

SIMILARIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MANGUEIRA DE DIFERENTES ORIGENS GEOGRÁFICAS AVALIADAS POR MARCADORES AFLP¹

CARLOS ANTONIO FERNANDES SANTOS², FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO³,
MARCIE NE AMORIM RODRIGUES⁴, JOÃO GOMES DA COSTA⁵

RESUMO – As relações genéticas de 105 acessos de diferentes origens geográficas do banco de germoplasma de mangueira da Embrapa foram determinadas com base no marcador AFLP, de forma a orientar trabalhos de melhoramento e manejo de recursos genéticos da espécie para a região Semi-Árida brasileira. Foram ainda incluídos dois acessos de duas espécies do gênero *Mangifera*, como “outgroup”. O DNA dos acessos foi extraído pelo método do CTAB, as reações de AFLP foram realizadas para os iniciadores *EcoRI/MseI* e as bandas polimórficas foram analisadas para construção de fenograma, baseando-se no coeficiente de similaridade de Jaccard. Foram obtidas 157 e 54 bandas de AFLP polimórficas e monomórficas, respectivamente, em 13 combinações de iniciadores. O valor co-fenético do fenograma foi estimado em 0,81. Foram observados cinco grupos: 1) cultivares como Amrapali, Malika, híbridos Embrapa-Cpac e algumas variedades americanas formando um grupo; 2) grupo formado, predominantemente, por cultivares americanas, com algumas inclusões de híbridos sul-africanos e brasileiros; 3) grande grupo formado por cultivares brasileiras, com algumas inclusões de cultivares australianas, indianas e americanas; 4) grupo formado por algumas variedades tipo Espada, Rosa e acessos de diferentes origens; e 5) grupo formado por *M. foetida* e *M. similis*. Os acessos Carabao e Manilla apresentaram a maior similaridade, 97%. Os acessos estudados apresentaram similaridade superior a 51%, evidenciando a alta variabilidade genética da coleção de germoplasma de mangueira estudada.

Termos para indexação: *Mangifera indica*, divergência, germoplasma de manga.

GENETIC SIMILARITY OF MANGO ACCESSIONS OF DIFFERENT GEOGRAPHIC ORIGINS EVALUATED WITH AFLP MARKERS

ABSTRACT - The genetic relationship among 105 mango accessions of different geographic origins of the Embrapa germplasm collection was estimated based on AFLP marker in order to orient breeding and management of genetic resource activities of this species to the Brazilian Semi-Arid region. Two additional accessions of other species of the *Mangifera* genus were also included as outgroup. The DNA of the accessions was extracted according to the CTAB protocol, the AFLP reactions were performed to *EcoRI/MseI* primers and the polymorphic bands analyzed to built a phenogram based on the Jaccard similarity coefficient. A hundred and fifty-seven and fifty-four polymorphic and monomorphic bands, respectively, were obtained from 13 AFLP primer combinations. The phenogram cophenetic value was estimated in 0.81. Five groups were observed: 1) Amrapali, Malika, Embrapa-CPAC hybrids and some American varieties forming a group, 2) other built, predominantly, by American varieties, with some inclusions of South African and Brazilian hybrids, 3) a large group composed by Brazilian accessions, with some inclusion of Australian, Indian and American accessions, 4) a group with some accessions of Espada, Rosa and others of different origins, and 5) a group formed by *M. foetida* and *M. similis*. Carabao and Manilla presented the largest similarity, 97%. The studied accessions presented similarity greater than 51%, suggesting a high genetic variability of the studied mango germplasm collection.

Index terms: *Mangifera indica*, diversity, mango germplasm.

INTRODUÇÃO

A mangueira (*Mangifera indica*, $2n=2x=40$) é uma espécie originária da parte oriental da Índia (Duval et al., 2005), sendo que Índia, China, México, Tailândia e Filipinas respondem por 70% da produção mundial, enquanto México, Brasil, Paquistão, Filipinas, Índia e Holanda são responsáveis por quase 70% das exportações de mangas (Wyzykowsky et al., 2002).

É provável que o cultivo da mangueira tenha-se iniciado na Índia, onde mais de 1.000 variedades já foram encontradas, resultantes de seleções dentro de populações de polinização

cruzada, que estão catalogadas no Instituto de Pesquisa Hortícola daquele país (Pinto et al., 2005). Comerciantes espalharam o cultivo do centro de origem e domesticação para outras regiões tropicais e subtropicais. Portugueses introduziram a cultura no oeste e no leste da África e no Brasil. Do Brasil, provavelmente, foi levada para as ilhas do Caribe, de onde os espanhóis a introduziram no México e nas Filipinas. No século XIX, a mangueira foi introduzida na Flórida-EUA, primeiro do Caribe e depois da Índia (Viruel et al., 2005).

Significativo avanço no desenvolvimento de cultivares de mangueira ocorreu com as introduções e seleções dentro de

¹(Trabalho 262-07). Recebido em: 08-11-2007. Aceito para publicação em: 29-04-2008.

²Embrapa Semi-Árido. Caixa Postal 23. 56302-970. Petrolina, PE. Brasil. E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br.

³Embrapa Semi-Árido. Caixa Postal 23. 56302-970. Petrolina, PE. Brasil. E-mail: pinheiro.neto@cpatsa.embrapa.br.

⁴Embrapa Semi-Árido. Caixa Postal 23. 56302-970. Petrolina, PE. Brasil. E-mail: marciene.rodrigues@cpatsa.embrapa.br.

⁵Embrapa Tabuleiros Costeiros. Av. Beira Mar, 3250 CEP 49025-040. Aracaju, SE. E-mail: jgomes@cpatc.embrapa.br

progênes resultantes de polinização aberta no sul da Flórida-EUA, de tal forma que a região passou a ser considerada como um centro secundário de diversidade genética da espécie (Litz & Gómez-Lim, 2005; Schnell et al., 2006). As cultivares da Flórida são únicas, porque elas são resultantes de cruzamentos entre tipos indianos e tipos do sudeste da Ásia (Schnell et al., 2006). O comércio internacional de manga é dominado pelas cultivares da Flórida, como Haden, Tommy Atkins, Keitt e Kent, entre outras (Litz & Gómez-Lim, 2005).

Além da classificação segundo o local de origem, variedades de mangueira são também classificadas de acordo com o modo de reprodução, em monoembriônicas e poliembriônicas. As sementes das primeiras têm apenas um embrião zigótico, enquanto as do segundo tipo apresentam, além do embrião zigótico, outros de origem nucelar (Viruel et al., 2005).

As primeiras introduções de mangueira no Brasil, no século XVI, foram de tipos poliembriônicos, de frutos fibrosos, também conhecidos como raça filipínica, e só na segunda metade do século XX foram introduzidas as cultivares melhoradas na Flórida-EUA, consideradas da raça indiana, geralmente monoembriônicas (Pinto et al., 2002-a).

Relações genéticas entre cultivares de mangueira têm sido estabelecidas com marcadores isoenzimáticos (Degani et al., 1990), com marcadores moleculares dominantes, como RAPD (Schnell et al., 1995; Lopez-Valenzuela et al., 1997) e AFLP (Eiadthong et al., 2000; Kashkush et al., 2001), e, mais recentemente, com marcadores moleculares codominantes, a exemplo dos microssatélites (Viruel et al., 2005; Schnell et al., 2006). Apesar da dominância e da identificação de apenas alelo em cada loco, o marcador AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) é considerado uma poderosa ferramenta para análises de diversidade, devido à reprodutibilidade, à robustez, à geração de poucos artefatos e à ampla cobertura do genoma, apresentando resultados congruentes em várias situações com marcadores microssatélites (Meudt & Clarke, 2007).

O objetivo do presente trabalho foi determinar as relações genéticas, com base no marcador AFLP, dos acessos do banco de germoplasma de mangueira da Embrapa Semi-Árido, de forma a orientar trabalhos de melhoramento genético e de manejo de recursos genéticos da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

Material das plantas: Foram coletadas folhas sadias de 112 acessos do banco ativo de germoplasma de mangueira da Embrapa Semi-Árido, instalado na Estação Experimental de Mandacaru, Juazeiro-BA. Duas outras espécies do gênero *Mangifera*, *M. foetida* e *M. similis* foram incluídas para análise, como “outgroup” (Tabela 1). As folhas foram armazenadas em freezer de -80°C até o momento da extração de DNA.

Extração de DNA, reações de AFLP e análise dos dados
- O DNA foi extraído das folhas usando o protocolo CTAB 2x de Doyle & Doyle (1990), modificado para: 6.000 e 10.000 rpm na primeira e na segunda centrifugação, respectivamente; beta-mercaptoetanol a 2% e incubação a 60°C, durante 30 min, para

todas as amostras. Após a adição do tampão Tris-EDTA, a solução de DNA foi tratada com RNase para remover RNAs co-isolados. A quantificação e a análise de integridade do DNA foram realizadas em gel de agarose a 0,8%, seguido de armazenamento das amostras de DNA a -20°C.

O DNA genômico foi diluído para 30 ng/mL e duplamente digerido com as combinações de enzimas de restrições *EcoRI* e *MseI*. A programação do Termociclador para amplificações pré-seletivas consistiu de 20 ciclos a 94°C, durante 30 s, 56°C durante 1 min e 72°C durante 1 min. Cada reação foi então diluída 20 vezes em água ultrapura e armazenada em geladeira. Foram realizadas reações seletivas de amplificação para um volume final de 10 µL, de acordo com as concentrações: 0,2 µM do primer da *EcoRI*, 0,3 µM do primer da *MseI*, 0,2 mM de dNTPs, 1x tampão de PCR, 2,5 mM de MgCl₂, 0,05 unidades de Taq DNA Polimerase (Biosystem, Paraná) e 2,0 µL do DNA pré-amplificado. A programação do termociclador para as amplificações seletivas consistiram de: a) um ciclo de 94°C, durante 30 s, seguido de 65°C, durante 30 s, e de 72°C, durante 60 s, repetidos 13 vezes e com a temperatura de anelamento de 65°C, diminuindo 0,7°C no ciclo subsequente; b) 23 ciclos a 94°C, por 30 s, 56°C, durante 30 s, e 72°C, durante um min.

As reações de PCR foram aquecidas durante 3 min a 94°C, na presença de formamida, e imediatamente colocadas sob gelo antes da aplicação nos géis de poliacrilamida. A corrida de eletroforese foi realizada por um período de 2 h, a 60 W. Os géis foram corados com nitrato de prata conforme descrito por Creste et al. (2001). Todas as atividades foram realizadas no Laboratório de Genética da Embrapa Semi-Árido, Petrolina-PE.

Para anotação das bandas, foi adotado o seguinte procedimento: um para presença, zero para ausência e nove para falha na reação. Foram realizadas duas anotações das bandas: a primeira diretamente na placa de vidro de AFLP e outra, recheagem, no gel escaneado, com apoio do software PhotoShop, mantendo-se a segunda anotação, em casos de não-concordância. Acessos que apresentaram mais de 10% de falhas foram excluídos das análises. O índice de similaridade de Jaccard foi adotado para estimar a distância para cada par individual dos acessos estudados. A matriz de similaridade foi usada para a construção do fenograma, de acordo com o Método de Agrupamento não-Ponderado, com base na Média Aritmética – UPGMA (Sneath & Sokal, 1973), disponível no software NTSYS (Rohlf, 1989). A correlação co-fenética entre a matriz de valores co-fenéticos e a matriz de similaridade foi estimada para inferir-se sobre a adequação do fenograma gerado.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram obtidas 157 e 54 bandas polimórficas e monomórficas, respectivamente, de AFLP, em 13 combinações de iniciadores (CI) *EcoRI/MseI*, com média de 12,1 marcas polimórficas/CI. As CIs produziram os seguintes números de bandas polimórficas: AGC/CTT (07), AGG/CTT (9), ACA/CCC (9), AGG/CTC (15), ACC/CTC (11), ACC/CAC (15), ACT/CTT (8), ACA/CTC (15), AAC/CCC (14), ACG/CAC (10), AAA/CTC (13), AAA/CCC (15) e AGC/CTA (16).

A correlação co-fenética entre a matriz dos valores co-fenéticos e a matriz de similaridade foi de 0,81, indicando que o fenograma produzido (Fig. 1) foi uma boa representação dos dados de AFLP. Outra boa indicação do ajuste do fenograma foi a formação de um grupo a parte com os dois acessos do gênero *Mangifera*, *M. foetida* e *M. similis*.

Os acessos Irwin, Heidi, Umbu, Maya, Dama de Ouro, Pingo de Ouro DPV, 65 e Winter (Tabela 1) foram excluídos da análise porque apresentaram mais do que 10% de falhas do número total de bandas polimórficas anotadas. Warburton & Crossa (2000) sugeriram a remoção de indivíduos ou de marcadores quando o número de falhas for superior a 15%.

O fenograma apresentou cinco grupos (Fig. 1): 1) grupo formado por cultivares indianas, como Amrapali, Malika, oito híbridos Cpac e seguindo até Van Dike; 2) grupo formado, predominantemente, por cultivares americanas (de 'Scuper Many' até 'Chene'); 3) grande grupo formado por cultivares brasileiras (de Hilda até Papo-de-Peru), com algumas inclusões de cultivares australianas, indianas e americanas; 4) outro nível seqüencial de 'Pêssego' até 'Black Java'; 5) um grupo formado pelos dois acessos: *M. foetida* e *M. similis*, incluídos neste estudo como 'outgroup' prévios, para inferências sobre a validade do fenograma construído.

O agrupamento formado por Malika, Amrapali, oito genótipos tipo Cpac (incluindo Lita e Ômega) e cultivares como Tommy Atkins e Van Dyke (Fig. 1) reflete o uso das cultivares indianas e americanas como parentais do programa de melhoramento da Embrapa Cpac (Tabela 1) (Pinto et al., 2002-b).

O agrupamento 2 apresenta, além das variedades americanas, inclusões de dois híbridos sul-africanos (Chene e Neldica) e um brasileiro (Beta), bem como uma variedade indiana Dasherari, o que deve refletir, além da origem geográfica, a influência do "pool" gênico indiano na formação das cultivares americanas e nos três híbridos mencionadas (Fig. 1). Os grupos 1 e 2 apresentaram o maior número de cultivares monoembriônicas, pois foram formados por cultivares americanas, indianas e híbridos derivados (Schnell et al., 2006; Pinto et al., 2002-b). Estudos com marcadores que resultaram nestes grupos poderiam auxiliar na identificação de marcas associadas exclusivamente à monoembriônia, como sugerido por Schnell e Knight (1992) para marcadores isoenzimáticos.

As cultivares Haden, Haden 2H e Haden Rosa, agrupadas com similaridades maiores do que 80% no grupo 2, são, provavelmente, resultantes de recombinações sexuais, porque os 20% de dissimilaridade verificados dificilmente poderiam ser explicados por mutações somáticas. Viruel et al. (2005) reportaram resultados semelhantes para 'Davis Haden', que tem sido erroneamente considerada como sendo uma mutação somática de 'Haden', mas que, segundo os autores, a hipótese mais provável é que a variedade Davis Haden seja uma progênie da Haden.

Das 53 cultivares brasileiras, oriundas de recombinações genéticas espontâneas, 43 foram agrupadas quase que seqüencialmente no terceiro grupo, sendo que 'Salitre' e 'CPR' foram as que apresentaram a maior similaridade dentro deste grupo (Fig. 1). Segundo Pinto et al. (2002-b), as cultivares

brasileiras são resultantes das introduções de genótipos filipínicos, geralmente fibrosos e poliembriônicos, efetuadas pelos portugueses no século XVI. Dentro do terceiro agrupamento, observaram-se algumas cultivares de origem semelhante formando subgrupos, como: 1) Celebration, Kensigton e R2E2, de origem australiana; 2) Carabao e Manilla, da raça filipínica, apresentaram a maior similaridade (97%), sugerindo que são quase geneticamente idênticas, corroborando os estudos de RAPD de López-Valenzuela et al. (1997). Ataulfo, outra cultivar mexicana de origem filipínica, posicionou-se próxima de Manilla e Carabao, com 68% de similaridade.

No quarto agrupamento, próximo da base do fenograma, foram incluídas algumas 'Espadas' e a 'Rosa', que, segundo Pinto et al. (2002-a), estão entre as cultivares mais antigas e comuns brasileiras (Fig. 1). Essas duas cultivares apresentam, ainda, como característica comum, a reprodução poliembriônica (Pinto et al., 2002-b). Neste agrupamento, foi incluído também a 'Palmer', que é uma cultivar americana monoembriônica, que tem como um dos progenitores a 'Haden' (Schnell et al. 2006). A inclusão desta cultivar neste agrupamento permanece sem uma explicação genética lógica, sendo provável que o acesso estudado não seja um clone da 'Palmer' americana ou que tenha sido erroneamente identificada.

Todos os 105 acessos estudados, de diferentes origens geográficas e diferentes tipos de reprodução, apresentaram similaridade superior a 51% (Fig. 1), o que evidencia a alta variabilidade genética da coleção de germoplasma de mangueira estudada (Tabela 1). Schnell et al. (1995), analisando 25 acessos de cultivares majoritariamente Floridiana (EUA), encontraram similaridade superior a 64%, enquanto Viruel et al. (2005) observaram similaridade superior a 33% em 28 acessos de mangueira de diversas origens, o que também evidencia a alta variabilidade genética da mangueira.

Este é o primeiro estudo sobre a análise da similaridade genética entre um grande número de acessos de mangueira, envolvendo genótipos derivados de introduções no Brasil, no século XVI, provavelmente por sementes, bem como outros introduzidos mais recentemente, no século XX, provavelmente por multiplicação assexuada, e servirão de referências para trabalhos de manejo de germoplasma, hibridações controladas, e até mesmo para escolha de cultivares polinizadoras para outras que apresentam problema de abortamento floral, como é o caso da 'Haden'.

TABELA 1 - Origem e parental (ais)^{1,2} de 112 acessos do banco de germoplasma de mangueira da Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 2007.

Genótipos	Origem	Parentais
Alphonso	Índia	
Amarelinha	Brasil	
Ametista	Brasil	
Amrapali	Índia	Dashehari x Neelum
Apple DCG 406	Tailândia	
Ataulfo	México	Manila
Beta	Embrapa	Amrapali x Winter
Bhadauram	Índia	
Black Java	Austrália	
Bonita	Brasil	
Bourbon	Brasil	
Brasil	Brasil	
Calmon	Brasil	
Carabao	Filipinas	
Carlotão	Brasil	
Caxangá	Brasil	
Chenê	África do Sul	Kent
China	Brasil	
Comprida Roxa	Brasil	
Coração Magoado	Brasil	
CPAC 07/166-86	Embrapa	
CPAC 09/137-86	Embrapa	
CPAC 09/166-86	Embrapa	
CPAC 10/2786	Embrapa	
CPAC 10/2886	Embrapa	
CPAC 10/4486	Embrapa	
CPR	Brasil	
Dama de Ouro	Brasil	
Da Porta	Brasil	
Dashehari	Índia	
Duncan	EUA	Nam Doc Mai
Edward	EUA	Haden
Eldon	EUA	Cowasju Patel
Espada	Brasil	
Espada 35	Brasil	
Espada Itaparica	Brasil	
Espada Manteiga	Brasil	
Espada Ouro	Brasil	
Extrema	Brasil	
Favo de Mel	Brasil	
Florigon	EUA	Haden
Foice	Brasil	
GI Proc 006/85	Brasil	
Haden	EUA	Mulgoba x Tupertine
Haden 2H	Brasil	
Haden Rosa	Brasil	
Heidi	África do Sul	
Hilda	Brasil	
Imperial I	Brasil	
Imperial II	Brasil	
Ipuçaba	Brasil	
Irwin	EUA	
Itamaracá	Brasil	
Itiúba	Brasil	
Joa	África do Sul	Palmer
Juazeiro II	Brasil	
Juazeiro III	Brasil	
Juazeiro IV	Brasil	
Juazeiro V	Brasil	
Juazeiro VI	Brasil	
Juazeiro VII	Brasil	
Lita	Embrapa	Amrapali x T. Atkins
Kelitt	EUA	Brooks
Kensington	Austrália	
Kent	EUA	Brooks x Haden
Langra	Índia	
M-13269	EUA	
Maçã	Brasil	
Mallika	Índia	Neelum x Dashehari
Manga d'água	Brasil	
<i>M. foetida</i>	Tailândia	
<i>M. similis</i>	Tailândia	
Manguito	Brasil	
Manila	Filipinas	
Manzanillo	México	
Mastruz	Brasil	
Maya	México	
Momi-K	EUA	
Mon Amon	Tailândia	
Morais	Brasil	
Nego não chupa	Brasil	
Nédica	África do Sul	
Olour	Índia	
Palmer	EUA	Haden
Papo-de-Peru I	Brasil	
Papo-de-Peru II	Brasil	
Parwin	EUA	
Pêssego	Brasil	
Pêssego DPV	Brasil	
Pingo de Ouro DPV	Brasil	
Pingo de Ouro DPV	Brasil	
Primor Amoreira	Brasil	
Princesa	Brasil	
Recife	Brasil	
Rosa	Brasil	
Rosary	Brasil	
Ruby	EUA	Haden
Salitre	Brasil	
Sta Alexandrina	Brasil	
Scuper Many	EUA	
Simmonds	EUA	
Smith	EUA	Haden
Surpresa	Brasil	
Tommy Atkins	EUA	Haden
Torbet	EUA	Haden
Tyler Premier	EUA	
Ubá	Brasil	
Umbu	Brasil	
Winter	EUA	
Van Dyke	EUA	Haden
Zill	EUA	Haden x Bombay
Zill	EUA	
65	EUA	

¹Parental (ais) de cultivares americanas definidos com base em marcador microsatélites (Schnell et al., 2006).

²Parental (ais) de cultivares brasileiras segundo Pinto et al. (2002).

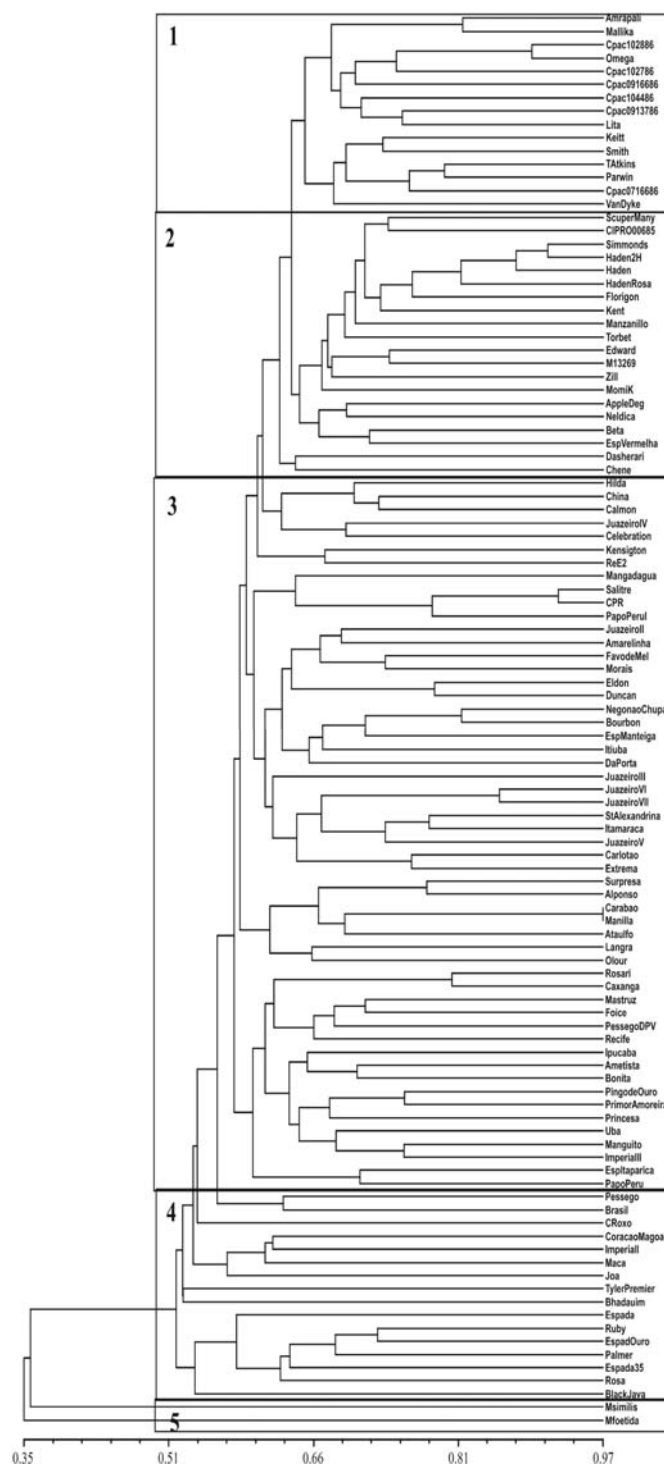


FIGURA 1- Fenograma UPGMA do coeficiente de similaridade de Jaccard de 107 acessos do banco de germoplasma de mangueira da Embrapa Semi-Árido, analisados com 157 marcas de AFLP. Valor co-fenético = 0,81.

CONCLUSÕES

1-Foram observados quatro grupos entre os 105 acessos de mangueira estudados, sendo que dois acessos do gênero *Mangifera* formaram grupo adicional externo no fenograma. Das 53 cultivares brasileiras estudadas, oriundas de recombinações genéticas espontâneas, 43 cultivares constituíram um grupo.

2-Os acessos Carabao e Manilla, da raça filipínica, apresentaram a maior similaridade, 97%.

3-Os acessos estudados, de diferentes origens e tipo de reprodução, apresentaram similaridade superior a 51%, evidenciando a alta variabilidade genética da coleção de germoplasma de mangueira estudada.

AGRADECIMENTOS

À FACEPE, pelo apoio financeiro para a realização deste trabalho.

REFERÊNCIAS

- CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of Single Sequence Repeat Polymorphisms in Denaturing Polyacrylamide Sequencing Gels by Silver Staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, New York, v. 9, p. 299-306. 2001.
- DEGANI, C.; EL-BATSRI, R.; GAZIT, S. Enzyme polymorphisms in mango. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 115, p. 844-847. 1990.
- DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Ithaca, v. 12, p. 13-15, 1990.
- DUVAL, M.F.; BUNEL J.; SITBON, C.; RISTERUCCI, A.M. Development of microsatellite markers for mango (*Mangifera indica* L.). **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 5, p. 824-826. 2005
- EIADTHONG, W.; YONEMORI, K.; KANZAKI, S.; SUGIURA, A. Amplified fragment length polymorphism analysis for studying genetic relationship among *Mangifera* species in Thailand. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 125, p. 160-164, 2000.
- KASHKUSH, K.; JINGGUI, F.; TOMER, E.; HILLEL, J.; LAVI, U. Cultivar identification and genetic map of mango (*Mangifera indica*). **Euphytica**, Dordrecht, v. 122, p. 129-136, 2001.
- LITZ, R.E.; GÓMEZ-LIM, M.A. *Mangifera indica* Mango. In: LITZ, RE (ed.). **Biotechnology of fruit and nut crops**. Wallingford: CAB International, 2005. p. 41-61.
- LOPEZ-VALENZUELA, J.A.; MARTINEZ, O.; PAREDES-LOPEZ, O. Geographic differentiation and embryo type identification in *Mangifera indica* L. cultivars using RAPD markers. **HortScience**, Alexandria, v. 32, p. 1105-1108, 1997.
- MEUDT, H.M.; CLARKE, A.C. Almost Forgotten or Latest Practice? AFLP applications, analyses and advances. **Trends in Plant Science**, Londres, v. 12, n.3. p. 107-117, 2007.
- PINTO, A.C. de Q.; SOUZA, V.A.B. de; ROSSETTO, C.J.; FERREIRA, F.R.; COSTA J.G. da. Melhoramento genético. In: GENÚ, P.J. de C.; PINTO, A.C. de Q. (Ed.). **A cultura da mangueira**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. p. 53-92.
- PINTO, A.C. de Q.; COSTA, J.G. da; SANTOS, C.A.F. Principais variedades. In: GENÚ, P.J. de C.; PINTO, A.C. de Q. (Eds.). **A cultura da mangueira**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002b. p. 95-116.
- PINTO, A.C. de Q.; ROSSETTO, G.J.; FALEIRO, F.G. Melhoramento genético da manga: métodos, resultados, limitações e estratégias. In: SIMPÓSIO DE MANGA DO VALE DO SÃO FRANCISCO, 1., 2005, Juazeiro. **Palestras...** Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 2005 (Documentos, 189).
- ROPHLF, F.J. **NTSYS-pc numerical taxonomy and multivariate analysis system**, version 1.80. Setauket: Exeter Software, 1989.
- SCHNEL, R.J.; BROWN, J.S.; OLANO, C.T.; MEEROW, A.W.; CAMPBELL, R.J.; KUHN, D.N. Mango genetic diversity analysis and pedigree inferences for Florida cultivars using microsatellite markers. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 131, n. 2, p. 214-224, 2006
- SCHNELL, R.J.; RONNING, C.M.; KNIGHT Jr, R.J. Identification of cultivars and validation of genetic relationships in *Mangifera indica* L. using RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 90, p. 269-274, 1995.
- SCHNELL; R.J.; KNIGHT Jr, R.J. Frequency of zygotic seedlings from five polyembryonic mango rootstocks. **Acta Horticulturae**, Leuven, v. 27, p. 174-176, 1992.
- SNEATH, P.H.A.; SOKAL, R.R. **Numerical taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973. 573p.
- VIRUEL, M.A.; ESCRIBANO, P.; BARBIERI, M.; FERRI, M.; HORMAZA, J.I. Fingerprinting, embryo type and geographic differentiation in mango (*Mangifera indica* L., Anacardiaceae) with microsatélites. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v.15, p.383-393, 2005.
- WARBURTON, M.; CROSSA, J. **Data Analysis in the CIMMYT Applied Biotechnology Center: For Fingerprinting and Genetic Diversity Studies**. Mexico, DF: CIMMYT, 2000. 23p.
- WYZYKOWSKY, J.; ARAÚJO, J.L.P.; ALMEIDA, C.O. de. Mercado e comercialização. In: GENU P.J. de C.; PINTO, A.C. de Q. (Ed.). **A cultura da mangueira**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. p.433-452.