

# Diversidade genética de *Butia lallemantii* Deble & Marchiori (Arecaceae) com base em dados morfométricos de três populações naturais com ocorrência no bioma Pampa

Genetic diversity of *Butia lallemantii* Deble & Marchiori (Arecaceae) based on morphometric data from three natural populations occurring in the Pampa biome

Diversidad genética de *Butia lallemantii* Deble & Marchiori (Arecaceae) a partir de datos morfométricos de tres poblaciones naturales presentes en el bioma pampeano

Recebido: 12/07/2022 | Revisado: 24/07/2022 | Aceito: 28/07/2022 | Publicado: 06/08/2022

## Maurício Ricardo de Melo Cogo

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2885-7212>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: mauriciocogo.aluno@unipampa.edu.br

## Lurdes Zanchetta da Rosa

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4911-9670>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: lurdesrosa.aluno@unipampa.edu.br

## Dienifer Noetzold Blaskesi Silveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7978-2743>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: dienifersilveira.aluno@unipampa.edu.br

## Bruna Lucia Laindorf

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9418-2567>  
Secretaria Estadual de Educação do Rio Grande do Sul, Brasil  
E-mail: laindorfb@gmail.com

## Andriéli Bacega

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5517-007X>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: andrielibacega.aluno@unipampa.edu.br

## Natanael Lemos dos Santos

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9791-7346>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: natanaelsantos.aluno@unipampa.edu.br

## Aline Mazoy Lopes

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8547-7013>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: alinelopes.aluno@unipampa.edu.br

## Antônio Batista Pereira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0368-4594>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: antoniopereira@unipampa.edu.br

## Velci Queiroz de Souza

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6890-6015>  
Universidade Federal do Pampa, Brasil  
E-mail: velcisouza@unipampa.edu.br

## Resumo

*Butia lallemantii* Deble & Marchiori é uma palmeira anã típica de regiões arenosas e de elevações areníticas do bioma Pampa. Apresenta potencial econômico e uma grande importância ecológica. No entanto, as informações científicas ainda são insuficientes para utilização da espécie em programas de melhoramento genético e conservação. Nesse sentido, o objetivo do estudo foi quantificar a diversidade genética dentro e entre populações de *B. lallemantii*. Para isso, foram utilizadas três populações: São Francisco de Assis (1), Manoel Viana (2) e Alegrete (3). Dentro de cada população, foram avaliadas as seguintes características: massa do fruto (MF), diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro equatorial do fruto (DEF), massa do pirênio (MP), diâmetro longitudinal do pirênio (DLP), diâmetro equatorial do pirênio (DEP) e massa do mesocarpo (MM). Na análise entre populações, além dos componentes de frutos, foi avaliada a altura da planta (AP), comprimento da folha (CFA), comprimento do folíolo (CFO), número de folíolos (NFO), número de frutos por infrutescência (NFI). As variáveis que mais contribuíram para a diversidade

genética dentro e entre as populações foram MF, MP e MM. Houve maior diversidade genética dentro das populações do que entre as populações. O DLF foi a variável que apresentou maiores valores de correlações dentro das populações e o DLF e DLP foram as variáveis com maiores valores de correlações entre as populações. Os métodos de agrupamentos permitiram identificar populações e genótipos divergentes, que poderão ser utilizados em pesquisas de melhoramento e conservação da espécie.

**Palavras-chave:** Divergências genéticas; Gênero *butia*; Rede de correlações; Análise multivariada.

#### Abstract

*Butia lallemantii* Deble & Marchiori is a dwarf palm tree typical of sandy regions and sandy elevations of the Pampa biome. Presents economic potential and a great ecological importance. However, the scientific information is still insufficient to use the species in genetic improvement and conservation programs. In this sense, the objective of the study was to quantify the genetic diversity within and between populations of *B. lallemantii*. For this three populations were used, São Francisco de Assis (1), Manoel Viana (2) and Alegrete (3). Within each population, fruit mass (FM), longitudinal diameter of the fruit (LDF), equatorial diameter of the fruit (EDF), pyrenic mass (PM), longitudinal diameter of the pyrenic (LDP), equatorial diameter of the pyrenic (EDP) and mesocarp mass (MM) were evaluated. In the analysis between populations, besides the fruit components, plant height (PH), leaf length (LL), leaflet length (LL), number of leaflets (NFL), number of fruits per infructescence (NFI) were evaluated. The variables that contributed the most to genetic diversity within and between populations were FM, PM, and MM. There is greater genetic diversity within populations than between populations. The LDF was the variable that presented the highest values of correlations within populations and LDF and LDP were the variables with the highest values of correlations between populations. The clustering methods allow the identification of divergent populations and genotypes that can be used in breeding research and conservation of the species.

**Keywords:** Genetic divergences; *Butia* genus; Correlation network; Multivariate analysis.

#### Resumen

*Butia lallemantii* Deble & Marchiori es una palmera enana típica de regiones arenosas y elevaciones de arenisca del bioma pampeano. Tiene potencial económico y gran importancia ecológica. Sin embargo, la información científica aún es insuficiente para utilizar la especie en programas de mejoramiento genético y conservación. En este sentido, el objetivo del estudio fue cuantificar la diversidad genética dentro y entre las poblaciones de *B. lallemantii*. Para ello, se utilizaron tres poblaciones, São Francisco de Assis (1), Manoel Viana (2) y Alegrete (3). Dentro de cada población se evaluó la masa de fruto (MF), diámetro longitudinal de fruto (DLF), diámetro ecuatorial de fruto (DEF), masa de pireno (MP), diámetro longitudinal de pireno (DLP), diámetro ecuatorial de pireno (EPD) y masa de mesocarpio (MM). En el análisis entre poblaciones, además de los componentes del fruto, se evaluó la altura de planta (AP), longitud de hoja (CFA), longitud de folíolo (CFO), número de folíolos (NFO), número de frutos por infrutescencia (NFI). Las variables que más contribuyeron a la diversidad genética dentro y entre poblaciones fueron MF, MP y MM. Existe una mayor diversidad genética dentro de las poblaciones que entre poblaciones. La DLF fue la variable que presentó mayores valores de correlaciones dentro de las poblaciones y la DLF y DLP fueron las variables con mayores valores de correlaciones entre las poblaciones. Los métodos de agrupamiento permiten la identificación de poblaciones y genotipos divergentes que pueden ser utilizados en investigaciones para el mejoramiento y conservación de la especie.

**Palabras clave:** Divergencias genéticas; Género *butia*; Red de correlaciones; Analisis multivariable.

## 1. Introdução

*B. lallemantii* é uma espécie pertencente ao gênero *Butia* (Becc.)Becc. (Arecaceae), com ocorrência associada a áreas em processo de arenização e em elevações areníticas no Bioma Pampa (Deble & Marchiori., 2006). Sua distribuição no Brasil limita-se a populações isoladas, nos municípios de Alegrete, Manoel Viana, São Francisco de Assis, Quaraí, Rosário do Sul e no norte do Uruguai (Soares et al., 2013).

De acordo com a lista de táxons ameaçados de extinção da flora nativa do estado do Rio Grande do Sul, a espécie *B. lallemantii* está categorizada “em perigo de extinção” (Fundação Zoobotânica do RS, 2014). A geração de informações relacionadas à diversidade genética, em populações naturais de *Butia* no Bioma Pampa, pode auxiliar a proposição de estratégias para conservação *in situ* e *ex situ*, associadas ao manejo sustentável das espécies do gênero (Mistura, 2013). Para Büttow et al. (2010), são insuficientes as informações científicas a respeito de espécies deste gênero, que possam colaborar para a sua utilização em programas de conservação e melhoramento. Além disso, os estudos sobre a diversidade genética em Arecaceae são necessários, para compreender suas características morfofisiológicas adaptadas às condições ecológicas (Rosa et

al., 2021) e o esclarecimento sobre a diversidade genética, essenciais para entender suas características ecológicas, como as delimitações de agrupamentos e a composição das populações (Laindorf, et al., 2018).

Os butiazeiros desempenham função importante na conservação da biodiversidade e na manutenção dos ecossistemas onde são encontrados: suas flores atraem polinizadores, os frutos servem de alimento para animais, e devido à diversidade de aves e mamíferos participantes desta relação, favorece a dispersão de sementes, que contribuem para a manutenção populacional (Kupski, 2021). Além disso, o fruto é consumido *in natura*, utilizado na produção de sucos, licores, geleias, sorvetes, bolos, bombons, além de outras sobremesas; as folhas são utilizadas na confecção de cestos, porta objetos; a polpa seca pode ser utilizada no preparo de licores ou transformada em papel reciclável (Büttow, 2008). Entretanto, para melhor utilização dos butiazeiros, é necessário que sejam realizados estudos sobre a caracterização genética de suas espécies.

A utilização de dados biométricos em estudos, com o propósito de quantificar a diversidade genética em *Arecaceae*, é reconhecida. O uso deste procedimento metodológico, com resultados promissores, é demonstrado em vários estudos como, por exemplo, os trabalhos realizados por Oliveira et al. (2007); Silva (2017); Mendes et al. (2019); Bispo et al. (2020); Neves (2022). Entretanto, apesar da importância social e econômica, a dificuldade na delimitação taxionômica e o reconhecimento da vulnerabilidade à extinção das espécies do gênero *Butia*, há carência no desenvolvimento de trabalhos que busquem elucidar questões sobre a diversidade genética em populações deste gênero, por meio de características biométricas. Eslabão et al. (2018) destaca que existem poucas informações científicas disponíveis sobre a utilização de dados biométricos para comparações entre populações do gênero *Butia*.

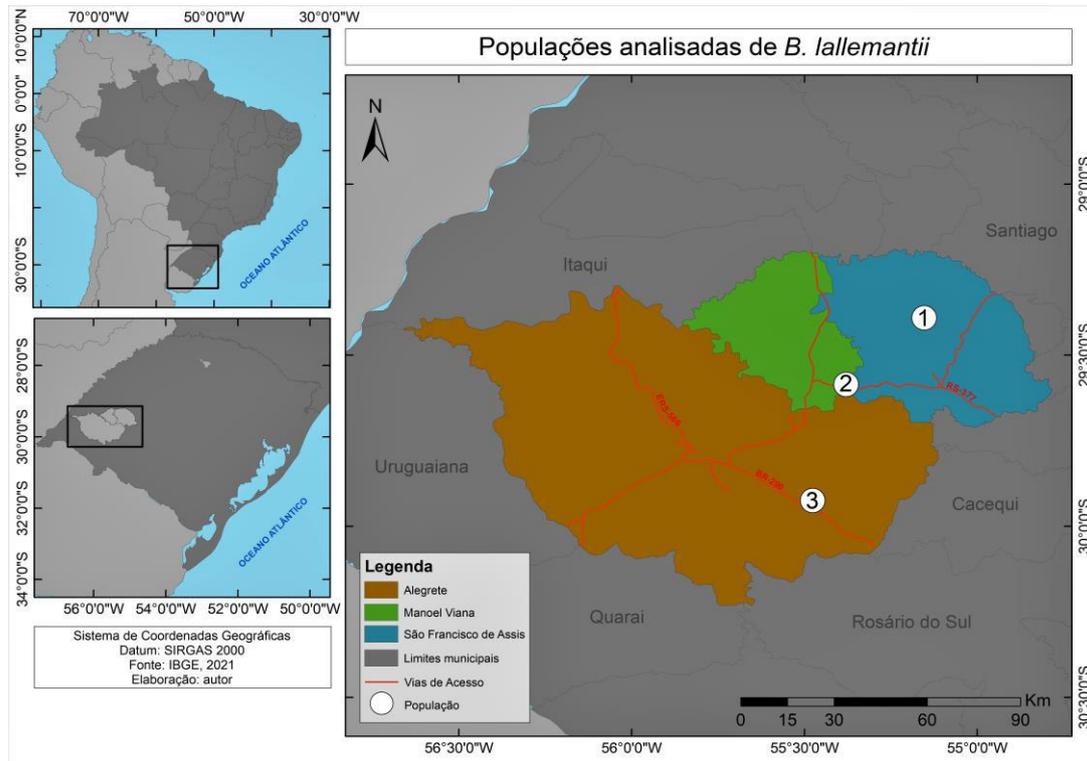
Sabe-se que estudos de diversidade genética com base em dados biométricos não representam custo elevado. Entretanto, a utilização destes dados em análises univariadas geram dificuldades na obtenção de estimativas de divergências genéticas (Oliveira et al., 2007). Uma análise univariada pode não explicar o fenômeno em investigação, pois avaliam-se as ações isoladas de cada variável do desfecho em estudo (Leme et al., 2020). Contudo, a utilização de análise multivariada está sempre em expansão e engloba um vasto domínio de possíveis situações de pesquisa (Hair et al., 2009). Neste sentido, a utilização de análises de rede se constitui em uma técnica estatística de fácil visualização e interpretação das associações entre múltiplas variáveis (Leme et al., 2020). Grupos divergentes podem ser identificados por métodos de agrupamentos, baseados em similaridade e dissimilaridade (Mendes et al., 2019).

Assim, o presente trabalho teve, por objetivo, inferir sobre a diversidade genética entre genótipos de três populações naturais de *B. lallemantii*, da região sudoeste do Rio Grande do Sul, bioma Pampa, Brasil, com base em dados biométricos.

## 2. Metodologia

A mensuração das características vegetativas e a coleta dos frutos dos genótipos de *B. lallemantii* foram realizadas em três áreas distintas do bioma Pampa do Rio Grande do Sul, Brasil. A área 1 está localizada no município de São Francisco de Assis (S 29°23'28.0" W 55°09'13.2"); a área 2, no município de Manoel Viana (S 29°59'13" W 55°37'08"); e a área 3, no município de Alegrete (S 29°92'59" W 55°47'71") (Figura 1). O clima da região é do tipo Cfa (na classificação de Köppen) (Kuinchner & Buriol., 2001), com temperatura média anual de 19,1 °C, precipitação anual de aproximadamente 1500 mm e a umidade relativa do ar de aproximadamente 75% (INMET).

**Figura 1:** Mapa com a localização das três populações analisadas de *B. lallemantii*.



Fonte: Autores (2022).

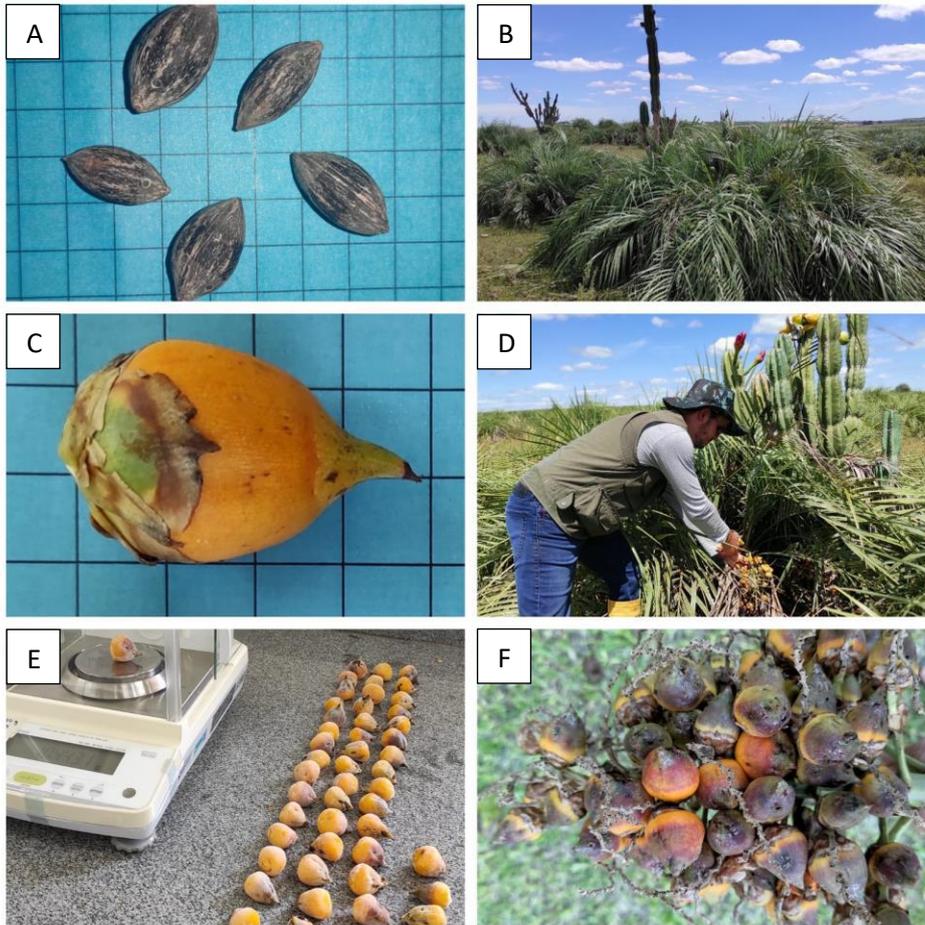
Os genótipos selecionados em cada área de coleta de *B. lallemantii* foram georreferenciados, caracterizados e coletados (Figura 2D). Os frutos foram acondicionados em sacos plásticos com a identificação e posteriormente armazenados em caixas térmicas para o transporte até o laboratório de química do Instituto Federal Farroupilha – Campus Alegrete, em Alegrete, RS, onde foi realizada a mensuração e quantificação dos dados dos frutos.

Quanto às análises, a massa do fruto e do pirênio foi determinada por meio de uma balança analítica (0,0001g) (Figura 2E). A quantificação da massa do mesocarpo foi determinada pela diferença entre a massa do fruto com a massa do pirênio. O diâmetro longitudinal e equatorial do fruto e do pirênio foram mensurados por meio de um paquímetro digital (mister) 150mm.

O projeto estatístico utilizado neste trabalho foi inteiramente ao acaso, com uma análise dentro de cada população e outra análise que reuniu o conjunto das três populações. Na primeira análise, foram avaliados 14 frutos em cada um dos 11 genótipos dentro de cada população, cujas variáveis testadas foram massa do fruto (MF), diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro equatorial do fruto (DEF), massa do pirênio (MP), diâmetro longitudinal do pirênio (DLP), diâmetro equatorial do pirênio (DEP) e massa do mesocarpo (MM). Na segunda análise, utilizando as três populações, foram avaliados 33 genótipos, cujas variáveis altura da planta (AP), comprimento da folha (CFA), comprimento do folíolo (CFO), número de folíolos (NFO), número de frutos por infrutescência (NFI), massa do fruto (MF), diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro equatorial do fruto (DEF), massa do pirênio (MP), diâmetro longitudinal do pirênio (DLP), diâmetro equatorial do pirênio (DEP) e massa do mesocarpo (MM) foram testadas.

Para a testagem da variabilidade genética entre os genótipos foi utilizada a análise de variância (ANOVA), com o teste F (teste de Fisher) a 1% e 5% de probabilidade. Também foram analisados os parâmetros genéticos: coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ), coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) e herdabilidade da média de procedências ( $H^2_{mp}$ ), conforme metodologia aplicada por Mendes et al. (2019), em uma população de *Oenocarpus distichus* Mart. A análise estatística foi realizada no *software* Genes.

**Figura 2:** A) dimensões do pirênio; B) hábito de *B. lallemantii*; C) dimensões do fruto; D) coleta dos frutos; E) determinação da massa dos frutos; F) infrutescência de *B. lallemantii*.



Fonte: Autores (2022).

O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado a fim de testar possíveis relações lineares nas matrizes de correlações residuais. Essa análise permite remover variáveis consideradas redundantes que podem interferir no resultado (Caixeta, et al., 2003). A magnitude e a fonte da multicolinearidade foram analisadas pelos métodos de Autovalores e Autovetores; Número de Condições (NC); Matrizes de Correlação e Fatores de Inflação de Variação (VIF) utilizando o *software* Genes. Os autovalores indicam a quantidade de variância explicada por cada fator, e os componentes dos autovetores são os pesos das características para explicar a variância determinada pelo autovalor associado (Olivoto et al., 2017). O número de condições (NC) foi obtido pela razão entre o maior e o menor autovalor na matriz de correlação. O grau de multicolinearidade é considerado fraco quando o valor de NC for menor que 100; moderado a forte, quando o valor do NC estiver entre 100 a 1000; e severo, quando o valor do NC for superior a 1000. Na matriz de correlação, é possível observar o determinante da matriz (DM): valores de DM próximos a zero indicam graves problemas de multicolinearidade (Mendes et al., 2019). Os Fatores de Inflação de Variação (VIF) também podem ser usados para detectar a existência de multicolinearidade. É indicada a exclusão de variáveis com valores de VIF superiores a 10, pois evidenciam que os coeficientes de regressão associados a estes valores são influenciados pela multicolinearidade (Mendes et al., 2019).

As redes de correlações fenotípicas foram avaliadas por matrizes ponderadas, em que se avalia a magnitude das relações, ou seja, quanto mais espessas suas arestas de conexão entre os nodos, maior será a relação entre elas, e direcionais, com uma seta nas extremidades das arestas, que indica uma via de influência. O posicionamento dos nodos na rede de

correlação indica a intensidade das relações. Nodos mais próximos tem maior relação entre variáveis. As redes de correlações fenotípicas foram avaliadas com o pacote estatístico *qgraph* no *software* Genes associado com o programa estatístico R. O objetivo do pacote estatístico *qgraph* é apresentar gráficos não esparsos e ponderados com recursos mais avançados de visualização de redes com múltiplos nodos.

A formação dos grupos de dissimilaridades, gerados pelo método de Tocher, entre os genótipos das três populações de *B. lallemantii* foram evidenciadas com base na distância generalizada de Mahalanobis. O dendrograma foi gerado por meio do método de agrupamento da distância média UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Average*) a partir dos dados da matriz. Para verificar o ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma obtido, foi estimado o Coeficiente de Correlação Cofenética (r) conforme Sokal e Rohlf (1962).

### 3. Resultados e Discussão

Na Tabela 1 pode-se constatar que todas as características morfométricas demonstraram variabilidade genética, com resultados significativos por meio do teste F em 1%, e com coeficientes de variação residual entre 5.155 (DLF) a 23.259 (MP) na área 1, entre 7.595 (DLF) a 25.280 (MP) na área 2 e entre 6.660 (DLF) a 22.100 (MP) na área 3.

**Tabela 1:** Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres morfológicos de frutos de três populações de *B. lallemantii*. Massa do fruto (MF); diâmetro longitudinal do fruto (DLF); diâmetro equatorial do fruto (DEF); massa do pirênio (MP); diâmetro longitudinal do pirênio (DLP); diâmetro equatorial do pirênio (DEP); massa do mesocarpo (MM); genótipo quadrado médio (GMS); resíduo quadrado médio (RMS); coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ); coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ); herdabilidade da média de procedências ( $H^2_{mp}$ ); \*\*Significativo em 1% por teste F.

	GMS	RMS	Média	CVe(%)	CVg(%)	CVg/Cve	H <sup>2</sup> <sub>mp</sub>
<b>Área 1 - São Francisco de Assis</b>							
MF(g)	45.516**	1.707	7.511	17.396	23.549	1.353	96.248
DLF(mm)	194.555**	2.884	32.940	5.155	11.232	2.178	98.517
DEF(mm)	45.250**	3.337	21.127	8.646	8.189	0.947	92.625
MP(g)	9.465**	0.136	1.587	23.259	51.425	2.211	98.559
DLP(mm)	153.189**	2.368	22.877	6.742	14.378	2.132	98.453
DEP(mm)	33.846**	1.439	12.272	9.776	12.397	1.268	95.746
MM(g)	23.355**	1.294	5.924	19.203	21.189	1.103	94.458
<b>Área 2 - Manoel Viana</b>							
MF(g)	50.531**	1.269	7.476	15.068	25.090	1.665	97.488
DLF(mm)	149.789**	5.899	31.977	7.595	10.025	1.319	96.061
DEF(mm)	72.304**	3.388	21.196	8.684	10.467	1.205	95.312
MP(g)	1.114**	0.896	1.184	25.280	22.812	0.902	91.935
DLP(mm)	53.155**	2.704	18.336	8.968	10.352	1.154	94.912
DEP(mm)	14.151**	1.233	10.677	10.403	8.996	0.864	91.280
MM(g)	41.567**	0.962	6.292	15.588	27.066	1.736	97.685
<b>Área 3 - Alegrete</b>							
MF(g)	22.815**	0.845	5.673	16.205	22.080	1.362	96.294
DLF(mm)	123.841**	3.904	29.669	6.660	9.865	1.481	96.847
DEF(mm)	106.889**	16.091	20.213	19.845	12.598	0.634	84.945
MP(g)	1.166**	0.047	0.983	22.100	28.758	1.301	95.952
DLP(mm)	182.921**	1.887	17.681	7.769	20.337	2.617	98.968
DEP(mm)	134.887**	1.153	10.780	9.962	28.669	2.877	99.144
MM(g)	16.842**	0.633	4.690	16.965	22.941	1.352	96.240

Fonte: Autores (2022).

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo valor do coeficiente de variação genética (Resende, 1991) e, coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos (Sebbenn et al., 1998). Os

valores dos coeficientes de variação genética dentro das populações foram todos superiores a 7%, com destaque para MF (23.549%), MP (51.425%) e MM (21.189%) na área 1, MF (25.090%), MP (22.812) e MM (27.066%) na área 2, e MF (22.080), MP (28.758%), DLP (20.337%), DEP (28.669%) E MM (22.941) na área 3, que confirmaram a variação genética entre genótipos de *B. lallemantii*. A área 3, considerada a maior população analisada, obteve maiores valores de coeficientes de variação genética neste estudo. Os resultados encontrados em relação às variáveis morfométricas, com maior coeficiente de variação assemelharam-se aos resultados encontrados em estudos com *O. distichus*, palmeira nativa da Amazônia (Mendes et al., 2019; Maciel et al., 2022). Observou-se que a relação do CVg/Cve na maioria das variáveis analisadas foi superior a 1, exceto DEF na área 1, MP e DEP na área 2 e DEF na área 3. A herdabilidade da média de procedências variou entre 92.625% a 98.559% na área 1, entre 91.280% a 97.685% na área 2, e entre 84.945% a 99.144% na área 3. Os valores médios das características biométricas são dados complementares.

Na Tabela 2, observou-se as matrizes de correlação biométrica de cada uma das três populações. Em todas as populações, o número de condições (NC) encontrado foi entre 100 a 1000 (Pop. 1 = 158.915; Pop. 2 = 155.315 e Pop. 3 = 652.693), considerado entre moderado a forte, com necessidade de ajustes para contornar os efeitos da multicolinearidade. Os valores mais altos dos autovetores associados aos autovalores, destacados em negrito, indicaram que as variáveis MP na população 1, DEF na população 2, e MP e DEF na população 3 foram responsáveis pelos efeitos da multicolinearidade. Os resultados foram diferentes aos encontrados por Mendes et al. (2019), em que MF e MM foram as variáveis responsáveis pelos efeitos da multicolinearidade em populações de *O. distichus*.

**Tabela 2:** Fatores de inflação da variância (VIF), estimativas de valores próprios (VP) e vetores próprios obtidos a partir da matriz de correlação entre as avaliações biométricas e vetoriais próprios associados a sete caracteres morfológicos de frutos de três áreas de ocorrência de *B. lallemantii*. Massa do fruto (MF); diâmetro longitudinal do fruto (DLF); diâmetro equatorial do fruto (DEF); massa do pirênio (MP); diâmetro longitudinal do pirênio (DLP); diâmetro equatorial do pirênio (DEP); massa do mesocarpo.

VIF	V.P	Elementos dos vetores próprios associados às variáveis						
		Área 1 - São Francisco de Assis						
		MF	DLF	DEF	MP	DLP	DEP	MM
0.038	81.980	0.443	0.575	0.451	0.018	0.419	0.273	0.138
0.056	11.120	-0.191	-0.528	0.188	0.059	0.144	0.687	0.393
-0.006	4.850	-0.048	-0.409	0.176	-0.096	0.754	-0.337	-0.328
-0.360	2.750	-0.095	-0.102	0.548	-0.008	-0.183	-0.551	0.586
0.045	0.520	0.003	-0.002	-0.095	<b>0.982</b>	0.116	-0.106	0.039
0.271	-1.720	-0.046	-0.110	0.643	1.149	-0.394	0.147	-0.611
1.000	-16.400	0.868	-0.449	-0.085	0.002	-0.182	-0.060	0.029
VIF	V.P	Área 2 - Manoel Viana						
		MF	DLF	DEF	MP	DLP	DEP	MM
-0.592	108.740	0.456	0.540	0.467	0.030	0.424	0.241	0.209
0.165	12.700	-0.163	-0.548	-0.004	0.065	0.299	0.566	0.510
0.063	5.960	-0.052	-0.439	0.418	-0.077	0.568	-0.460	-0.299
0.223	1.590	0.011	-0.034	0.045	0.991	-0.011	-0.030	-0.118
0.036	-0.700	-0.078	-0.176	<b>0.763</b>	-0.038	-0.607	0.098	0.043
-0.653	-1.640	-0.023	0.047	0.001	0.074	-0.061	-0.630	0.769
1.000	-15.600	0.870	-0.426	-0.152	-0.022	-0.189	-0.056	-0.006
VIF	V.P	Área 3 - Alegrete						
		MF	DLF	DEF	MP	DLP	DEP	MM
7715.412	82.120	0.459	0.569	0.485	0.021	0.393	0.227	0.157
0.918	10.560	-0.154	-0.485	-0.056	0.091	0.455	0.470	0.549
-0.881	4.130	0.070	0.257	-0.181	0.157	-0.360	-0.340	0.792
7597.983	1.270	-0.010	0.384	-0.505	-0.029	-0.301	0.708	-0.066
0.425	0.590	-0.024	-0.033	0.122	<b>0.968</b>	-0.109	0.083	-0.165
0.406	-0.130	-0.085	-0.214	<b>0.651</b>	-0.168	-0.615	-0.321	0.117
-714.286	-14.760	0.870	-0.430	-0.190	0.000	-0.170	0.030	-0.040

Fonte: Autores (2022).

Na Tabela 3, após a exclusão das variáveis responsáveis pela multicolinearidade, apresenta-se a nova matriz de correlação com NC inferior a 100 (Pop. 1 = 48.890; Pop. 2 = 53.791 e Pop. 3 = 82.828). A observação dos fatores de inflação da variância (VIF) se caracteriza como outra forma de detectar a existência da multicolinearidade. Valores de VIF superiores a 10 são suficientes para que os coeficientes de regressão associados a estes valores sejam altamente influenciados pela multicolinearidade, e que essas variáveis devem ser desconsideradas na análise (Mendes et al., 2019). Após eliminação das variáveis todos os valores de VIF encontrados nas três populações foram inferiores a 10.

**Tabela 3:** Fatores de inflação da variância (VIF), estimativas de valores próprios (VP) e vetores próprios obtidos a partir da matriz de correlação entre as avaliações biométricas e vetoriais próprios associados de três áreas de ocorrência de *B. lallemantii* excluindo as variáveis responsáveis pela multicolinearidade: massa do pirênio (MP) na população 1; Diâmetro equatorial do fruto (DEF) na população 2; massa do pirênio (MP) e diâmetro equatorial do fruto (DEF) na população 3.

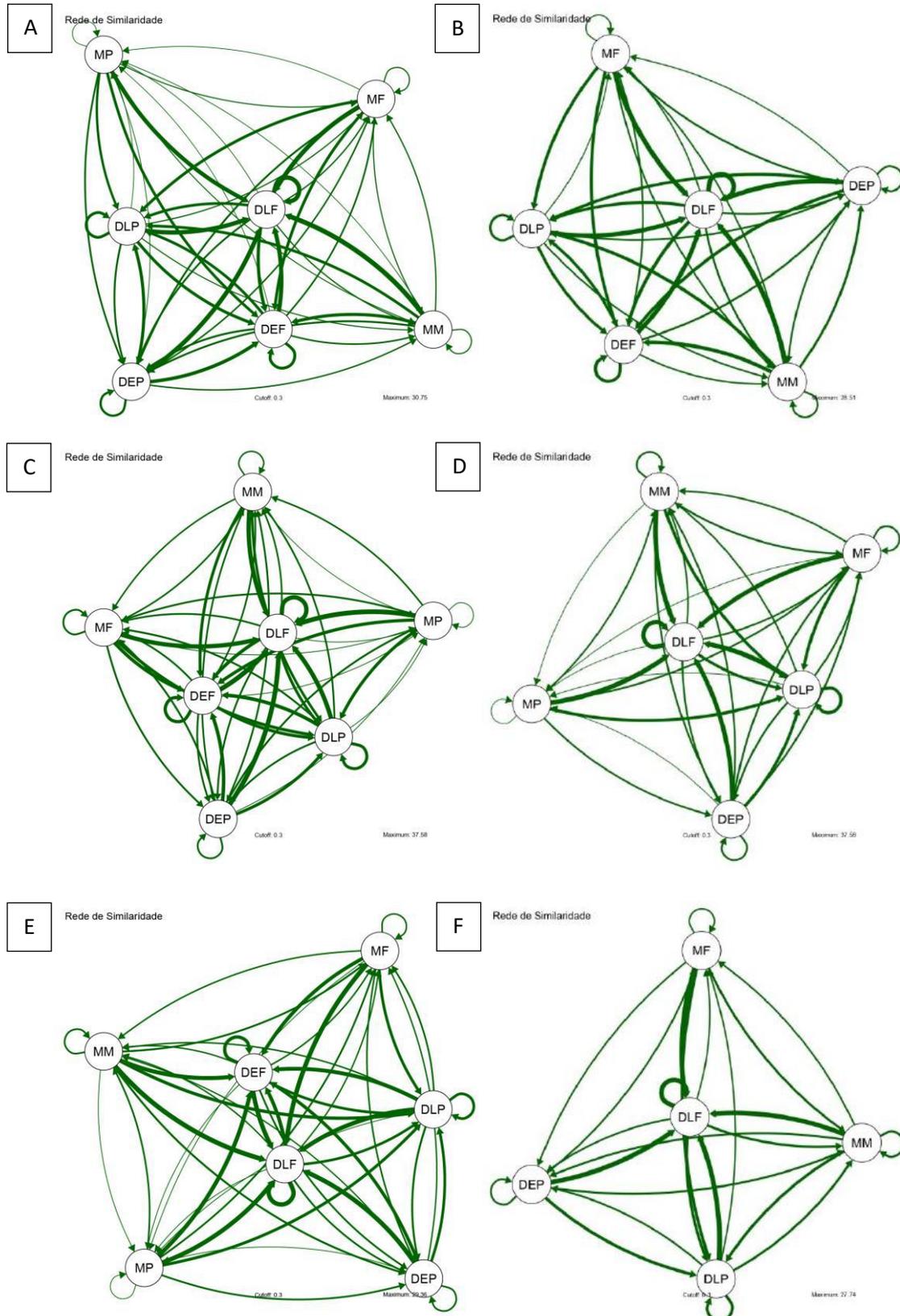
VIF	VP	Elementos dos vetores próprios associados às variáveis					
		Área 1 - São Francisco de Assis					
		MF	DLF	DEF	DLP	DEP	MM
4.778	81.953	0.443	0.575	0.451	0.418	0.273	0.137
-0.257	11.086	-0.190	-0.529	0.190	0.146	0.686	0.391
-0.019	4.811	-0.046	-0.405	0.170	0.757	-0.346	-0.331
-0.806	2.748	-0.094	-0.102	0.547	-0.181	-0.552	0.585
0.328	-1.676	-0.046	-0.109	0.650	-0.403	0.157	-0.612
0.626	-16.402	0.868	-0.448	-0.085	-0.181	-0.059	0.293
VIF	VP	Área 2 - Manoel Viana					
		MF	DLF	MP	DLP	DEP	MM
2.032	85.131	0.504	0.621	0.034	0.470	0.281	0.241
-0.287	12.700	-0.163	-0.549	0.064	0.298	0.564	0.508
-9.598	4.423	0.196	-0.300	-0.099	0.790	-0.446	-0.274
2.244	1.582	0.017	-0.030	0.989	0.042	-0.046	-0.126
-0.335	-1.582	-0.023	0.147	0.073	-0.060	-0.629	0.769
1.000	-15.136	-0.847	-0.467	-0.023	-0.243	-0.064	-0.105
VIF	VP	Área 3 - Alegrete					
		MF	DLF	DLP	DEP	MM	
-2.662	62.812	0.506	0.659	0.510	0.263	0.188	-
1.196	10.435	-0.166	-0.518	0.449	0.465	0.533	-
1.059	3.870	0.045	0.146	-0.379	-0.395	0.822	-
0.677	0.758	-0.070	0.180	-0.635	0.746	0.037	-
-3.843	-14.067	0.841	-0.492	-0.215	0.174	-0.049	-

Fonte: Autores (2022).

A análise rede de correlação tem sido utilizada na caracterização de sistemas complexos em diversas áreas do conhecimento (Formagio et al., 2021), porém, mais recentemente no melhoramento genético de plantas (Formagio et al., 2021; Silva 2017; Silva et al., 2016). O uso dessa técnica facilita a visualização das correlações entre as variáveis, o que requer menos tempo para a avaliação e menos recursos na utilização em programas de melhoramento genético (Mendes et al., 2019).

A Figura 3 representa as redes de correlações entre dados morfométricos com os efeitos e sem os efeitos da multicolinearidade dentro de cada de área analisada. O diâmetro longitudinal do fruto (DLF) foi a variável que apresentou maiores valores de correlações com as demais variáveis dentro da área 1, 2 e 3. A distância entre as variáveis é proporcional ao valor de correlação existente entre elas. A intensidade desses valores de correlação é representada pela espessura das arestas e o vetor indica o sentido da influência entre as variáveis.

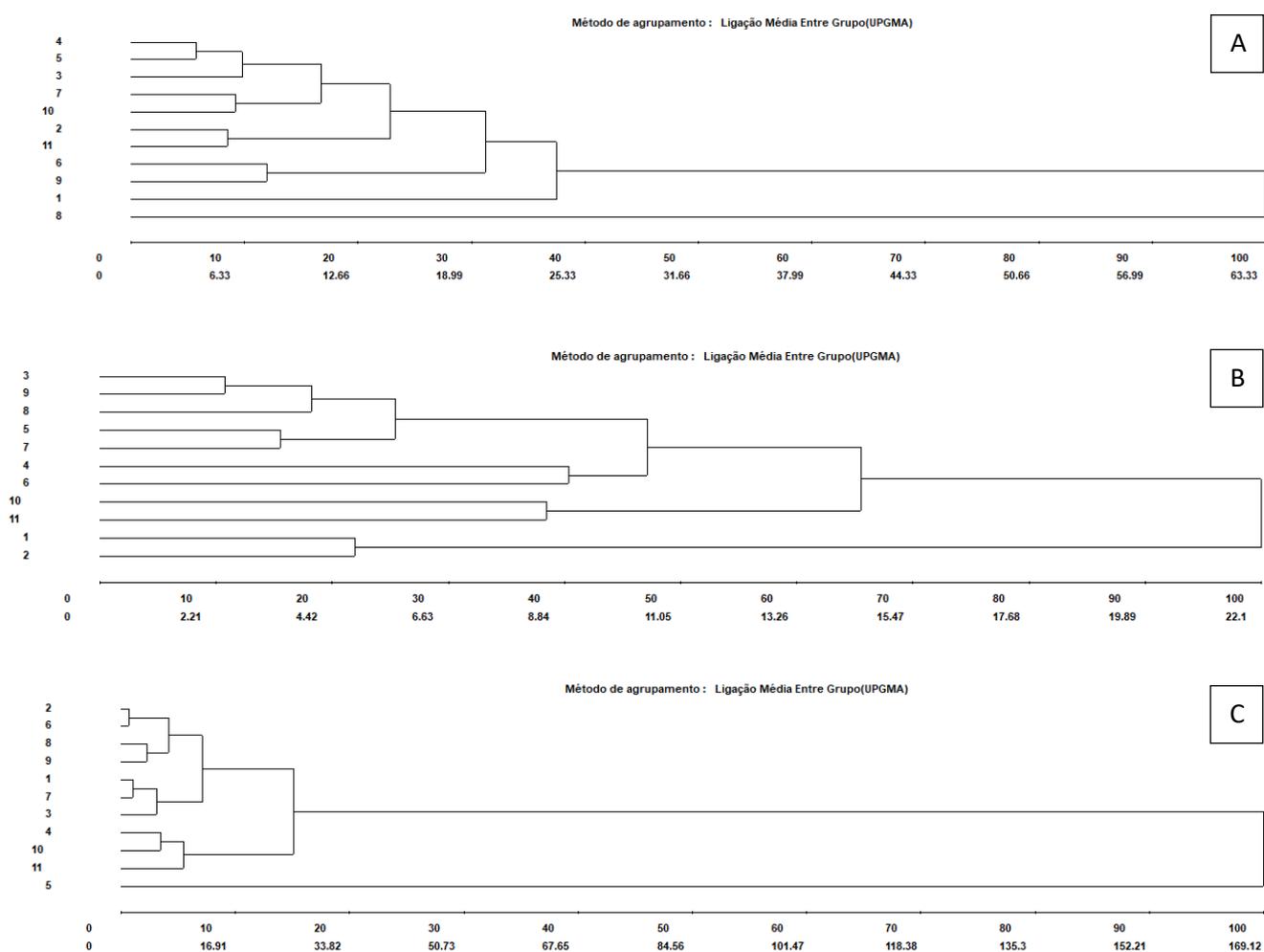
**Figura 3:** Rede de correlações fenotípicas baseada nas variáveis morfométricas das três áreas analisadas de *B. lallemantii* com e sem efeitos de multicolinearidade. Área 1 (A e B) – São Francisco de Assis, RS; área 2 (C e D) – Manoel Viana, RS; e área 3 (E e F) – Alegrete, RS. A espessura da linha é proporcional intensidade de correlação.



Fonte: Autores (2022).

Na Figura 4, observam-se os dendrogramas, representados pelo método de agrupamento: ligação média entre grupos (UPGMA) formados a partir das 3 populações de *B. lallemantii*. Os dendrogramas formaram dois grupos em todas as populações. Na população 1, um grupo foi formado apenas pelo genótipo 8 e outro grupo foi formado pelos demais genótipos (figura 4A). Na população 2, um grupo foi formado pelos genótipos 1 e 2 e o outro grupo foi formado pelos demais genótipos (figura 4B). Na população 3, um grupo foi formado pelo indivíduo 5 e o outro grupo foi formado pelos demais genótipos (figura 4C).

**Figura 4:** Dendrogramas obtidos por meio do método UPGMA baseado nas distâncias expressas pelo Quadrado da Distância Euclidiana Média Padronizada de 11 genótipos de *B. lallemantii* de cada população analisada. A) População 1 – São Francisco de Assis (Coeficiente de Correlação Cofenética - 0.8597). B) População 2 – Manoel Viana (Coeficiente de Correlação Cofenética - 0.7306). População 3 – Alegrete (Coeficiente de Correlação Cofenética - 0.9749).



Fonte: Autores (2022).

Na Tabela 4 pode-se constatar variabilidade genética entre as três áreas analisadas nas variáveis: massa do fruto (MF), massa do pirênio (MP) e massa do mesocarpo (MM), com resultados significativos por meio do teste F em 1%. E variabilidade genética das variáveis, comprimento do folíolo (CFO), diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro equatorial do fruto (DEF), diâmetro longitudinal do pirênio (DLP) e diâmetro equatorial do pirênio (DEP), com resultados significativos por meio do teste de F em 5%. Os coeficientes de variação residual estão entre 8.401 (DEF) a 46.106 (NFI). Os valores dos coeficientes de variação genética da MF, MP e MM confirmaram a variação genética entre as três áreas analisadas. A relação do CVg/Cve

é menor que um em todas as variáveis e a herdabilidade da média de procedências variou entre 0 a 87.863. A diversidade genética entre indivíduos de *B. lallemantii* pertencentes à mesma área é maior do que a diversidade daqueles que estão em áreas distintas, resultados que corroboram com estudos realizados sobre a diversidade genética da palmeira Juçara (*Euterpe edulis* Mart.), na qual, demonstram que fragmentação de habitats naturais de palmeiras contribui para diminuição da variabilidade genética interpopulacional e aumento da diversidade genética intrapopulacional (Konzen & Martins 2017; Pereira, 2018). Vianna, (2016) sugere que, para a conservação da variabilidade genética existente, esta deve ser preservada nas distintas populações ao longo de sua distribuição geográfica, permitindo desta maneira a manutenção da conservação da alta variabilidade genética nos diferentes locais.

**Tabela 4:** Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres morfológicos de frutos de *B. lallemantii*. Altura da planta (AP); comprimento da folha (CFA); comprimento do folíolo (CFO); número de folíolos (NFO); número de frutos por infrutescência (NFI); massa do fruto (MF); diâmetro longitudinal do fruto (DLF); diâmetro equatorial do fruto (DEF); massa do pirênio (MP); diâmetro longitudinal do pirênio (DLP); diâmetro equatorial do pirênio (DEP); massa do mesocarpo (MM); genótipo quadrado médio (GMS); resíduo quadrado médio (RMS); coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ); coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ); herdabilidade da média de procedências ( $H^2_{mp}$ ); \*\*Significativo em 1% por teste F.

\*Significativo em 5% por teste F.

	GMS	RMS	Média	CVe(%)	CVg(%)	CVg/Cve	$H^2_{mp}$
AP(m)	0.026	0.093	1.450	21.115	0.000	0.000	0.000
CFA(m)	0.118	0.094	1.827	16.817	2.579	0.153	20.553
CFO(m)	0.021*	0.006	0.507	15.977	7.360	0.460	70.011
NFO	40.393	186.752	67.333	20.295	0.000	0.000	0.000
NFI	377.303	286.279	36.697	46.106	7.838	0.170	24.125
MF(g)	17.846**	2.165	6.465	22.763	18.466	0.811	87.863
DLF(mm)	44.755*	8.834	30.856	9.632	5.856	0.608	80.260
DEF(mm)	14.142*	2.887	20.224	8.401	5.001	0.595	79.584
MP(g)	1.4109**	0.241	1.190	41.277	27.386	0.663	82.883
DLP(mm)	94.160*	25.373	19.687	25.586	12.702	0.496	73.053
DEP(mm)	15.972*	4.109	11.033	18.372	9.412	0.512	74.272
MM(g)	10.006**	1.549	5.274	23.596	16.623	0.704	84.5180

Fonte: Autores (2022).

O número de condição (NC) para a matriz de correlação biométrica das três áreas analisadas em conjunto indicou efeitos prejudiciais da multicolinearidade, necessitando ajustes para contornar seus efeitos (Tabela 5). O valor do NC encontrado foi (421.058), entre 100 a 1000, considerado entre moderado a forte.

**Tabela 5:** Fatores de inflação da variância (VIF), estimativas de valores próprios (VP) e vetores próprios obtidos a partir da matriz de correlação entre as avaliações biométricas e vetoriais próprios associados a doze caracteres morfológicos de frutos de *B. lallemantii*. Altura da planta (AP); comprimento da folha (CFA); comprimento do folíolo (CFO); número de frutos por infrutescência (NFI); massa do fruto (MF); diâmetro longitudinal do fruto (DLF); diâmetro equatorial do fruto (DEF); massa do pirênio (MP); diâmetro longitudinal do pirênio (DLP); diâmetro equatorial do pirênio (DEP); massa do mesocarpo.

VIF	VP	Elementos dos vetores próprios associados às variáveis											
		AP	CFA	CFO	NFO	NFI	MF	DLF	DEF	MP	DLP	DEP	MM
-1.294	190.116	0.2354	0.0307	0.4188	0.4792	0.3839	0.1094	0.3955	0.2994	0.021	0.3039	0.18	0.0897
0.205	63.962	0.4656	0.0191	-0.3817	-0.6247	0.363	0.0898	0.1856	0.1764	0.0164	0.1567	0.1047	0.0762
-1.942	19.264	-0.2604	0.1125	-0.0709	-0.0788	-0.3966	0.4898	-0.1292	0.3118	0.1079	0.246	0.362	0.4404
-0.013	9.169	-0.1045	-0.1464	-0.0504	-0.066	-0.2284	-0.4176	-0.1218	0.5403	-0.1371	0.483	-0.0268	-0.4179
0.032	5.335	0.0115	0.1732	-0.0022	-0.0096	-0.0336	-0.2094	0.031	-0.0577	0.3864	-0.2403	0.7588	-0.3711
-2573.605	3.498	-0.015	0.3911	-0.0024	-0.0077	-0.0152	-0.1523	0.0132	0.0964	0.7731	0.1329	-0.4387	0.0777
0.083	0.991	0.0811	<b>0.7174</b>	0.0512	0.0414	0.1733	-0.2127	-0.3889	0.2145	-0.3851	-0.1628	0.0395	0.1598
1.147	0.452	0.0239	-0.3622	0.0126	0.0143	0.0559	-0.6151	-0.1157	-0.0112	0.1064	-0.0166	0.18	0.6549
-1965.435	-0.816	-0.1087	0.3681	-0.0795	-0.0687	-0.2781	-0.2565	0.5425	-0.437	-0.2355	0.3751	0.0706	0.1101
-0.289	-1.734	-0.0556	0.0122	-0.0631	-0.0312	-0.2658	-0.0936	0.5484	0.4855	-0.0818	-0.5878	-0.1288	0.0845
-0.706	-36.637	<b>0.764</b>	-0.007	-0.1647	0.3186	-0.5179	0.0211	-0.1232	-0.0549	0.01	0.0037	-0.0216	0.0101
2500	-65.479	0.2073	-0.0087	<b>0.7944</b>	<b>-0.5102</b>	-0.2464	-0.0036	-0.0392	-0.0411	-0.0037	-0.0303	-0.0262	0.0005

Fonte: Autores (2022).

Na Tabela 6, temos a nova matriz de correlação, com NC inferior a 100 (90.299). Os efeitos da multicolinearidade só foram contornados após a eliminação das variáveis AP, CFA, CFO, NFO.

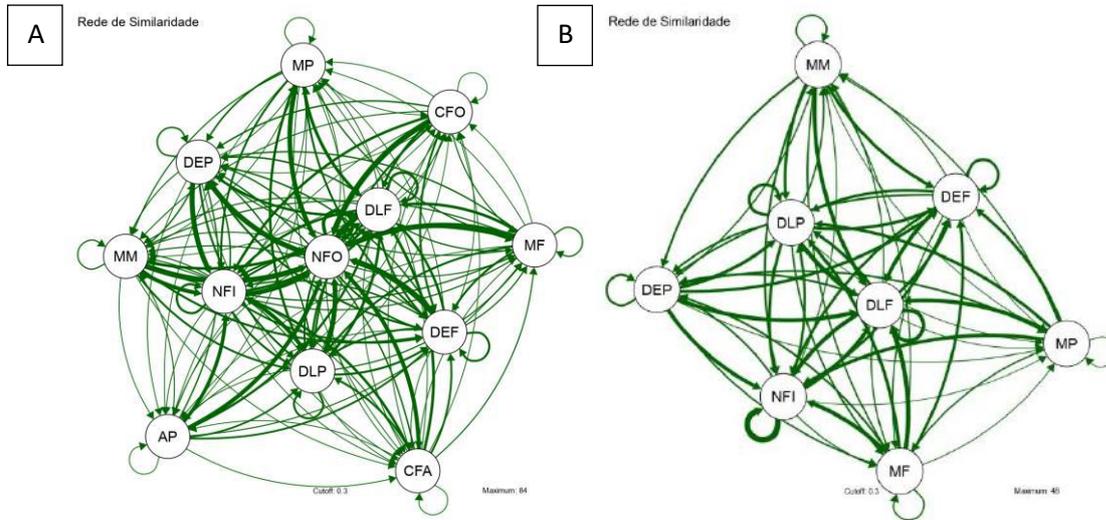
**Tabela 6:** Fatores de inflação da variância (VIF), estimativas de valores próprios (VP) e vetores próprios obtidos a partir da matriz de correlação entre as avaliações biométricas e vetoriais próprios associados excluindo as quatro variáveis responsáveis pela multicolinearidade: altura da planta (AP); comprimento da folha (CFA); comprimento do folíolo (CFO); número de folíolos (NFO).

VIF	VP	Elementos dos vetores próprios associados às variáveis							
		NFI	MF	DLF	DEF	MP	DLP	DEP	MM
0.023413	130.416	0.4241	0.4087	0.5032	0.4025	0.0297	0.4055	0.2351	0.1317
-13157.69858	9.334	-0.2956	-0.1184	-0.4277	0.3266	0.1669	0.1344	0.5677	0.4907
-0.619521	6.264	0.0261	0.1257	0.3913	-0.513	0.3092	-0.4449	0.2444	0.4625
-0.27614	4.908	-0.0857	0.089	-0.035	0.0518	-0.1538	0.1696	-0.6731	0.6895
-2590.363513	2.859	-0.3749	0.1199	0.1185	0.1884	0.8152	0.1065	-0.2863	-0.1941
0.424422	2.631	0.7397	-0.3035	-0.3623	-0.1139	0.4325	0.0993	-0.1103	0.0856
0.186754	1.444	-0.1764	-0.0105	0.0066	-0.6266	0.0018	0.7479	0.1244	-0.0353
-10000	-18.697	0.0767	0.8298	-0.514	-0.1562	0.0192	-0.1009	0.003	-0.0799

Fonte: Autores (2022).

A Figura 5 representa as redes de correlações entre dados morfométricos com os efeitos da multicolinearidade (A) e sem os efeitos da multicolinearidade (B), ao utilizar, em conjunto, os dados das três áreas analisadas. Nesta condição, o DLF e DLP foram as variáveis com maiores valores de correlações com as demais variáveis.

**Figura 5:** Rede de correlações fenotípicas baseadas em dados morfométricos de três populações de *B. lallemantii* com o efeito de multicolinearidade (A), e sem o efeito de multicolinearidade (B).



Fonte: Autores (2022).

O agrupamento de Tocher separou as três populações em dois grupos geneticamente distintos. O grupo 1, formado pelas populações 2 e 3, e o grupo 2, formado somente pela população 1 (Tabela 7).

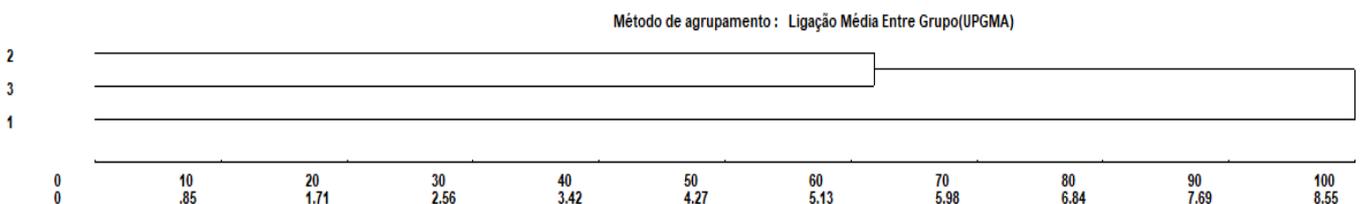
**Tabela 7:** Grupos de dissimilaridades formados pelo método de Tocher a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis estimada para os genótipos.

Grupos	Acessos
1	2 3
2	1

Fonte: Autores (2022).

Na Figura 6 observa-se um dendrograma representado pelo método de agrupamento: ligação média entre grupos (UPGMA), no qual ficou evidenciada a formação de dois grupos. Um grupo, formado pelas populações 2 e 3, populações de Manoel Viana e Alegrete, respectivamente, e outro grupo, isolado, formado pela população 1, proveniente de São Francisco de Assis.

**Figura 6:** Dendrograma obtido por meio do método UPGMA a partir de distâncias expressas pelo Quadrado da Distância Euclidiana Média Padronizada, estimadas entre 33 matrizes e baseadas em 12 variáveis de 3 áreas de ocorrência de *B. lallemantii* (Coeficiente de Correlação Cofenética - 0.9889).



Fonte: Autores (2022).

O valor encontrado do coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0.9889, o que demonstra um alto ajuste entre os dados da matriz de dissimilaridade e o dendrograma obtido pelo método (UPGMA).

#### 4. Considerações Finais

Foi constatado que a utilização de dados biométricos em análises de diversidade genética em populações de *B. lallemantii* é eficiente. Todos os caracteres avaliados dentro das populações demonstraram alto valor de diversidade genética. Os maiores valores foram encontrados nas variáveis massa do fruto (MF), massa do pirênio (MP) e massa do mesocarpo (MM) na população 1 e 2. Na população 3 foi a massa do fruto (MF), massa do pirênio (MP) e diâmetro equatorial do pirênio (DEP). Entretanto, quando se analisa as três populações em conjunto percebe-se a existência de variabilidade genética, de forma mais significativa, somente nas variáveis, massa fruto (MF), massa do pirênio (MP) e massa do mesocarpo (MM).

O diâmetro longitudinal do fruto (DLF) foi a variável que apresentou maiores valores de correlações com as demais variáveis dentro da população 1, 2 e 3. Contudo, o diâmetro longitudinal do fruto (DLF) e o diâmetro longitudinal do pirênio (DLP) apresentaram maiores valores de correlação quando são analisadas as três populações em conjunto.

Os métodos de agrupamentos permitiram identificar populações e genótipos divergentes que podem ser utilizados em estudos futuros sobre melhoramento e conservação da espécie.

#### Referências

- Bispo, R. B., Dardengo, J. D. F. E., Bispo, R. B., Bispo, R. B., & Rossi, A. A. B. (2020) Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. *Nativa*, 8(4). 585-590. [10.31413/nativa.v8i4.8622](https://doi.org/10.31413/nativa.v8i4.8622).
- Buttow, M. V. (2008). *Etnobotânica e caracterização molecular de Butia sp.* Dissertação de Mestrado (Agronomia) - Universidade Federal de Pelotas.
- Buttow, M. V., Castro, C. M., Schwart, Z. E., Tonietto, A., & Barbieri, R. L. (2010). Caracterização molecular de populações de *Butia capitata* (Arecaceae) do Sul do Brasil através de marcadores AFLP. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 32, p. 230-239. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010005000001>.
- Caixeta, R. P., Trugilho, P. F., Rosado, S. C. D. S., & Lima, J. T. (2003). Propriedades e classificação da madeira aplicadas à seleção de genótipos de *Eucalyptus*. *Revista Árvore*, 27, 43-51.
- Cruz, C. D. (1998). Programa Genes: Aplicativo computacional em estatística aplicada à genética (GENES-Software for Experimental Statistics in Genetics) *Genet Mol Biol*.
- Cruz, C. D. (2016). Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 38, p. 547-552. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>.
- Deble, L. P., & Marchiori, J. N. C. (2006). *Butia lallemantii*, uma nova Arecaceae do Brasil. *Balduínia*, n. 9, p. 01-03. <https://doi.org/10.5902/2358198014032>.
- Eslabão, M., Silveira, T., Barbieri, R. L., & Heiden, G. (2019). Biometria de endocarpos de *Butia* (Arecaceae) do Rio Grande do Sul. Embrapa Clima Temperado - Artigo em anais de congresso (ALICE). *Encontro internacional da rota dos butiazais*. Pelotas.
- Formagio, M. G., Fachi, L. R., Dezengrini, E. M. B., Krause, D. P., Campos, T. N. V., Lima, K. S., & Krause, W. (2021). Rede de correlações entre características de flor e de fruto do maracujazeiro-azedo. *Scientific Electronic Archives*, 14(5), 49-54.
- Fundação zoobotânica RS. (2014). *Lista da Flora Gaúcha Ameaçada de Extinção*. <http://www.al.rs.gov.br/filerepository/repLegis/arquivos/DEC%2052.109.pdf>
- Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., & Tatham, R. L. (2009). *Análise multivariada de dados*. Bookman editora.
- Instituto Nacional de Meteorologia, INMET. Dados históricos. <https://portal.inmet.gov.br/> acessado em 01 de fevereiro de 2022.
- Konzen, E. R., & Martins, M. P. (2017). Níveis contrastantes de diversidade genética entre populações da palmeira tropical ameaçada de extinção *Euterpe edulis* Martius. *Cerme*, 23, 31-42.
- Kuinchtner, A., & Buriol, G. A. (2001). Clima do Estado do Rio Grande do Sul segundo a classificação climática de Köppen e Thornthwaite. *Disciplinarum Scientia, Naturais e Tecnológicas*, 2(1), 171-182.
- Kupski, J. (2021). *Caracterização de frutos, biometria dos endocarpos e dissimilaridade de butiazais na região das missões*. Trabalho de conclusão de curso (Graduação) – Bacharelado em Agronomia. Universidade Federal da Fronteira Sul.

- Laindorf, B. L., Freitas, K. E. J., Lucini, F., Stefenon, V. M., Küster, M. C. T., Schünemann, A. L., Putzke, J., Victória, F. C., & Pereira, A. B. (2018). Genetic Diversity and Structure of *Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassman (Arecaceae) in Southern Brazil. *Tropical Conservation Science*, v. 11. <https://doi.org/10.1177/1940082918798330>.
- Leme, D. E. D. C., Alves, E. V. D. C., Lemos, V. D. C. O., & Fattoria, A. (2020). Análise de redes: uma abordagem de estatística multivariada para pesquisas em ciências da saúde. *Geriatr., Gerontol. Aging (Impr.)*, 43-51.
- Maciel, A. R. N. A., Oliveira, M. S. P., Martorano, L. G., Nunes, J. A. R., & Sousa, T. S. (2022). Divergência Genética em *Oenocarpus distichus* Mart. de Diferentes Procedências do Estado do Pará por Caracteres Morfoagronômicos. *Research, Society and Development*, 11(6).
- Mahalanobis, P. C. (1936). Distância generalizada em estatística. *Anais do Instituto Natural de Ciências*, v. 2, p. 49-55. <https://doi.org/10.33448/rsd-v11i6.28872>.
- Mendes, G. G. C., Gusmão, M. T. A., Martins, T. G. V., Rosado, R. D. S., Alencar Sobrino, R. S., Nunes, A. C. P., Ribeiro, W. S., & Zanuncio, J. C. (2019). Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. *Scientific Reports*, 9(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41507-4>.
- Neves, A. G. D. S. (2022). *Fenologia e diversidade genética da Syagrus cearensis noblick*. Trabalho de conclusão de curso (Engenharia Florestal) - Universidade Federal do Rio Grande do Norte.
- Oliveira, M. S. P., Ferreira, D. F., & Santos, J. B. (2017). Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, p. 501-506.
- Olivoto, T., Souza, V. Q., Nardino, M., Carvalho, I. R., Ferrari, M., Pelegrin, A. J., Szareski, V. J., & Schmidt, D. (2017). Multicollinearity in path analysis: a simple method to reduce its effects. *Agronomy Journal*, 109(1), 131-142.
- Pereira, P. (2018). *Caracterização da variabilidade genética de Euterpe edulis (Arecaceae) do Espírito Santo para produção de frutos*. Tese de Doutorado (Biologia Vegetal), Universidade Federal do Espírito Santo.
- Resende, M. D. V. (1991). Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. *Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo*, n. 22/23, p.61-77.
- Rosa, L. Z., Almeida, C. G. M., Brasil, A. M. A., Laindorf, B. L., Cogo, M. R. M., Kuhn, S. A., Bacega, A., Santos, N. L., Silveira, D. N. B., Cassol, A. P. V., Pereira, A. B., & de Souza, V. Q. (2021). A importância da hibridização para a preservação da variabilidade genética da família Arecaceae (palmeiras) frente a fatores antropogênicos: uma revisão sobre o caso da palmeira x *Butyagrus nabonnandii* (Prosch.) Vorste. *Research, Society and Development*, 10(14). <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i14.221042>.
- Sebbenn, A. M., Siqueira, A. C. M. F., Kageyama, P. Y., & Machado, J. A. R. (1998). Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva–*Myroxylon peruiferum* LF Allemão. *Scientia Forestalis, Piracicaba*, 53, 31-38.
- Silva, A. R. D., Rêgo, E. R. D., Pessoa, A. M. D. S., & Rêgo, M. M. D. (2016). Análise de rede de correlação entre caracteres fenotípicos e genotípicos de pimenteiras. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 51(4), 372-377.
- Silva, F. C. D. S. (2017). *Rede de correlações, eficiência da seleção visual e indireta via capacidade de ramificação e índices de seleção em soja*. Tese de Doutorado (Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa.
- Silva, P. H. (2017). *Caracterização de Acrocomia aculeata e Acrocomia totai por meio de descritores agromorfológicos*. Dissertação de Mestrado (Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico, Campinas, SP, Brasil.
- Soares, K. P. (2013). O gênero *Butia* (Becc.) Becc. (Arecaceae) no Rio Grande do Sul com ênfase nos aspectos ecológicos e silviculturais de *Butia yatay* (Mart.) E *Butia Witeckii*. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Santa Maria.
- Sokal, R. R., & Rohlf, F. J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon, Austria*, 11: 33-40.
- Vianna, S. A. (2016). *Diversidade genética e morfo-anatômica de Acrocomia spp. (ARECACEAE)*. Tese de Doutorado em (Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico, Campinas, SP, Brasil.