira Santos
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Examinador

MSc. Lidiana Nayara Ralph
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Examinadora

Prof. Dr. Ricardo Gallo
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Orientador

RECIFE-PE

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pela minha vida, e por me permitir ultrapassar todos os obstáculos encontrados ao longo da realização desta graduação.

A minha mãe Sônia Flor da Assunção, que sempre estive ao meu lado me apoiando ao longo de toda a minha trajetória.

Ao meu namorado Diógenes Mariano, pelo amor, dedicação, paciência e carinho.

As minhas amigas Mickaelly Almeida e Daniela Pedrosa, pela parceria, amizade incondicional e por estar sempre presente em todos os momentos.

À Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE, essencial no meu processo de formação profissional, pela dedicação, e por tudo o que aprendi ao longo dos cinco anos do curso.

Ao meu orientador Prof. Dr. Ricardo Gallo, que apesar da intensa rotina de sua vida acadêmica aceitou me orientar nesta monografia. As suas valiosas indicações fizeram toda a diferença.

A todos os meus amigos do curso de graduação, em especial Jadiene Moura, Layanne Santos, Lucas Lima, Joselane Gomes, Bárbara Jossany, Felipe Tavares e Lucas Moura pela amizade, companheirismo e atenção. Vocês foram essenciais nesta trajetória.

E por fim, agradeço todas as pessoas que, de alguma forma, foram essenciais para que alcançasse este objetivo com o qual sempre sonhei.

Muito obrigada a todos.

RESUMO

Estudos vêm mostrando que com crescimento dos desmatamentos, explorações e coletas excessivas em áreas de florestas nativas onde encontrasse as populações dos castanhais da Bertholletia excelsa, podem vir ocasionar o desaparecimento dessa espécie em seu habitat natural. Portanto é de suma importância o desenvolvimento de pesquisas voltadas para fatores que podem influenciar na qualidade e potencial germinativo das sementes, na produção de frutos e na variabilidade da produção individual em diferentes árvores matrizes, para que sejam definidas as áreas de coletas de sementes com a intenção de futuramente a castanha-do-brasil possa ser introduzida em plantios comerciais. O presente estudo teve como objetivo verificar a divergência genética entre genótipos de Bertholletia excelsa em três diferentes procedências da Região Norte do Mato Grosso, Floresta Amazônica, Brasil, com base em características biométricas das sementes. Os frutos e sementes de Bertholletia excelsa foram coletados no município de Paranaíta, MT. Um total de 1.515 sementes foram avaliadas quanto ao comprimento, largura e espessura com o auxílio de um paquímetro digital e também foram avaliadas largura, espessura e área total das sementes com o Software ImageJ®. Após a obtenção dos dados foram realizadas as análises de variância (ANOVA), e em seguida as médias das características analisadas foram agrupadas e comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5 % de probabilidade. Foi calculado o coeficiente de correlação linear de Pearson (r), por meio dos dados de correlação (Paquímetro x ImageJ[®]). Já para a obtenção das medidas de dissimilaridade foi gerada a distância euclidiana média, análise de agrupamento por meio do método (UPGMA), e as variáveis canônicas (VC). Este estudo obteve resultados no qual foi possível verificar uma ampla variação fenotípica principalmente para característica de espessura no paquímetro digital. Evidencia-se também que o processamento digital de imagens é uma ótima ferramenta para constatar a existência da divergência genética em sementes para seleção de árvores matrizes. Assim, a espécie em estudo apresenta excelentes qualidades para ser utilizada como área de coleta de sementes, bem como em programas de melhoramento genético para produtos florestais não madeireiros.

Palavras-chave: Área de coleta de sementes, biometria, variabilidade genética, processamento digital de imagens e análises multivariadas.

ABSTRACT

Studies have shown that with the increase in deforestation, exploitation, and excessive collection in areas of native forests where the populations of the chestnut trees of Bertholletia excelsa would meet, they may cause the disappearance of this species in its natural habitat. Therefore, it is of utmost importance to develop research aimed at factors that can influence the quality and germinative potential of seeds, fruit production and the variability of individual production in different matrix trees, in order to define the areas of seed collections with the intention Brazil nuts may be introduced in commercial plantations in the future. The present study aimed to verify the genetic divergence between genotypes of Bertholletia excelsa in three different origins in the Northern Region of Mato Grosso, Amazonian Forest, Brazil, based on the biometric characteristics of the seeds. The fruits and seeds of Bertholletia excelsa were collected in the municipality of Paranaíta, MT. A total of 1,515 seeds were evaluated for length, width, and thickness with the aid of a digital caliper and the width, thickness and total area of seeds were also evaluated with the ImageJ® Software. After obtaining the data, analysis of variance (ANOVA) was performed, and then the averages of the analyzed characteristics were grouped and compared by the Scott-Knott test at 5% probability. Pearson's linear correlation coefficient (r) was calculated using correlation data (Pachymeter x ImageJ). The mean Euclidean distance, cluster analysis using the method (UPGMA), and canonical variables (VC) were generated to obtain the dissimilarity measures. This study obtained results in which it was possible to verify a wide phenotypic variation, mainly for thickness characteristic in the digital caliper. It is also evident that digital image processing is a great tool to verify the existence of genetic divergence in seeds for selection of matrix trees. Thus, the species under study has excellent qualities to be used as a seed collection area, as well as in genetic breeding programs for non-wood forest products.

Keywords: Seed collection area, biometrics, genetic variability, digital image processing and multivariate analysis.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Análise de variância entre as fontes de variação do comprimento no $ImageJ^{\circledR}$
largura no ImageJ®, área total das sementes no ImageJ®, comprimento no paquímetro, largura
no paquímetro e espessura no paquímetro em quarenta e sete árvores matrizes24
Tabela 2 - Análise de variância entre as três populações de castanha-do-Brasil (Bertholletic
excelsa) com base nas análises biométricas de largura (mm), comprimento (mm), área total
(mm²) das sementes no ImageJ® e largura (mm), comprimento (mm) e espessura (mm) no
paquímetro
Tabela 3 - Coeficiente de correlação entre as características de sementes de B. excelsa,
avaliadas largura (mm) e comprimento (mm) mensuradas no paquímetro no $ImageJ^{\circledR}$ e
espessura (mm) mensurada no paquímetro e área (mm2) mensurada no ImageJ [®]

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Mapa de localização das áreas de coletas de frutos e sementes de Bertholletia
excelsa
Figura 2 - Biometria com paquímetro digital em sementes de Bertholletia excelsa e Número
de sementes (NS) por fruto
Figura 3 - Imagem das sementes de <i>Bertholletia excelsa</i> com identificação da matriz22
Figura 4 - Biometria das sementes de <i>Bertholletia excelsa</i> no Software ImageJ [®]
Figura 5 - Dendrograma gerado a partir do agrupamento pelo método UPGMA realizado com
os dados obtidos pela análise biométrica de sementes com base em sete caracteres avaliados
em 47 árvores matrizes de castanha-do-brasil (Bertholletia excelsa)
Figura 6 - Dispersão gráfica das variáveis canônicas em quarenta e sete matrizes de castanha
do brasil (Bertholletia excelsa) com base nas sete características avaliadas nas sementes29
Figura 7 - Contribuição relativa às características avaliadas para diversidade - SINGH, de
acordo com distância euclidiana

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

ACS - Áreas de Coletas de Sementes

AM - Amazonas

ANOVA - Análise de Variância

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

MM - Milímetros

PEVS - Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura

PFNM - Produtos Florestais Não Madeireiros

UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco

UPGMA - Método da Ligação Média entre Grupos

VC - Variáveis Canônicas

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
1.1. OBJETIVOS	13
1.1.1. Geral	13
1.2.1. Específicos	13
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1. Características da Espécie	14
2.2. Diversidade Genética	15
2.3. Melhoramento Genético	16
2.4. Áreas de Coletas de Sementes – ACS	18
3. MATERIAIS E MÉTODOS	20
3.1. Variáveis Analisadas	21
3.2. Análises Estatística	23
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
4.1. Biometria em sementes Bertholletia excelsa	24
4.2. Variabilidade genética em sementes <i>Bertholletia excelsa</i>	27
5. CONCLUSÃO	31
6. REFERÊNCIAS	32

1. INTRODUÇÃO

A Bertholletia excelsa Humb. & Bonpl. conhecida popularmente como Castanha-do-Brasil ou Castanha-do-Pará, apresenta maior incidência nos estados do Acre, Amapá, Amazonas, Mato Grosso, Maranhão, Pará e Roraima. Ocorre em terras não inundáveis em áreas de florestas por todo o território amazônico e em áreas de cultivos fora do seu ambiente natural (RIBEIRO et al, 2020). É uma das espécies símbolo da Amazônia, em virtude da sua importância social, ecológica e econômica para a região (AGUIAR et al., 2018).

Nos últimos anos vem aumentando a procura por produtos florestais não madeireiros (PFNMs), por fazer parte da renda das comunidades tradicionais da Amazônia, entre esses produtos, está à castanha-do-brasil que já tem seu mercado definido do Brasil e no mundo, não apenas pelo alto valor nutritivo, como também pelo alto valor comercial para a economia local (ZORÓ, 2010). Sua amêndoa é o produto vegetal de maior interesse para os extrativistas da Amazônia, pois apresenta uma importante fonte de renda, não só para os extrativistas que se nomeiam castanheiros, mas também para os indígenas e quilombolas que fazem parte da região de produção dessa espécie (RIBEIRO, 2018).

Apesar do grande interesse dos extrativistas pela espécie, foi constatado com base nos dados do Sistema IBGE de Recuperação Automática (SIDRA, 2019), que nos últimos seis anos vêm ocorrendo uma queda na produção dos castanhais, podendo estar diretamente relacionado com aumento do desmatamento e da exploração excessiva dessa espécie. Por esse motivo a espécie *Bertholletia excelsa*, encontrasse na lista nacional oficial de espécies da flora ameaçadas de extinção, de acordo com a portaria nº 43, de 31 de janeiro de 2014 (MMA, 2014).

Diante disso, se faz necessárias pesquisas que propiciem as análises morfométricas de sementes para auxiliar em programas de melhoramento genético, constatando a variabilidade genética entre indivíduos de uma mesma espécie ou de uma mesma população (RAMPAZO et al, 2018). Assim, a biometria de sementes é uma ferramenta essencial para identificar espécies fenotipicamente semelhantes e revelar à variabilidade genética dentro ou entre populações de uma mesma espécie e suas relações com fatores ambientais (DE ABREU ARAÚJO et al, 2015; RAMPAZZO et al, 2018).

No entanto, pesquisas com análises biométricas apresentam alguns impasses por ser realizado de forma manual e exigir um maior tempo para sua execução. Em razão disso, com surgimento de dispositivos para a realização de processamento digital de imagens, foi possível obter dados através de mensuração das sementes de forma rápida e precisa (PAIVA et al.,

2017). Esse dispositivo digital vem sendo utilizados em diversos trabalhos para análises de sementes com espécies florestais, como nos trabalhos realizados por (PAIVA et al., 2017), (FELIX et al., 2020), (SILVA, 2020) e (DOS SANTOS FERREIRA et al., 2020). Todos os trabalhos citados foram realizados por meio do processamento digital de imagens e do software ImageJ[®] e assim obtidos os dados de análises biométricas das sementes automaticamente.

Em função disso, ao utilizar as análises de processamento digital de imagens em conjunto com as análises multivariadas é possível determinar e identificar árvores matrizes com características morfológicas superiores e distintas das demais e fazer a demarcação de áreas de coleta de sementes (ACS) (VELASQUE, 2016). Com essa demarcação é possível conhecer a diversidade genética e as condições ambientais nas quais a espécie está introduzida, sua área de ocorrência e sua capacidade adaptativa, para assim, poder obter de sementes florestais e mudas de alta qualidade com diversidade genética adequada (VELASQUE, 2016).

Mesmo com o avanço tecnologia e a facilidade de se obter dados biométricos por meio do processamento digital de imagens, ainda são poucos os trabalhos que evidenciam a divergência genética por meio das análises morfometria de sementes, portanto esse trabalho tem intuito conhecer a variabilidade genética entre as diferentes populações e genótipos nativos de *Bertholletia excelsa*, identificar as árvores matrizes com as características desejadas e determinar áreas de coletas de sementes para que possam auxiliar em programas de melhoramento genético e conservação da espécie.

1.1.OBJETIVOS

1.1.1 Geral

Avaliar a divergência genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* em três procedências na Região Norte do Mato Grosso, Floresta Amazônica, Brasil, com base nas características biométricas das sementes.

1.2.1 Específicos

- ✓ Avaliar o comprimento, largura, espessura e área total de sementes de *B. excelsa*.
- ✓ Analisar a diversidade genética de B. excelsa com base nas características biométricas das sementes.
- ✓ Identificar possíveis procedências e genótipos com diversidade genética para determinar uma área de coleta de sementes.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Características da Espécie

A *Bertholletia excelsa* Humb. & Bonpl., é conhecida popularmente como Castanha-do-Brasil ou Castanha-do-Pará pertence à família Lecythidaceae, é uma espécie arbórea nativa da floresta amazônica, ocorre em áreas de terras não inundáveis e tem maior incidência nos estados do Acre, Amapá, Amazonas, Mato Grosso, Maranhão, Pará e Roraima. Assim como nos países da Venezuela, Colômbia, Peru, Bolívia e Guiana (TONINI, 2011; SILVA et al., 2013).

A castanheira é uma espécie de grande porte, com fuste retilíneo que pode atingir 50 metros de altura e 4 metros de diâmetro (PINTO et al., 2010). O caule é reto, tem forma cilíndrica com casca fendilhada de coloração escura. Suas folhas são esparsas, alternas e pecioladas, com coloração verde-escura na parte superior e pálida na parte inferior. As flores são brancas ou esbranquiçadas, com seis pétalas sendo uma delas transformadas em um capuz, o qual precisa ser levantando pelos polinizadores (SOUZA e WADT 2016). Tendo como principais polinizadores da castanheira as abelhas dos gêneros *Bombus*, *Centris*, *Xylocopa*, *Epicharis* e *Euglossinae* (SANTOS e ABSY, 2010).

O fruto ou ouriço como é nomeado, contém entre 11 e 21 sementes com amêndoas muito nutritivas por fruto, apresenta uma casca de cor marrom, lenhosa e muito rígida. Seus frutos levam 14 meses para atingir sua maturação completa e caem durante o período chuvoso (PEREIRA et al., 2019). Essas amêndoas contém uma excepcional concentração de ácidos graxos saturado, carboidratos, proteínas como excelsina que possui todos os aminoácidos essenciais, minerais como cálcio, sódio, ferro, potássio, magnésio, selênio e vitaminas A, B1, B2, B3 e E em grandes quantidades (SCHONS et al., 2017). Essa espécie apresenta duas formas e propagação sendo elas por sementes que é indicada para a produção de madeira e por via assexuada que são recomendadas para a produção de frutos (BOENO, 2019).

A castanheira possui madeira muito resistente, por esse motivo foi muito explorada levando extinção de áreas com muitos castanhais. Devido a isso, a exploração da madeira é proibida por lei, de acordo com o (Decreto n° 5.975 de 30 de Novembro de 2006 no seu artigo 29°), que proibi a exploração da castanha do Brasil para fins madeireiros originados em florestas nativas.

Diante da forte pressão sofrida por essa espécie, conhecer a silvicultura da castanhado-brasil é primordial para produção de mudas dessa espécie (SIMÕES *et al.* 2015). Pois para ter avanços na expansão de áreas de cultivo, é necessário encontrar alternativas viáveis para propagação vegetativa por meio de enxertia, já que é sabido que essa espécie apresenta algumas dificuldades para se propagar por meio das sementes para realizar a produção mudas (BOENO, 2019).

Devido às dificuldades de se produzir mudas de qualidades para introduzir os castanhais em áreas de cultivos, a produção mundial da castanha vem sendo reduzida no decorrer dos últimos anos, mesmo a grande maioria vinda de áreas de floresta nativa coletadas por extrativistas, não está sendo suficiente para atender à crescente demanda pelas suas amêndoas (DA SILVA, 2019). Por esse motivo, faz necessário que haja um maior interesse para a introdução de programas de conservação e melhoramento genético com essa espécie a *Bertholletia excelsa*, pois não existem dados recentes na literatura a respeito desses programas.

Apesar dessa redução mundial na produção dos castanhais, o Brasil encontrasse como o segundo produtor mundial e exportador dessa amêndoa, ficando atrás apenas da Bolívia que é a maior produtora e exportador da castanheira, segundo os dados da pesquisa sobre Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura (PEVS) do (IBGE, 2020), após a alta da produção em 2018, a produção da castanha-do-brasil em 2019 caiu e apresentou volume menor que o ano anterior de 3,7 %, alcançando 32,9 mil toneladas. No entanto, seu valor da produção cresceu 3,7 % e chegou a R\$ 135,8 milhões em 2019. No qual evidenciou o estado do Amazonas como o maior produtor, com 12,2 mil toneladas, destacando o município de Humaitá-AM que concentrou 13,7 % da produção nacional.

Por tanto, mesmo a espécie possuindo uma vasta distribuição é notável a redução da sua produção nas últimas décadas. No qual está relacionado diretamente devido à baixa diversidade genética da castanheira por toda a extensão da Amazônia, pois a espécie vem sofrendo modificações no percentual de variação em populações naturais em virtude do isolamento das populações, ocasionadas pelos processos de fragmentação florestal (SHEPARD JR et al., 2011; VIEGAS et al., 2011).

2.2 Diversidade Genética

A diversidade genética é o pilar da biodiversidade e da composição do ecossistema, pois ela é essencial para a sustentabilidade das espécies no qual garante a adaptabilidade de populações arbóreas em meio às mudanças ambientais (DA SILVA, 2019; LIU; KUCHMA; KRUTOUSKY, 2018). Por isso a conservação dos recursos genéticos está se tornado cada vez

mais urgente, devido à perda de populações e de sua diversidade genética, principalmente pela grande pressão antrópica, que vem causando a desintegração dos ecossistemas florestais (AGUIAR et al., 2013).

Diante disso, a diversidade genética pode ser definida como a quantidade total de variações de sequências genômicas presenciadas tanto entre as populações de uma espécie, como entre os indivíduos de uma população, podendo ser entendido por meio do método de distância genética tendo como base uma série de características assim como as morfológicas, agronômicas, fisiológicas, bioquímicas, polimorfismo de DNA entre outras em que o melhorista queira trabalhar. No entanto, praticamente toda variação fenotípica é o espelho de alguma variação genotípica, exceto em alguns casos em que as características sofrem influências do ambiente (MUNIZ et al., 2014, MACIEL, 2014).

Logo, por meio dos marcadores, pode-se correlacionar os genes que controlam algumas características de interesse dos melhoristas, podendo ser tanto quantitativas como quantitativas, no qual é possível ser utilizada inclusive para seleção simultânea das características desejadas e por meio delas o genoma das espécies é descoberto, provendo informações a respeito da estrutura e função da espécie em estudo (BEZERRA et al., 2018). Em virtude disso, os marcadores que colaboram para a construção de mapas genéticos, permitem distinguir se as características importantes de interesse são de herança complexa ou simples (LOPES, 2011).

Desse modo, é plausível ao melhorista, elaborar e planejar de maneira mais eficaz os métodos de condução do experimento e seleção de genótipos estáveis com a finalidade de obter ganhos genéticos para as exigências experimentais específicas, visto que a assimilação da diversidade genética e dos recursos genéticos é subsídio primordial na seleção de genitores, assim como no planejamento de um programa de melhoramento genético (SAYD, 2018). Portanto, o estudo da diversidade genética com uso de marcadores fenotípicos pode gerar importantes informações para serem utilizadas em programas de melhoramento genético e na conservação e no manejo de espécies florestais.

2.3 Melhoramento Genético

O melhoramento genético é o conjunto de técnicas e procedimentos que visam expandir a frequência dos genes com características desejáveis ou combinações genéticas boas que estão presentes em uma população (CARVALHO et al., 2016). Diante disso, o melhoramento é conhecido como a ciência que objetiva utilizar as espécies vegetais de acordo

com interesse social, ambiental e econômico. Visto que para ter sucesso na área de pesquisa com genética quantitativa, é fundamental dispor de informações disponíveis acerca da espécie a ser melhorada, variabilidade genética dos germoplasma, métodos de melhoramento a serem usados e assim como os domínios de metodologias de análises genético/biométricas, além de verificar se tem estruturas físicas, financeira e pessoas especializadas para realizar as atividades do programa de melhoramento (FERRÃO et al., 2015).

Por isso, ter conhecimento sobre a existência da variabilidade genética e da caracterização do germoplasma, torna-se essencial para a execução inicial de um programa de melhoramento genético no qual irá visar à seleção de genótipos que serão mais adaptados aos novos sistemas de produção. Em razão disso, toda a variabilidade genética encontrada é muito importante para o melhoramento genético das espécies, no qual irá favorecer na escolha de genitores com o melhor desenvolvimento vegetativo, reprodutivo e com resistência a doenças (DIAS et al., 2015, FERREIRA et al., 2016).

Para a obtenção e seleção de genótipos com qualidades superiores e desejáveis em programas de melhoramento genético, o processo é realizado a partir das informações fenotípicas dos indivíduos, mas muitas vezes este procedimento apresenta dificuldades, por ter caracteres com baixa herdabilidade e por serem de natureza quantitativa que são controlados por diversos genes, sendo diretamente influenciados por interações ecossistêmicas na expressão do fenótipo. Portanto, quando as avaliações fenotípicas apresentam principalmente caracteres de baixa herdabilidade, é preciso o uso de técnicas elaboradas de experimentação com o intuito de conseguir obter uma aproximação entre os fenótipos e os genótipos dos indivíduos (TOPPA et al., 2013).

Logo, a caracterização fenotípica é muito importante por contribuir nas tomadas de decisões, auxiliar na definição e combinações entre os indivíduos geneticamente dissemelhantes e fenotipicamente superiores, onde irá aumentar as possibilidades de obter genótipos com características superiores nas progênies que foram escolhidas para a seleção (HAWERROTH et al., 2020).

Todas essas informações são de suma importância para os melhoristas, visto que irá possibilitar na escolha dos melhores métodos a serem utilizados em futuros programas de melhoramento genético, pois os pesquisadores pretendem aumentar a produção e simultaneamente, conservar e recuperar o meio ambiente, garantindo a sustentabilidade dos sistemas de produção (AZEVEDO et al., 2012, MAFIO et al., 2012).

2.4 Áreas de Coletas de Sementes - ACS

O estudo e a seleção de áreas de coleta de sementes possibilitam conhecer o local e as circunstâncias ambientais em que a espécie está introduzida, assim como sua área de incidência e sua capacidade de se adaptar. Por isso, a seleção de áreas de coleta de sementes tem como objetivo garantir uma grande variabilidade genética do material propagativo, englobar um apropriado número de populações como também um número considerável de árvores que constituem a população e que não tenham nenhum ou que possuam um baixo grau de parentesco. Pois saber a cerca dessas informações são essenciais para garantir uma boa produtividade e um bom desempenho em reflorestamentos, assim como é fundamental que dentro das áreas sejam escolhidas árvores matrizes com características morfológicas superiores, já que essas árvores serão identificadas como fontes de sementes para o processo de produção de sementes e mudas (VELASQUES, 2016).

Portanto, a escolha das áreas para a definição e marcação das árvores matrizes possui uma função primordial na coleta de sementes, sendo está à primeira fase para a realização do projeto e planejamento a respeito do conhecimento da área (CRUZ, 2015).

Diante disso, é imprescindível a escolha de árvores matrizes com diversidade genética e qualidade de sementes para que se possa fornecer material genético apropriado para a conservação. Pois as árvores matrizes que são tidas como produtoras de sementes são definidas conforme a diversidade genética e a qualidade das sementes, de forma que se faz necessário realizar estudos com o uso de marcadores moleculares, assim como análises morfométricas, físicas e sanitárias das sementes, além de teste de viabilidade e vigor, a fim de caracterizar essas árvores matrizes (FELIX, 2019). Neste caso é importante realizar esses estudos já que sabido que as sementes de espécies florestais possuem geralmente baixas porcentagens de germinação, ocasionadas por microrganismos que podem causar anormalidades e deterioração das sementes (VECHIATO et al., 2013).

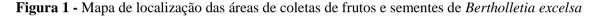
Devido a isso, o Brasil dispõe da Lei nº 10.711/2003, sobre o sistema nacional de sementes e mudas, assim como a Instrução Normativa nº 56/2011 na qual regulamenta e visam certificar a procedência, identidade e qualidades dessas sementes e mudas de florestas nativas ou exóticas (BRASIL, 2003; BRASIL, 2011). Na qual Decreto 10.586/2020 apresenta disposições gerais, no Art.82, inciso - I, onde entendesse por Área de Coleta de Sementes (ACS), área demarcada que contém uma ou mais espécies florestais ou de interesse medicinal ou ambiental, natural ou plantada, onde são coletadas sementes ou outro material de propagação (BRASIL, 2020).

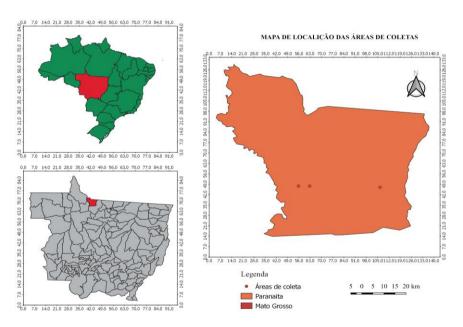
Portanto, ter conhecimento sobre área de coleta de sementes é fundamental para garantir a variabilidade e a diversidade genética dessas árvores matrizes em populações naturais, para que possam garantir sementes com qualidades superiores e que atendam os requisitos determinados pela legislação vigente.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

Os frutos e sementes de *Bertholletia excelsa* foram coletadas em árvores matrizes que estão localizadas no município de Paranaíta, Mato Grosso (Figura 1), em três populações, sob coordenadas: população 1: 9°43'40.9" Sul 56°27'22.0" Oeste; 9°; população 2: 43'21.1" Sul 56° 44'49.9" Oeste; e população 3: 9° 43'21.3" Sul 56° 47'35.3" Oeste.

Localizado no bioma amazônico, o município de Paranaíta está inserido em uma floresta ombrófila (OLIVEIRA, 2014). De acordo com a classificação de Köppen e Geiger o clima local é classificado como Am, caracterizado como uma região de clima tropical por apresentar estações seca e chuvosa, com temperatura média anual de 25.4 °C e pluviosidade média anual de 2298 mm (CLIMATE-DATA, 2021).





Para a elaboração desse estudo foram avaliadas 47 árvores matrizes em três diferentes procedências/populações, denominadas "M", "P" e "PR" com distância mínima de 100 metros entre as matrizes. Nas populações 1 e 2, foram realizadas coletas em 6 árvores matrizes e na população 3 foram realizadas coletas em 35 árvores matrizes. Em cada árvore matriz foram coletados dois frutos diretamente do chão, contendo entre 12 a 21 sementes por fruto, com um total de 1.515 sementes coletadas.

As sementes foram retiradas dos frutos com auxílio de um facão e separadas em sacos de papel Kraft com as identificações das suas matrizes e posteriormente foram conduzidas

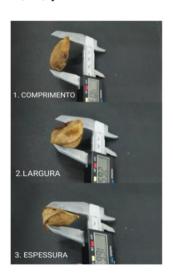
para o Laboratório de Análise de Sementes Florestais do departamento de ciências florestais da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

3.1 Variáveis Analisadas

Foram avaliadas a largura (mm), comprimento (mm), espessura (mm) e área total da semente (mm²) em 1.515 sementes. As medidas de largura (mm) e comprimento (mm) foram realizadas tanto com auxílio do paquímetro digital como no software imageJ[®], a espessura (mm) foi realizada somente por meio do paquímetro digital (Figura 2) e área total da semente (mm²) foi mensurada apenas no software ImageJ[®] (Figura 3 e 4). Além disso, foi contabilizado o número de sementes (NS) por fruto de cada matriz, sendo dois frutos por matriz.

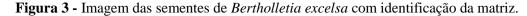
Para a determinação da biometria com paquímetro digital, foram realizadas mensurações do comprimento (mm), largura (mm) e espessura (mm) de forma manual e em seguida contabilizado o número de sementes por fruto.

Figura 2 - Biometria com paquímetro digital em sementes de *Bertholletia excelsa* e Número de sementes (NS) por fruto.





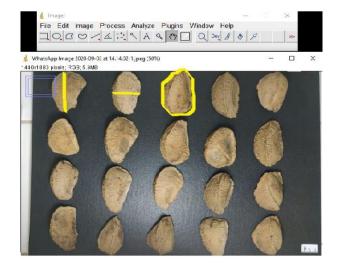
Para a determinação biométrica por meio do Software ImageJ[®], primeiramente foram realizadas fotografias, onde foi utilizado um suporte como apoio para que todas as fotografias estivessem a mesma distância e angulação, todas a sementes foram fotografadas com as identificações dos seus respectivos códigos das suas matrizes (Figura 3).





Após a realização e organização das fotografias, as imagens foram transferidas individualmente para o software ImageJ[®] para análise segundo metodologia de Felix et al., (2020) com modificações, pois não foi realizado o tratamento nas imagens, visto que as imagens apresentaram exposição de luz impossibilitando a realização das mensurações automáticas. Em virtude disso, foi definida uma escala a partir de um ponto de referência e foram mensurados individualmente o comprimento (vertical, mm), largura (horizontal, mm) e área total (contornando a semente, mm²), em seguida foram selecionados os comandos de análise de partículas e os dados foram gerados automaticamente (Figura 4).

Figura 4 - Biometria das sementes de Bertholletia excelsa no Software ImageJ®



3.2 Análises Estatísticas

Com os dados da biometria de sementes determinados, foram também inseridos o número médio de sementes por fruto (NS), que compôs como uma característica nas análises de diversidade por meio das análises multivariadas. Todos os resultados foram organizados em planilhas no Microsoft Excel versão 2010, logo após foram realizadas as análises de variância (ANOVA), e as médias das características analisadas foram agrupadas e comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5 % de probabilidade. Foi calculado o coeficiente de correlação linear de Pearson (r), por meio dos dados de correlação (Paquímetro x ImageJ[®]) e em seguida foram analisados pelo software R versão 3.6.3 (R Core Team, 2020).

Para estimar as divergências genéticas entre os genótipos realizaram-se análises multivariadas com sete características, os comprimentos e larguras obtidos via paquímetro digital e análise de imagens, as espessuras via paquímetro digital, as áreas das sementes via análise de imagem e por fim, o número médio de sementes por fruto. Assim, se obteve as medidas de dissimilaridades na qual foi gerada com as distâncias euclidianas médias e a análises de agrupamentos por meio do método (UPGMA), Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages ou método de ligação média entre grupos. Em seguida foram realizadas as dispersões gráficas das variáveis canônicas (VC) e a importância relativa das características para a divergência genética, determinada pelo método de Singh (1981). Por fim, foram realizadas as análises estatísticas com o auxílio do Software Genes (CRUZ, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Biometria em sementes Bertholletia excelsa

A análise de variância mostrou diferenças significativas entre as 47 árvores matrizes para as características de largura, comprimento, espessura e área total das sementes avaliadas (Tabela 1), por tanto ao se verificar o agrupamento das médias entre as matrizes, evidencia-se a existência da variabilidade genética (Tabela 2), o que possibilita a obtenção de ganhos genéticos das características estudadas para que posteriormente possam ser utilizadas em programas de melhoramento genético. Esses resultados corroboram com Valdovinos, (2016) e Silva et al., (2014), relatam em suas pesquisas a existência de grande variabilidade em relação a biometria de frutos e sementes.

Tabela 1 - Análise de variância entre as fontes de variação do comprimento no ImageJ[®], largura no ImageJ[®], área total das sementes no ImageJ[®], comprimento no paquímetro, largura no paquímetro e espessura no paquímetro em 47 árvores matrizes.

Fontes de Variação	LargIMJ	CompIMJ	AreaIMJ	LargPaq	CompPaq	EspPaq
P valor	$8x10^{-308}$	0,00	$1,83 \times 10^{-88}$	$1,05 \times 10^{-210}$	$3,68 \times 10^{-216}$	$2,15x10^{-216}$
Q.M.Res	3,063	8,5	3351	5,147	14,02	3,178
Média	23,54	38,84	43,70	23,54	38,84	16,84
CV (%)	7,42	7,52	128,27	9,62	9,66	10,55
CV (%)		- ,-	120,27	9,02	9,00	10,55

G.L. = Matrizes (47); Resíduo (1.454).

O teste de agrupamento pelo método de Scott-Knott permitiu identificar para a característica de comprimento no ImageJ[®], que ocorreu a formação de onze grupos de (a-k). Para as características largura no ImageJ[®] e comprimento no paquímetro digital, ocorreu a formação de nove grupos de (a-i). Para as características de largura no paquímetro digital, ocorreu formação de seis grupos de (a-g). Para a característica de espessura no paquímetro digital, ocorreu a formação de seis grupos de (a-i). Para a característica da área no ImageJ[®], ocorreu a formação de apenas quatro grupos de (a-d) (Tabela 2). Esse método de Scott-nott a 5 % de probabilidade, agrupa as médias das matrizes que são mais similares e separa em grupos identificados por letras que não diferem nos resultados.

Tabela 2 - Análise de variância entre as três populações de castanha-do-Brasil (*Bertholletia excelsa*) com base nas análises biométricas de largura (mm), comprimento (mm), área total (mm2) das sementes no ImageJ® e largura (mm), comprimento (mm) e espessura (mm) no paquímetro.

População	Matrizes	LargIMJ	CompIMJ		LargPaq	CompPaq	EspPaq
1	M1	28,74 a	45,46 b	15,41 d	28,74 a	45,46 b	20,01 a
1	M2	26,30 c	39,71 f	12,69 d	26,30 c	39,71 e	18,51 b
1	M3	25,75 c	42,95 d	12,93 d	25,75 c	42,95 c	19,44 a
1	M4	22,13 f	34,28 i	8,49 d	22,13 e	34,28 g	16,44 d
1	M5	24,30 d	44,27 c	12,11 d	24,30 d	44,27 c	15,63 e
1	M6	27,75 b	42,91 d	15,11 d	27,75 b	42,91 c	19,49 a
2	P1	28,29 a	47,94 a	16,65 d	28,29 a	47,94 a	19,65 a
2	P2	25,49 c	42,67 d	125,15 a	25,49 c	42,67 c	18,03 b
2	P3	24,65 d	45,62 b	81,46 b	24,65 d	45,62 b	17,05 c
2	P4	27,62 b	41,72 e	106,53 a	27,62 b	41,72 d	19,69 a
2	P5	22,28 f	36,44 h	11,93 d	22,28 e	36,44 f	15,78 e
2	P6	26,98 b	44,05 c	107,48 a	26,98 b	44,05 c	19,76 a
3	PR2	24,61 d	36,46 h	8,50 d	24,61 d	36,46 f	17,26 с
3	PR3	20,90 g	30,57 j	7,92 d	20,90 f	30,57 h	15,33 e
3	PR4	20,69 g	34,55 i	6,90 d	20,69 f	34,55 g	14,92 e
3	PR5	23,06 e	44,80 b	10,44 d	23,06 e	44,80 b	16,53 d
3	PR6	21,42 g	36,88 h	10,33 d	21,42 f	36,88 f	15,19 e
3	PR7	26,07 c	40,29 e	104,55 a	26,07 c	40,29 d	18,73 b
3	PR8	24,39 d	37,79 g	80,98 b	24,39 d	37,79 f	18,41 b
3	PR9	24,36 d	39,37 f	40,33 d	24,36 d	39,37 e	17,09 c
3	PR10	21,54 g	38,67 f	73,54 b	21,54 f	38,67 e	15,56 e
3	PR11	22,99 e	37,47 g	85,96 b	22,99 e	37,47 f	16,45 d
3	PR12	21,87 f	37,83 g	77,40 b	21,87 e	37,83 f	16,77 c
3	PR13	24,18 d	40,01 e	49,84 c	24,18 d	40,01 d	18,18 b
3	PR14	24,85 d	40,56 e	49,58 c	24,85 d	40,56 d	17,31 c
3	PR15	22,17 f	39,01 f	63,89 c	22,17 e	39,01 e	16,73 c
3	PR16	25,50 c	39,60 f	100,12 a	25,50 c	39,60 e	18,39 b
3	PR17	20,85 g	35,81 h	72,99 b	20,85 f	35,81 f	13,00 g
3	PR18	25,05 d	42,37 d	78,55 b	25,05 d	42,37 c	18,68 b
3	PR19	23,99 d	40,79 e	34,1 d	23,99 d	40,79 d	18,23 b
3	PR20	23,08 e	39,69 f	10,69 d	23,08 e	39,69 e	17,29 c
3	PR21	19,65 h	31,47 j	54,82 c	19,65 f	31,47 h	13,42 g
3	PR22	22,20 f	36,30 h	12,08 d	22,20 e	36,30 f	17,05 с
3	PR23	25,89 c	43,99 с	16,45 d	25,89 с	43,99 с	15,92 d
3	PR24	20,60 g	35,69 h	72,05 b	20,60 f	35,69 f	14,38 f
3	PR25	17,44 i	27,08 k	6,44 d	17,44 g	27,08 i	12,69 g

3	PR26	22,50 f	39,10 f	11,23 d	22,50 e	39,10 e	16,35 d
3	PR27	22,79 e	40,40 e	14,62 d	22,79 e	40,40 d	15,42 e
3	PR28	24,78 d	40,89 e	130,58 a	24,78 d	40,89 d	18,62 b
3	PR29	21,37 g	37,49 g	78,49 b	21,37 f	37,49 f	14,36 f
3	PR30	23,37 e	38,63 f	10,22 d	23,37 e	38,63 e	17,42 c
3	PR31	24,39 d	37,13 g	8,60 d	24,39 d	37,13 f	18,20 b
3	PR32	21,33 g	33,28 i	10,30 d	21,33 f	33,28 g	13,92 f
3	PR33	20,74 g	33,70 i	10,01 d	20,74 f	33,70 g	15,22 e
3	PR34	20,99 g	35,12 i	55,99 c	20,99 f	35,12 g	15,13 e
3	PR35	22,37 f	36,45 h	59,06 c	22,37 e	36,45 f	15,33 e
3	PR36	24,02 d	38,09 g	10,39 d	24,02 d	38,09 f	18,71 b
Nº Gr	upos	9 (a-i)	11 (a-k)	4 (a-d)	6 (a-g)	9 (a-i)	6 (a-i)

A partir das informações obtidas por meio das análises de biometrias das sementes (Tabela 2), pode-se observar entre as quatros características estudadas, diferentes variáveis estão associadas às variações fenotípicas em virtude dos fatores ambientais e das diferenças genéticas das matrizes.

Com base nos dados obtidos por meio da correlação de Pearson (r), foram presenciadas correlações positivas significativas (negrito) e não significativas tanto com o paquímetro digital como no Software ImageJ® (Tabela 3).

Tabela 3 - Coeficiente de correlação Pearson entre as características de sementes de B. excelsa, avaliadas largura (mm) e comprimento (mm) mensuradas no paquímetro no ImageJ® e espessura (mm) mensurada no paquímetro e área (mm2) mensurada no ImageJ®.

	CompIMJ	AreaIMJ	LargPaq	CompPaq	EspPaq
LargIMJ	0,69	0,09	0,67	0,53	0,58
CompIMJ	-	0,11	0,51	0,63	0,45
AreaIMJ		-	0,07	0,07	0,07
LargPaq			-	0,61	0,47
CompPaq				-	0,37

Verificou-se que os maiores coeficientes de variações foram entre a largura do paquímetro e largura do ImageJ[®] apresentou resultados de (0,67), e entre o comprimento do ImageJ[®] e comprimento do paquímetro apresentou resultados de (0,63).

Para a largura do ImageJ[®] e comprimento do paquímetro foi de (0,53), para a correlação entre largura do ImageJ[®] e espessura do paquímetro apresentou resultado de (0,58), e com relação a comprimento do ImageJ[®] e largura do paquímetro obtiveram resultado

de (0,51), e o comprimento do ImageJ[®] e espessura do paquímetro apresentou o resultado entre os coeficientes mais baixa de (0,45). Já a correlação entre a área do ImageJ® e o comprimento, largura e espessura do paquímetro todos apresentaram resultados com correlações não significativas, pois os valores foram muito baixos de (0,07). As correlações entre as características avaliadas do presente estudo apresentam resultados onde todas as correlações entre o comprimento, largura e espessura tanto no ImageJ[®] como no paquímetro foram positivas e significativas.

4.2 Variabilidade genética em sementes Bertholletia excelsa

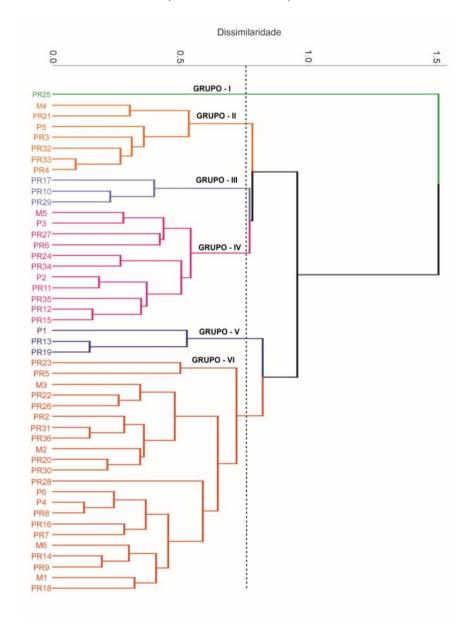
A partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA, foi gerado um dendrograma para ter uma melhor observação da variabilidade genética entre as três populações estudadas de castanha-do-brasil *Bertholletia excelsa*, onde presenciou-se a formação de seis grupos (Figura 5).

A partir da distância euclidiana média, foi possível observar que o grupo I foi formado por uma única matriz isolada (PR25), por apresentar sementes com menores dimensões para as características avaliadas, tornando-se o mais distinto. O grupo II formado por sete matrizes contendo as três populações, apresentam características bem similares em relação ao comprimento das sementes. O grupo III é formado pelas matrizes PR17, PR10 E PR29 da mesma população, com isso podem apresentar baixa variabilidade genética entre as matrizes, por estarem diretamente associados a algum grau parental.

O grupo IV também foi composto pelas três populações contento onze matrizes, nos quais todos apresentaram características desejáveis em relação a largura e comprimento da semente, destacando-se as matrizes P3 e P2 pois apresentaram médias superiores para as quatros características estudadas.

Já o grupo V foi formado pelas matrizes P1, PR13 e PR19 foi o único contento duas populações, apresentam médias superiores para as características de largura, comprimento e espessura. O grupo VI foi composto pelas três populações contendo 22 matrizes, ou seja, o grupo que apresentou a maior quantidade de matrizes, assim como o grupo reuniu sementes com dimensões medianas para as características avaliadas

Figura 5 - Dendrograma gerado a partir do agrupamento pelo método UPGMA realizado com os dados obtidos pela análise biométrica de sementes com base em sete caracteres avaliados em 47 árvores matrizes de castanha-do-Brasil (*Bertholletia excelsa*).



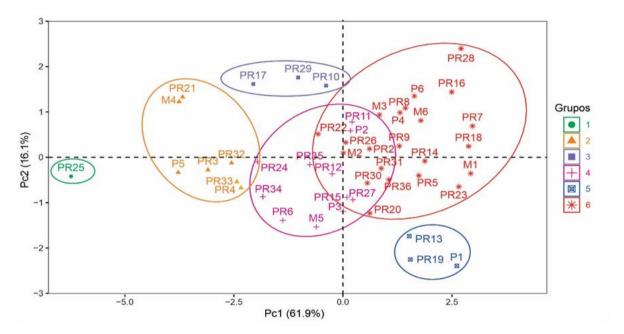
A partir da avalição gerada através da dispersão gráfica das variáveis canônicas (VC) (Figura 6), foi possível verificar a formação de seis grupos, formando os mesmos agrupamentos observados no dendrograma pelo método UPGMA.

Considerando as variáveis analisadas a partir dos métodos de agrupamentos podemos observar e destacar a matriz P1, que em conjunto com as outras matrizes formou o grupo mais divergente, evidenciando um grande potencial de variabilidade genética entre essas matrizes.

Também é possível selecionar indivíduos de cada grupo formado, e dentro de cada população para estabelecer quais serão as árvores para a área de coleta de sementes. Por exemplo, a matriz P1 e PR13 do grupo 5; as matrizes M1, PR28 e P4 do grupo 6; as matrizes

M4, P5 e PR32 do grupo 2; a matriz M5, P3 e PR6 do grupo 4, a matriz PR29 do grupo 3; e a matriz PR25 do grupo 1. Existem inúmeras combinações possíveis de selecionar, assim é possível estabelecer uma área de coleta de sementes com uma grande divergência genética de caracteres de sementes.

Figura 6 - Dispersão gráfica das variáveis canônicas em quarenta e sete matrizes de castanha-do-Brasil (*Bertholletia excelsa*) com base nas sete características avaliadas nas sementes.



Com base nos resultados apresentados no gráfico de contribuição através das distâncias Euclidianas, foi possível observar para as sete características avaliadas quais apresentaram maiores contribuições para diversidade genética da *Bertholletia excelsa* (Figura 7).

A característica de espessura com paquímetro digital foi a que apresentou maior contribuição para diversidade genética, o que indica uma grande variabilidade genética para o caráter, podendo ser utilizado em estudos futuros para o melhoramento da castanha-do-brasil, bem como seleção de áreas de coleta de sementes com ampla diversidade fenotípica e genética. Em seguida o número médio de sementes por frutos (NS) apresenta também uma grande importância para estudos de divergência genética de *Bertholletia excelsa*.

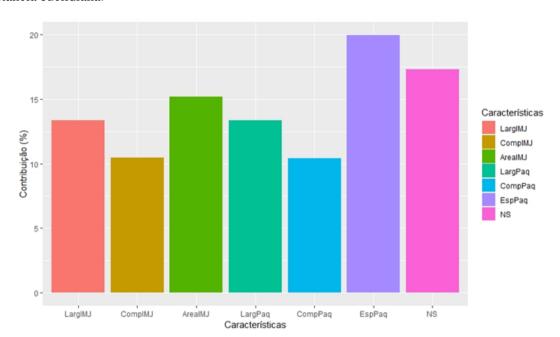


Figura 7 - Contribuição relativa às características avaliadas para diversidade - SINGH, de acordo com distância euclidiana.

Para as características da Área das sementes no ImageJ[®] apresentou contribuições consideráveis para a diversidade genética da espécie, onde foi possível evidenciar que a população três apresentou médias superiores para a característica de área das sementes em estudo (Tabela 2), sendo essa possível de selecionar para futuros programas de melhoramento visando o aumento das sementes.

Para as características de Largura no ImageJ[®] e Largura no paquímetro digital apresentaram contribuições significativas para a diversidade genética, já as características de Comprimento no ImageJ[®] e Comprimento no paquímetro digital apresentaram contribuições mais baixas, contribuindo apenas (10 %) para a diversidade genética.

Assim, fica evidente que todas as características avaliadas apresentam como marcadores fenotípicos potenciais para a realização de futuros trabalhos de seleção de matrizes, estabelecimento de áreas de coleta de sementes e programas de melhoramento que visem os Produtos Florestais Não Madeireiros (PFNM), com a espécie *Bertholletia excelsa*.

5. CONCLUSÃO

Por meio das análises biométricas das sementes de castanha-do-brasil (*Bertholletia excelsa*) foi possível verificar uma ampla variação fenotípica entre as características estudadas devido às dissimilaridades genéticas entre as matrizes;

A característica de espessura no paquímetro digital apresentou a melhor e maior contribuição para variabilidade genética presente este estudo;

As análises por meio do processamento digital de imagens e a análises multivariadas constatou que existem divergências genéticas entre as matrizes, destacando as matrizes P1, PR13 e PR19 como o grupo mais divergente. Assim como, matrizes com excelentes qualidades, para serem utilizados no estabelecimento de áreas de coleta de sementes para uso em programas de melhoramento, para a expansão das áreas de cultivos e preservação da espécie, já que devido ao desmatamento a mesma está ameaça de extinção.

6. REFERÊNCIAS

AGUIAR, AL da S.; DA SILVA, K. E.; ALVES, TCV. Biometria de sementes de *Bertholletia excelsa* Bonpl. em duas agroindústrias localizadas no Estado do Amazonas. In: **Embrapa Amazônia Ocidental-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO AMAZÔNICO DE INICIAÇÃO CIENTIFICA, 3., 2018, Manaus. Anais... Manaus: Faculdade La Salle Manaus, 2018.

AGUIAR, R. V., CANSIAN, R. L., KUBIAK, G. B., et al. Variabilidade genética de *Eugenia uniflora* L. em remanescentes florestais em diferentes estádios sucessionais. **Revista Ceres**, v. 60, n. 2, p. 226-233, 2013.

AZEVEDO, AM; ANDRADE JÚNIOR, VC; PEDROSA, CE., et al. Desempenho agronômico e variabilidade genética em genótipos de couve. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 12, p. 1751-1758, 2012.

BEZERRA, J. D. C., Ferreira, G. D. G., de Oliveira, M. W., et al. Cana-de-açúcar: Melhoramento genético e suas finalidades forrageiras. **Nucleus Animalium**, v. 10, n. 2, p. 131-147, 2018.

BOENO, L. C. R. de S. Morfofisiologia de castanheira-do-brasil como base para propagação por enxertia de garfagem. 2019. 54f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Florestal) — Universidade Federal de Mato Grosso, Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Sinop, 2019.

BRASIL. Decreto nº 10.586, de 18 de dezembro de 2020. Aprova o Regulamento da Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003. **Diário Oficial da União**, Brasília, 18 de dezembro de 2020.

BRASIL. Instrução Normativa nº 56, de 8 de dezembro de 2011. **Diário Oficial da União**, Brasília, 8 de dezembro de 2011.

BRASIL. Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003. Dispõe sobre o Sistema Nacional de Sementes e Mudas e dá outras providências. **Diário Oficial da União**, Brasília, 5 de agosto de 2003.

CARVALHO T., SANTOS, N., LIRA, W., et al. Um Sistema de Informação para Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos. In: **Anais Principais do XII Simpósio Brasileiro de Sistemas de Informação**. SBC, 2016. p. 100-107.

CLIMATE-DATA.ORG, 2021. Disponível em: https://pt.climate-data.org/america-do-sul/brasil/mato-grosso/paranaita-33912/. Acesso em: 05/02/2021.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, RODRIGO DA, Rodrigo. Maturação e época de coleta de sementes de *Trichilia elegans* A. Juss. 2015. 54 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, 2015.

DA SILVA, J. Z., FERREIRA, I., ALCOFORADO, A., dos SANTOS, R. F., & PEDROZO, C. Crescimento inicial de Castanheira-do-Brasil propagada via Enxertia. In: **Embrapa Roraima-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO NACIONAL DO MEIO AMBIENTE, 16., 2019, Poços de Caldas. Justiça social e sustentabilidade medianizado pela economia verde: anais eletrônicos. Muzambinho: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais, 2019., 2019.

DE ABREU ARAÚJO, B., da Silva, M. C. B., Moreira, F. J. C., et al. Caracterização biométrica de frutos e sementes, química e rendimento de polpa de juazeiro (*Ziziphus joaseiro* Mart.). **Agropecuária científica no semiárido**, v. 11, n. 2, p. 15-21, 2015.

DIAS F. T. C., BERTINI, C. H. C. D. M., SILVA, A. P. M. D., et al. Variabilidade genética de feijão-caupi de porte ereto e ciclo precoce analisada por marcadores RAPD e ISSR. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 3, p. 563-572, 2015.

DOS SANTOS FERREIRA, DEMARTELAERE, A. C. F., PEREIRA, M. D., et al. Inteligência artificial como método complementar na avaliação da qualidade fisiológica em sementes de *Leucaena leucocephala* (Lam.) Wit. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 8, p. 63157-63172, 2020.

FELIX, F. C., DE MEDEIROS, J. A. D., DOS SANTOS FERRARI, C., et al. Biometria de sementes de *Pityrocarpa moniliformis* utilizando imagens digitais: implicações para estudos de divergência genética. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** (**Agrária**), v. 15, n. 1, p. 6128, 2020.

FELIX, F.C. Conservação in situ de indivíduos de *Pityrocarpa moniliformis* (Benth.) Luckow & R. W. Jobson para seleção de árvores matrizes. 2019. 92f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Agrícola de Jundiaí, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, 2019.

FERRÃO, R. G., PACOVA, B., FERRÃO, M., et al. Melhoramento genético de *Coffea canephora*, 2015.

FERREIRA, M. G., SALVADOR, F. V., LIMA, M. N., et al. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho per se em acessos de abóbora. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 4, p. 537-546, 2016.

HAWERROTH, M. C., BORDALLO, P. D. N., VIDAL NETO, F. D. C., et al. Diversidade genética e desempenho agronômico de híbridos de cajueiro: recursos para o melhoramento genético. **Embrapa Agroindústria Tropical-Comunicado Técnico (INFOTECA-E)**, 2020.

INSTITUÍDO BRASILEIRA DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE (IBGE, 2020).

Disponível em: https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/74/pevs_2019_v34_informativo.pdf.

Acesso em: 10 dez. 2020.

LIU, C. L. C., KUCHMA, O., & KRUTOVSKY, K. V. Mixed-species versus monocultures in plantation forestry: Development, benefits, ecosystem services and perspectives for the future. **Global Ecology and Conservation**, v. 15, p. e00419, 2018.

LOPES, FRANCISCO CLAUDIO DA CONCEIÇÃO. **Mapeamento genético de cana-de-açúcar** (*Saccharum* spp.) por associação empregando marcadores SSR e AFLP. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2011.

MACIEL, KELLY DE JESUS SILVA. **Análise da diversidade e divergência genética em clones de** *Eucalyptus* **spp. potencialmente importantes para Goiás**. 2014. 64 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

MANFIO, C. E., MOTOIKE, S. Y., DE RESENDE, M. D. V., et al. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-63, 2012.

MMA. Ministério do Meio Ambiente. **Portaria nº 443, de 17 de dezembro de 2014.** Brasília, DF, 2014. Disponível em: http://www.ibama.gov.br/sophia/cnia/legislacao/MMA/PT0443-171214.pdf.

MUNIZ, N. F. M., FERRAZ FILHO, P. B., DA SILVA, L. O. C., et al. Divergência genética entre touros da raça Gir. **Ciência Animal Brasileira**, v. 15, n. 2, p. 145-151, 2014.

OLIVEIRA, A.L.A. Políticas públicas para agricultura familiar: uma análise a partir do projeto de assentamento São Pedro município de Paranaíta-MT. 149f. 2014. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) – Universidade Estadual de Campinas, 2014.

PAIVA, J. N., DE NORONHA, B. G., PEREIRA, M. D. Biometria de frutos e sementes de *Piptadenia moniliformis* Benth. por meio de processamento digital de imagens. **Anais II CONIDIS.** Campina Grande: Realize Editora, 2017. Disponível em: http://www.editorarealize.com.br/artigo/visualizar/33244>. Acesso em: 02/12/2020 10:06

PEREIRA, A. J., CARRASCO, S. A., BELDINI, T. P., CANO, R. S. Produção de flores e frutos de *Bertholletia excelsa* Bonpl. em ambientes florestais e desmatados do Noroeste do Pará, Brasil. **Biota Amazônia (Biote Amazonie, Biota Amazonia, Amazonian Biota)**, v. 9, n. 3, p. 1-8, 2019.

PINTO, A.; AMARAL, P.; GAIA, C.; OLIVEIRA, W. de. **Boas práticas para Manejo** Florestal e Agroindustrial. Belém, PA: Imazon; Manaus, AM: Sebrae-AM, 2010. 180p

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2020. Disponível: http://www.r-project.org/index.html. Acesso em: 05 fev 2021.

RAMPAZZO, M. C., DUTRA, F. V., NUNES, R. D. C. S., et al. **Análise biometrica de frutos de** *Carya illinoinensis* (Wangenh.) C. Koch, 2018.

RIBEIRO, M. S. Tecnopolítica em laboratórios da Embrapa e florestas de castanha. **Revista** de @ntropologia da UFSCar, v. 10, p. 1, 2018.

RIBEIRO, M.; CATENACCI, F.S.; SMITH, N.P.; CABELLO, N. B. *Lecythidaceae in* **Flora do Brasil 2020 em construção.** Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB23424>. Acesso em: 09 nov. 2020.

SANTOS, C. F; ABSY, M. L. Polinizadores de *Bertholletia excelsa* (Lecythidales: Lecythidaceae): Interações com Abelhas sem Ferrão (Apidae: Meliponini) e Nicho Trófico. Edited by Paulo R Pereira – **EMBRAPA Neotropical Entomology** 39(6):854-861, dezembro, 2010.

SAYD, R. M. Parâmetros genéticos, índices de seleção e diversidade genética de genótipos de cevada irrigada no Cerrado. 2018. xv, 120 f., il. Tese (Doutorado em Agronomia) — Universidade de Brasília, Brasília, 2018.

SCHONS, J. I., FIORI, K. P., RIBEIRO, E. B., et al. Extração assistida por ultrassom e caracterização do óleo da castanha-do-brasil (*Bertholletia excelsa* HBK). **Interciencia**, *42*(9), 586-590, 2017.

SHEPARD, G.H.; RAMIREZ, H. "Made in Brazil": human dispersal of the Brazil nut (*Bertholletia excelsa*, Lecythidaceae) in ancient Amazonia. **Economic Botany**, v.65, n.1, p.44-65, 2011.

SILVA, A. A., SANTOS, M. K. V., GAMA, J. R. V., et al. Potencial do extrativismo da castanha-do-pará na geração de renda em comunidades da mesorregião baixo Amazonas, Pará. **Floresta e Ambiente**, v. 20, n. 4, p. 500-509, 2013.

SILVA, JACKSON ARAÚJO. **Análise de sementes de** *Senna siamea* **Lam. por meio de processamento digital de imagens**. 2020. 43f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Agrícola de Jundiaí, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, 2020.

SILVA, K. B., ALVES, E. U., DE OLIVEIRA, A. N. P., et al. Variabilidade da germinação e caracteres de frutos e sementes entre matrizes de *Sideroxylon obtusifolium* (Roem. & Schult.) TD Penn. **Revista Eletrônica de Biologia** (**REB**). ISSN 1983-7682, v. 7, n. 3, p. 281-300, 2014.

SIMÕES, P.H.O.; PALHETA, L.F.; VALE, R.S.; CORREIA, R.G.; NEVES, R.L.P. Crescimento e qualidade de mudas de castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpl.-Lecythidaceae) em substratos fertilizados com macronutrientes. **Enciclopédia Biosfera**, v. 11, p. 689-703, 2015.

SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA – SIDRA (2019). Disponível em: https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pevs/quadros/brasil/2019. Acesso em:11 nov. 2020.

SOUZA, J. M. L. & WADT, L. H. O. (2016). **Castanha-do-Brasil: Características da planta**. Disponível em: https://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/castanha-do-brasil/arvore/CONT000fzfy7i8602wx5ok0cpoo6a08db1xh.html

TONINI, HELIO. Fenologia da castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Humb. & Bonpl., Lecythidaceae) no sul do estado de Roraima. **Cerne**, v. 17, n. 1, p. 123-131, 2011.

TOPPA, EDER VICTOR BRAGANTI; JADOSKI, CLÉBER JUNIOR. O uso de marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 1, p. 1-5, 2013.

VALDOVINOS, TAMARA MARIEL. Divergência genética entre árvores matrizes de *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos a partir de caracteres biométricos de frutos e sementes e de qualidade fisiológica de sementes. 2016.

VECHIATO, Marta Helena; PARISI, J. J. D. Importância da qualidade sanitária de sementes de florestais na produção de mudas. **Biológico, São Paulo**, v. 75, n. 1, p. 27-32, 2013.

VELASQUES, NATHALIA CARDOSO. Seleção de árvores matrizes e indicação de áreas de coleta de sementes de Schinus terebinthifolius Raddi. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) - Universidade Federal de Santa Catarina, 2016.

VIEGAS, M. P. et al. Diversidade genética e tamanho efetivo de duas populações de Myracrodruon urundeuva Fr. All., sob conservação ex situ. Revista Árvore, v.35, n.4, p. 769-779, 2011.

ZORÓ, APIZ. Associação do Povo Indígena Zoró. Boas práticas de coleta, armazenamento e comercialização da castanha-do-Brasil: Capacitação e intercâmbio de experiências entre os povos da Amazônia mato-grossense com manejo de produtos florestais nãomadereiros. Cuiabá/MT-Denfanti Editora. 2010. Disponível em: https://www.pactodasaguas.org.br/wp-content/uploads/2017/01/Manual-Boas-

Praticas_Castanha_3ed_Final_web.pdf Acesso em: 04 fev. 2021.