



Identification and preliminary characterization of early fruiting mangabeira (*Hancornia speciosa* – Apocynaceae)

Identificação e caracterização preliminar de acesso de mangabeira com frutificação precoce (Hancornia speciosa – Apocynaceae)

Ana Veruska Cruz Silva^{1*}, Ana Letícia Sirqueira Nascimento², Adrielle Naiana Ribeiro Soares², Allivia Rouse Carregosa Rabbani³, Josué Francisco Silva Júnior¹, Ana Silva Ledo¹

Abstract: The mangabeira (*Hancornia speciosa* G.) is a native Brazilian species in the process of domestication. It has several potential uses. In recent years the populations of mangabeira have become fragmented and, to conserve their genetic resources, Embrapa Tabuleiros Costeiros has, since 2006, maintained a Mangaba Genebank, which currently has 299 individuals distributed across 27 accessions. In one of these accessions (BGMangaba 12/CP), first fruiting was observed to occur at 13 months, indicating precocity. The current project was developed with the intention of morphologically characterizing the CP accessions and evaluating the extent of genetic diversity between genotypes, based on genetic markers associated with fruiting precocity. Morphological variation in crown and leaf shape, growth habit, total height, stem diameter and canopy height were investigated. For molecular characterization, 18 CP accession genotypes were used, all from Sergipe State, Brazil, and 11 ISSR markers were studied that generated 62 fragments with 91.4% polymorphism. The fruits have physical and chemical characteristics suitable for *in natura* consumption and also for processing. UPGMA dendrogram analysis showed the genotypes CP2 and CP6 to be most similar and CP10 the most divergent within the CP accessions. The results showed the existence of polymorphism, and genetic divergence among genotypes, thus reinforcing the importance of constant germplasm characterization, which guarantees information on gene sources for future use, while providing information concerning potential parents that can be used in breeding programs as well as the identification of duplicates.

Key words: Native fruits. Germplasm. ISSR. Genetic resources.

Resumo: A mangabeira (*Hancornia speciosa* G.) é uma espécie nativa do Brasil em fase de domesticação, com diversos usos potenciais. Nos últimos anos as áreas nativas de mangabeira vêm sofrendo fragmentação, e com a finalidade de conservar seus recursos genéticos, a Embrapa Tabuleiros Costeiros mantém o Banco de Germoplasma de Mangaba desde 2006, que atualmente possui 299 indivíduos distribuídos em 27 acessos. Em um desses acessos, o BGMangaba 12/CP, foi observado que a primeira frutificação ocorreu aos 13 meses de idade, indicando precocidade. O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de caracterizar morfologicamente o acesso CP e avaliar a diversidade genética entre os genótipos, a partir de marcas genéticas associadas à precocidade de frutificação. Nas avaliações morfológicas avaliou-se o formato da copa e da folha, hábito de crescimento, altura total e diâmetro do caule e altura do coleto. Para a caracterização molecular foram utilizados 18 genótipos do acesso CP, oriundo do estado de Sergipe, e 11 marcadores ISSR que geraram 62 fragmentos com 91,40% de polimorfismo. Os frutos possuem características físico-químicas adequadas para o consumo *in natura* e também para processamento. A partir da análise do dendrograma por UPGMA, foi possível avaliar que os genótipos CP2 e CP6 são os mais similares e o CP10, o mais divergente dentro do acesso CP. Os resultados demonstraram a existência de polimorfismo, divergência genética entre os genótipos e reforçam a importância da caracterização constante de germoplasma, a qual permite assegurar informações sobre fontes de genes para utilização futura, obtenção de informações sobre potenciais genitores a serem utilizados em programas de melhoramento e identificação de duplicatas.

Palavras-chave: Frutas nativas. Germoplasma. ISSR. Recursos genéticos.

*Corresponding author

Submitted for publication on 26/02/2019 and approved 06/06/2019

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. Av. Beira mar, 3250, Aracaju, SE. 49025-040. ana.veruska@embrapa.br; josue.francisco@embrapa.br; ana.ledo@embrapa.br.

²Universidade Federal de Sergipe. Av. Marechal Rondon, s/n. São Cristóvão, SE. 49100-000. analeticia_16@hotmail.com; adrielle.naiana@hotmail.com;

³Instituto Federal da Bahia. Rod. BR 367, R. José Fontana, 1. Porto Seguro, BA. 458100-000. alliviarouse@hotmail.com.

INTRODUCTION

The mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes - Apocynaceae) is a fruit-producing tree species native to Brazil, where it is found in several regions of the country, from the coastal Tabuleiros and coastal littoral of the Northeast to the Cerrados of the Midwest, North and Southeast regions. Its common name is of indigenous origin, meaning “good thing to eat” in Tupi-Guarani (SILVA JÚNIOR *et al.*, 2011). The State of Paraíba is the largest producer of mangaba (as the fruit are locally called) in the country, followed by Sergipe and Minas Gerais states. National production of the fruit was 922 tons in 2016 (IBGE, 2018), with this being predominantly extractive, based on wild populations.

The fruit is the main product, and can be consumed *in natura* or used in the manufacture of pulp, jams, jellies, sorbets, liqueurs, cocktails, wines and syrups (COSTA *et al.*, 2011). Recently, research on its functional and nutritional properties has occurred (SANTOS *et al.*, 2017). Due to the expansion of the land-development and deforestation, the areas where the species naturally occurs have suffered rapid reduction in the last decade, especially in the northeastern coastal region (SILVA *et al.*, 2019).

Considering the great devastation of areas to which mangabeira is native, the Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa) started the Mangaba Genebank in 2006, with the aim of conducting research to prospect, collect, characterize mangabeira populations and provide for their *ex situ* conservation and foster the use of the existing wide variability of the genetic resources of the species of occurrence in the coastal ecosystems of the Brazilian Northeast and adjacent areas (COSTA *et al.*, 2011). Genetic and morphological analysis of collections in germplasm banks is one of the first steps in the identification of duplicates and gene lines, which will then allow hybrids with greater commercial potential to be developed (Freitas *et al.*, 2012). In addition, this provides a way of combining biodiversity conservation work with sustainable development (SOARES *et al.*, 2018).

Information on genetic diversity is essential for the development of effective strategies for the conservation and the use of genetic resources. Molecular analysis is a highly appropriate means of evaluating this diversity, using genetic markers to infer the degree of diversity between populations. Therefore, studies of the components of variability is key, especially for little-studied native species, where the extent of diversity is not yet fully known (COSTA *et al.*, 2011). For mangabeira, such knowledge advances are an essential preliminary to the establishment of a successful species breeding program.

INTRODUÇÃO

A mangabeira (*Harconia speciosa* Gomes - Apocynaceae) é uma espécie frutífera nativa do Brasil, encontrada em várias regiões do país, desde os Tabuleiros Costeiros e baixada litorânea do Nordeste aos Cerrados das regiões Centro-Oeste, Norte e Sudeste. Sua nomenclatura é de origem indígena tupi-guarani e significa “coisa boa de comer” (SILVA JÚNIOR *et al.*, 2011). O estado da Paraíba é o maior produtor de mangaba do país, seguido de Sergipe e Minas Gerais. A produção do fruto foi de 922 toneladas, em 2016 (IBGE, 2018), sendo predominantemente extrativista.

O fruto é o principal produto, podendo ser consumido *in natura* ou na fabricação de polpa, coquetéis, doces em calda, geleias, sorvetes, licores, vinhos e xaropes (Costa *et al.*, 2011). Recentemente, tem-se desenvolvido algumas pesquisas sobre suas propriedades funcionais e nutracêuticas (SANTOS *et al.*, 2017). Devido à expansão da atividade imobiliária e ao desmatamento, as áreas de ocorrência natural da espécie sofreram redução acelerada na última década, principalmente na região costeira nordestina (SILVA *et al.*, 2019).

Considerando-se a grande devastação de áreas nativas de mangabeira, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) implantou, em 2006, o Banco Ativo de Germoplasma de mangaba (BAG mangaba), com o intuito de realizar pesquisas que visam à prospecção, coleta, caracterização, conservação *ex situ* e utilização de uma ampla variabilidade dos recursos genéticos da mangabeira de ocorrência nos ecossistemas de Tabuleiros Costeiros e Baixada litorânea do Nordeste e em áreas adjacentes (COSTA *et al.*, 2011). A caracterização de coleções de bancos de germoplasma consiste em um dos primeiros passos para a identificação de duplicatas e genitores, o que consequentemente possibilitará a obtenção de híbridos com maior potencial comercial (FREITAS *et al.*, 2012). Além disso, é uma maneira de conciliar os trabalhos de conservação da biodiversidade com o desenvolvimento sustentável (SOARES *et al.*, 2018).

Informações sobre a diversidade genética são essenciais para a elaboração de estratégias de conservação e uso dos recursos genéticos. A caracterização molecular destaca-se como forma de avaliar essa diversidade, permitindo, a partir de marcas genéticas, inferir sobre o grau de diversidade entre populações. Portanto, o estudo dos componentes da variabilidade é fundamental, especialmente para espécies nativas pouco estudadas, cuja magnitude da diversidade ainda não é totalmente conhecida (COSTA *et al.*, 2011). Para a mangabeira, esses avanços no conhecimento são fundamentais para o estabelecimento de um programa de melhoramento da espécie.

The first genetic diversity studies for the mangaba genebank were carried out in 2011 (COSTA *et al.*, 2011; SILVA *et al.*, 2011), using RAPD markers. Some years later, Santos *et al.* (2017) analysed the accession genetic diversity in the fruiting phase, using ISSR markers. Recently, Silva *et al.* (2019) used microsatellite primers tested by Amorim *et al.* (2015) and confirmed the genetic diversity of this germplasm.

Currently, the Mangaba Genebank contains 299 accessions, among them accession CP, which came from Sergipe State and is represented by 16 genotypes, in which one was observed to start first fruiting at period 13 months. This precocious behavior aroused attention, since mangabeira trees commonly start fruit production some 5 years after establishment in the field. In Sergipe, the species usually fruits from November to April.

Accordingly, the current study was carried out with the objective of morphologically characterizing the BGMangaba 12/CP accession in the Embrapa Tabuleiros Costeiros (Northern Coastal Region) Mangaba Genebank and assay genetic diversity among the accessions, based on genetic markers associated with fruiting precocity.

MATERIALS AND METHODS

Plant material and morphological analysis

The BGMangaba 12/CP accession includes 18 evaluated genotypes (CP1 to CP18) within the mangaba genebank. The province for all of these is Capuã settlement, Barra dos Coqueiros, Sergipe State, Brazil. Fruiting was observed in the CP2 genotype 13 months after planting, (Figure 1).

The 18 BGMangaba 12/CP accession genotypes (CP1 to CP18) were analysed for crown shape (pyramidal, oblong, spherical, semicircular or elliptical); leaf shape (ovate, rounded, lanceolate, oblong or oblong-lanceolate), and growth habit (erect, irregular, semi-erect, horizontal or pendent). Specifically, for the CP2 genotype, which was the only one to fruit precociously, fruits were assayed for acidity (pH), total soluble solids (Brix) (AOAC, 1992), and total titratable acidity expressed as a percentage of citric acid (CARNELOSSI *et al.*, 2004). The results were presented as descriptive statistics, using means values.

Os primeiros estudos de diversidade genética do BAG mangaba foram realizados em 2011 (COSTA *et al.*, 2011; SILVA *et al.*, 2011), utilizando marcadores RAPD (Polimorfismo de DNA amplificado ao acaso). Anos depois, Santos *et al.* (2017) avaliaram a diversidade genética dos acessos em fase de frutificação, utilizando marcadores ISSR (Inter repetições de sequências simples). Recentemente, Silva *et al.* (2019) utilizaram os primers microssatélites testados por Amorim *et al.* (2015) e confirmaram a diversidade genética desse germoplasma.

Atualmente, o BAG mangaba consta de 299 acessos, entre eles, o acesso CP, oriundo do estado de Sergipe e representado por 16 genótipos, sendo observado, em um deles, que a primeira frutificação ocorreu em 13 meses. Esse fato despertou a atenção em relação à precocidade, uma vez que a mangabeira inicia sua produção de frutos em torno de 5 anos após o estabelecimento no campo. Em Sergipe, a frutificação da espécie ocorre, normalmente, de novembro a abril.

Assim, o presente estudo foi realizado com o objetivo de caracterizar morfologicamente o acesso BGMangaba 12/CP, pertencente ao BAG mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros, e avaliar a diversidade genética entre os acessos, a partir de marcas genéticas associadas à precocidade de frutificação.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal e análises morfológicas

Os 18 genótipos avaliados compõem o acesso BGMangaba 12/CP (CP1 a CP18) do BAG mangaba e foram oriundos de população natural, localizada no povoado Capuã, Barra dos Coqueiros, estado de Sergipe, Brasil. Após um período de 13 meses do plantio, observou-se a frutificação no genótipo CP2 (Figura 1).

Os 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP (CP1 ao CP18) foram caracterizados quanto ao formato da copa (piramidal, oblonga, esférica, semicircular ou elíptica), formato da folha (ovada, arredondada, lanceolada, oblonga ou oblonga-lanceolada) e hábito de crescimento (ereto, irregular, semiereto, horizontal ou pendente). Especificamente para o genótipo CP2, que foi o único a frutificar precocemente, os frutos foram caracterizados quanto ao potencial hidrogeniônico (pH), sólidos solúveis totais (*Brix) (AOAC, 1992) e a acidez total titulável, expressa em porcentagem de ácido cítrico (CARNELOSSI *et al.*, 2004). Os resultados foram apresentados por estatística descritiva, utilizando-se as médias obtidas.



Figure 1 - Mangaba genebank Genotype CP2, is considered precocious, beginning its first fruiting at 13 months after planting.

Figura 1 - Genótipo CP2, considerado precoce, do Banco Ativo de Germoplasma de mangabeira em sua primeira frutificação, aos 13 meses após o plantio.

Molecular characterization

For molecular characterization, DNA of the 18 genotypes were extracted from young leaves, following the protocol of Costa *et al.* (2011) and 18 SIRS (Simple Internal Repetitive Sequence) primers tested. PCR reactions were performed in a total volume of 20 μ L, containing: 2.0 μ L of DNA from each sample, in a mix containing: 2.0 μ L of primer; 0.4 μ l of dNTPs; 12.4 μ l H₂O, 2.0 μ l Buffer, 1.0 μ l MgCl₂ and 0.2 μ l Taq DNA Polymerase. Amplification products were separated by 2% agarose gel electrophoresis and the resulting gel stained with ethidium bromide for 60 minutes, then photographed under ultraviolet light. The amplification program deployed in the thermocycler consisted of: one stage at 94 °C for 4 min, followed by 35 cycles at 94 °C for 40 s, annealing at 48 °C or 52 °C for 40 s and 72 °C for 1 min with final extension of 72 °C for 2 min.

Caracterização molecular

Para a caracterização molecular, o DNA dos 18 genótipos foi extraído de folhas jovens, utilizando o protocolo de Costa *et al.* (2011), e foram testados 18 primers ISSR (Sequência Simples Repetitivas Internas). As reações de PCR (reação em cadeia da polimerase) foram realizadas em um volume total de 20 μ L contendo: 2,0 μ L de DNA de cada amostra, em um mix contendo: 2,0 μ L de primer; 0,4 μ L de dNTPs; 12,4 μ L de H₂O, 2,0 μ L de tampão, 1,0 μ L de MgCl₂ e 0,2 μ L de Taq DNA Polimerase. Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese em gel de agarose 2%, e o gel resultante foi corado em brometo de etídio por 60 minutos, visualizados e fotografados sob luz ultravioleta. O programa de amplificação utilizado no termociclador constou de uma etapa a 94 °C por 4 min, seguida de 35 ciclos de 94 °C por 40 s, anelamento de 48 °C ou 52 °C por 40s e 72 °C por 1 min, com extensão final de 72 °C por 2 min.

SIRS fragments were converted into binary matrix based on the presence (1) or absence (0) of the fragment. Genetic similarity (S_{ij}) was calculated using the PAST programme (HAMMER; HARPER, 2006), between each pair of individuals, and Jaccard coefficients (JACCARD, 1908), creating a dendrogram with UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Mean), with 10,000X bootstrap resamplings, the cophenetic correlation coefficient was also estimated. Using the Genalex program (PEAKALL; SMOUSE, 2006), and based on the Jaccard similarity coefficient, we grouped the samples considering using Principle Component Analysis (PCA), as well as the genetic structure, such as the Shannon index (I) and expected Heterozygosity (H_e). The percentage of polymorphism obtained using each primer was calculated.

Os fragmentos de ISSR foram convertidos em matriz binária com base na presença (1) ou ausência (0) do fragmento. Com o auxílio do programa PAST (HAMMER; HARPER, 2006), foi calculada a similaridade genética (S_{ij}), entre cada par de indivíduos foi realizada empregando-se os coeficientes de Jaccard (JACCARD, 1908), gerado o dendrograma por UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average), com 10.000X reamostragem bootstrap, e também estimado o coeficiente de correlação cophenética. Com o auxílio do programa Genalex (PEAKALL; SMOUSE, 2006), com base no coeficiente de similaridade de Jaccard, foi realizado o agrupamento das amostras considerando o método de análise de coordenadas principais (ACoP), bem como a estrutura genética, como o índice de Shannon (I) e Heterozigotidade esperada (H_e). Foi calculada a porcentagem de polimorfismo obtido com o uso de cada primer.

RESULTS AND DISCUSSION

Morphological and Physico-chemical Characteristics

The botanical characteristics varied across the 18 evaluated BGMangaba/CP genotypes (Table 1). Most canopies were spherical and irregular (33%), and the commonest growth habit was semi-erect (50%), and lanceolate was the most frequent leaf shape. A knowledge of phenotypic variability allows selection of those forms with the best potential for domestication, as well as promoting germplasm bank-based conservation (VIEIRA *et al.*, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Morfologia e Características Físico-químicas

Houve variabilidade em relação às características botânicas entre os 18 genótipos avaliados do acesso BGMangaba 12/CP (Tabela 1). Os formatos da copa predominantes foram esférico e irregular, observados em 33%. O hábito de crescimento predominante foi o semiereto (50%), e o formato da folha teve total predominância do tipo lanceolada. O conhecimento da variabilidade fenotípica permite a seleção de materiais com melhores possibilidades de domesticação, além de promover a preservação por meio de bancos de germoplasmas (VIEIRA *et al.*, 2013).

Table 1 - Percentage of morphological characteristics and mean values of the physical-chemical composition of mangaba fruits for 18 genotypes in the BGMangaba/CP accession, Embrapa Tabuleiros Costeiros

Tabela 1 - Percentual das características morfológicas e valores médios da composição físico-química dos frutos de mangabeira de 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP, do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros

Characteristics	
Canopy shape	Spherical (37.5%); irregular (37.5%); oblong (18.75%); pyramidal (6.25%)
Leaf shape	Lanceolate (100%)
Growth form	Semi-erect (50%); pendant (25%); erect (25%)
pH*	5.23
Soluble solids*	18.7 °Brix
Total Titurable Acidity*	1.7% of citric acid

* Analyses for fruits of genotype CP2.

* Análises realizadas nos frutos do genótipo CP2.

Physico-chemical analyzes found the average pH to be 5.23, indicative of a low fruit acidity. For AGB mangaba fruit in Goiás, Perfeito *et al.* (2015) reported a mean pH of 3.97, while Cohen and Sano (2010) reported values of 3.32 from the Distrito Federal.

Lower pH values favor food conservation and mean there is no need to add acids during fruit processing. However, fruits with higher values pH are considered best for *in natura* consumption (HOFFMAN, 2001), as is the case with the fruits analyzed here.

Average total soluble solids content was 18.7° Brix. Similar values were reported by Cardoso *et al.* (2014), from the Minas Gerais (15.1 °Brix), and Ferreira *et al.* (2018) in Paraíba (18.98 °Brix). Fruits with high sugar content are generally preferred both for *in natura* consumption, as it increases palatability, and for the food industry where it reduces the need to add sugar during processing (NASCIMENTO *et al.*, 2014). The high soluble solids values found in this study indicate that the fruits of the analyzed genotype can be both consumed *in natura* and used for processing.

Average titratable acidity was 1.7% citric acid, a value higher than that of Perfeito *et al.* (2015) and Siqueira *et al.* (2018), who obtained mean citric acid values of 0.84% to 0.96%, respectively. Fruit acidity is attributed to the presence of organic acids, such as citric acid, which has a direct influence on taste, odor and color (DALASTRA *et al.*, 2016). Citric acid is widely used as a fruit quality indicator, being associated with the maturation stage (RODRIGUES *et al.*, 2014). According to Sacramento *et al.* (2007), fruits with citric acid contents between 0.08 and 1.95% can be classified as having a moderate flavor and be suitable for consumption as fresh fruit. Consequently, based on the titratable acidity content, fruits from the study accession will have a moderate flavor and could be well accepted by the consumer.

Molecular characterization

Following the testing of 18 SIRS primers for amplification and polymorphism in the 18 BGMangaba/CP accession genotypes, 11 primers were selected (17898A, HB11, HB13, 844A, 17898B, HB12, 826, 807, 844B, 17899A and 823) based on sample amplification efficiency. Sixty-two fragments with 91.94% polymorphism were amplified. The number of fragments ranged from 2 (807) to 10 (HB12) (Table 2). The mangabeira is an allogameous species and the high percentage of polymorphic loci may be related to its reproductive system.

Although well-marked band were presente for individuals 2 and 10, it was not possible to band specific to CP2 from the mangabeira sample DNA fragmente patterns. Additional studies will be required using other molecular markers to achieve such definition (Figure 2).

De acordo com as análises físico-químicas, o pH médio obtido foi de 5,23, indicando baixa acidez nos frutos. Em frutos do BAG de mangaba em Goiás, Perfeito *et al.* (2015) constataram média de 3,97, e no Distrito Federal, Cohen e Sano (2010) observaram pH de 3,32.

Os valores mais baixos de pH favorecem a conservação dos alimentos e não há necessidade de adição de ácidos no processamento de frutos. Porém, valores mais altos de pH são indicados para consumo *in natura* (HOFFMAN, 2001), como é o caso dos frutos analisados neste trabalho.

O teor médio de sólido solúveis totais foi 18,7 °Brix, próximo aos valores observados por Cardoso *et al.* (2014), com valor de 15,1 °Brix no Cerrado, e Ferreira *et al.* (2018), com 18,98 °Brix em mangabeira na Paraíba. Frutos com alto teor de açúcares são geralmente preferidos tanto para o consumo *in natura*, pois torna a palatabilidade mais agradável, e para a indústria de alimentos significa menor necessidade de adição de açúcar durante o processamento (NASCIMENTO *et al.*, 2014). Os altos valores de sólidos solúveis verificados neste estudo indicam que os frutos do genótipo analisado podem ser consumidos *in natura* ou utilizados para o processamento.

A acidez titulável média foi de 1,7% de ácido cítrico, superior aos valores obtidos por Perfeito *et al.* (2015) e Siqueira *et al.* (2018), que foi de 0,97 g por 100 g de ácido cítrico, respectivamente. A acidez dos frutos é atribuída à presença de ácidos orgânicos, como o ácido cítrico, que tem influência direta sobre o sabor, odor e cor (DALASTRA *et al.*, 2016). Esse composto é muito utilizado como indicador da qualidade dos frutos, estando associado ao estágio de maturação (RODRIGUES *et al.*, 2014). Com base no teor de acidez titulável, pode-se considerar que os frutos do acesso estudado possuem sabor moderado e que poderiam ser bem aceitos por parte do consumidor. De acordo com Sacramento *et al.* (2007), frutos com teores de ácido cítrico entre 0,08 e 1,95% podem ser classificados como de sabor moderado para o consumo da fruta fresca.

Caracterização molecular

Após o teste de 18 primers ISSR quanto à amplificação e polimorfismo nos 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP, 11 primers foram selecionados (17898A, HB11, HB13, 844A, 17898B, HB12, 826, 807, 844B, 17899A e 823) pela eficiência na amplificação das amostras. Foram amplificados 62 fragmentos com 91,94% de polimorfismo. O número de fragmentos variou de 2 (807) a 10 (HB12) (Tabela 2). A mangabeira é uma espécie alógama e o alto percentual de locos polimórficos pode estar relacionado ao seu sistema de reprodução.

Por meio do padrão de fragmentos de DNA das amostras de mangabeira não foi possível verificar uma banda específica para o indivíduo CP2. Embora tenha sido revelada uma banda mais marcante nos genótipos CP-2e CP-10, serão necessários estudos complementares utilizando outros marcadores moleculares (Figura 2).

Table 2 - ISSR primers used for mangabeira accession genetic characterization, with their respective sequences, total amplified fragments (TAF), polymorphic fragments (PF) and polymorphism percentage (PP)

Tabela 2 - Primers ISSR utilizados para caracterização genética de acesso de mangabeira, com suas respectivas sequências, total de fragmentos amplificados (TFA), fragmentos polimórficos (FP) e porcentagem de polimorfismo (PPF)

Primer	Sequence 5'–3'	Total amplified fragments (TAF)	Polymorphic fragments (PF)	Polymorphism percentage (PP)
17898A	CACACACACAAC	3	3	100
HB11	GTGTGTGTGTGCC	4	2	50
HB13	GAGGAGGAGGC	7	7	100
844A	CTCTCTCTCTCTCTAC	7	6	86
17898B	CACACACACACAGT	7	7	100
HB12	CACCACCACGC	10	10	100
826	ACACACACACACACACC	7	5	71
807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	2	1	50
844B	CTCTCTCTCTCTCTCTGC	5	5	100
17899A	CACACACACAAG	6	6	100
823	TCTCTCTCTCTCTCTCC	4	4	100
Total		62	57	91.94

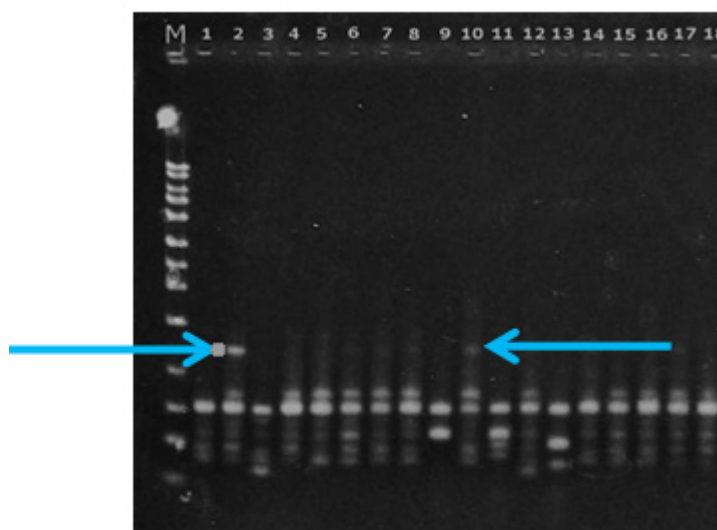


Figure 2 - Amplification pattern of 18 genotypes of obtained the primer HB12. Note the fragment banding for individuals 2 and 10 from the mangabeira CP accession of the Mangaba genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros.

M: molecular weight marker (1kb).

Figura 2 - Padrão de amplificação de 18 genótipos de mangabeira obtidos com o primer HB12, com destaque para fragmento amplificado nos genótipos CP2 e CP10, que compõem o acesso CP do banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

M: marcador de peso molecular (1kb).

The percentage of polymorphic fragments is an important and widely used measure in genetic diversity, and the efficiency of molecular markers is often assessed by the number of polymorphic loci amplified (GRATIVOL *et al.*, 2011). The polymorphism verified in this study was inferior to that obtained by Soares *et al.* (2016), using SIRS in natural mangaba populations in the State of Sergipe, and observed loci with 100% polymorphism. Soares *et al.* (2017) and Costa *et al.* (2015) in a study of genetic diversity of mangabeiras obtained percentages of polymorphisms of 57.89 and 47.62%, respectively

Accession BGMangaba/CP genetic structure, estimated by H_e (0.42) and I (0.28) values, revealed that genetic variability exists between mangabeira genotypes (Table 3). Heterozygosity (H_e) and the Shannon Index (I) indicated low diversity, which can be explained by the same genotypes having been evaluated in the accession sample.

Studies published by Silva *et al.* (2012) recorded higher values for I (0.46) and H_e (0.35) for mangabeiras using 20 native genotypes. Jimenez *et al.* (2015) observed lower absolute H_e values (ranging from 0.197 to 0.229) among mangabeira plants from different regions. Also for mangabeira, Costa *et al.* (2011) obtained values lower than those found in the present study (I 0.25, H_e 0.17), and suggested low diversity was present.

A porcentagem de fragmentos polimórficos é uma medida importante e bastante utilizada na diversidade genética, e a eficiência dos marcadores moleculares é frequentemente avaliada pelo número de locos polimórficos amplificados (GRATIVOL *et al.*, 2011). O polimorfismo verificado nesta pesquisa foi inferior ao obtido por Soares *et al.* (2016), utilizando ISSR em populações naturais de mangaba no estado de Sergipe, e observaram locos com 100% de polimorfismo. Soares *et al.* (2017) e Costa *et al.* (2015) em estudo de diversidade genética de mangabeiras obtiveram porcentagens de polimorfismos de 57,89 e 47,62%, respectivamente

A estrutura genética do acesso, estimada pelos valores de H_e (0,42) e I (0,28), revelaram que existe variabilidade genética entre os genótipos (Tabela 3). A heterozigosidade (H_e) e o Índice de Shannon (I) indicaram baixa diversidade, que pode ser explicada por terem sido avaliados genótipos de um mesmo acesso.

Estudos publicados por Silva *et al.* (2012) registraram valores superiores para I de 0,46 e H_e de 0,35 em mangabas usando 20 genótipos nativos. Jimenez *et al.* (2015) observaram valores absolutos inferiores para H_e , variando de 0,197 a 0,229 entre plantas de mangabeira de diferentes regiões. Também com mangabeira, Costa *et al.* (2011) obtiveram valores inferiores aos encontrados no presente trabalho e sugeriram existir baixa diversidade, com valores para o I de 0,25 e H_e de 0,17.

Table 3 - Mean Shannon Index (I) and expected Heterozygosity (H_e) values in 18 BGMangaba/CP genotypes from the Mangaba Genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros, using ISSR markers

Tabela 3 - Valores médios do Índice de Shannon (I) e Heterozigosidade esperada (H_e) em 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros, utilizando marcadores ISSR

Primer	Sequence	I	H_e
17898A	CACACACACAAC	0.68	0.49
HB11	GTGTGTGTGTGTCC	0.34	0.24
HB13	GAGGAGGAGGC	0.38	0.23
844A	CTCTCTCTCTCTCTAC	0.31	0.19
17898B	CACACACACAGT	0.44	0.29
HB12	CACCACCACGC	0.40	0.26
826	ACACACACACACACC	0.27	0.17
807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	0.24	0.15
844B	CTCTCTCTCTCTCTGC	0.41	0.26
17899A	CACACACACAAG	0.60	0.42
823	TCTCTCTCTCTCTCC	0.64	0.45
Média		0.42	0.28

Based on the genetic similarity matrix, obtained from the Jaccard coefficient, 153 combinations were observed among the genotypes. Of these 153, 24 showed around 25% similarity, another 77 had variation between 26 to 49%, and 52 pairs had values showing greater or equal to 50% genetic similarity. The highest and lowest similarities (0.78) was obtained between genotypes CP6 and CP8, CP10 and CP13, respectively (Table 4). Genetic structure of the genotypes studied was variable, although they originated from the same natural population, and so can be used in breeding and study programs for sexual propagation, especially for intraspecific hybridization between mangaba accessions of interest, and for the asexual propagation of those genotypes with greatest genetic diversity.

Genetic relationships between the evaluated genotypes were estimated by means of a dendrogram, using the UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), with a co-expressed correlation coefficient of 0.95, which resulted in two groups (Figure 3). Group one (G1) contained two subgroups (CP2, CP4, CP5, CP6, CP7) and (CP8, CP9, CP15, CP16, CP17). In the second group (G2) had three subgroups - (CP11, CP13, CP18); (CP10), and one formed by the genotypes CP1, CP3, CP12 and CP14.

Com base na matriz de similaridade genética, obtida pelo coeficiente de Jaccard, foram observadas 153 combinações entre os genótipos. Das 153 combinações, 24 obtiveram em torno de 25% de similaridade, outras 77 com variação entre 26 e 49%, e 52 pares com valor maior ou igual a 50% de similaridade genética. A maior e menor similaridade (0,78) foram obtidas entre os genótipos CP6 e CP8, CP10 e CP13, respectivamente (Tabela 4). A estrutura genética dos genótipos estudados é variável, apesar de serem oriundos de uma mesma população natural, podendo ser aproveitados em programas de melhoramento e estudo para propagação sexual, principalmente, na hibridação intraespecífica entre acessos de interesse de mangaba e na propagação assexuada dos genótipos com mais diversidade genética.

As relações genéticas entre os genótipos avaliados foram estimadas por meio de um dendrograma, produzido pelo método UPGMA (agrupamento pelas médias aritméticas não ponderadas), com o coeficiente de correlação cofenética de 0,95, que resultou em dois grupos (Figura 3). O primeiro grupo (G1) foi formado por dois subgrupos (CP2, CP4, CP5, CP6, CP7) e (CP8, CP9, CP15, CP16, CP17). No segundo grupo (G2), houve três subgrupos – (CP11, CP13, CP18); (CP10), e o último formado pelos genótipos CP1, CP3, CP12 e CP14.

Table 4 - Genetic (below diagonal) and estimated (above diagonal) similarity, obtained with ISSR primers, among 18 BGMangaba/CP accessions genotypes from the Mangaba Genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros

Tabela 4 - Similaridade genética (abaixo da diagonal) e erro estimado (acima da diagonal) obtidos, utilizando primers ISSR, entre 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros

	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12	CP13	CP14	CP15	CP16	CP17	CP18
CP1																		
CP2	0.34																	
CP3	0.48	0.29																
CP4	0.26	0.58	0.30															
CP5	0.19	0.55	0.31	0.73														
CP6	0.28	0.69	0.32	0.76	0.72													
CP7	0.30	0.57	0.38	0.64	0.57	0.64												
CP8	0.27	0.61	0.36	0.75	0.76	0.78	0.67											
CP9	0.22	0.52	0.39	0.52	0.64	0.60	0.48	0.66										
CP10	0.24	0.26	0.34	0.22	0.23	0.22	0.35	0.26	0.27									
CP11	0.29	0.43	0.30	0.44	0.41	0.45	0.54	0.48	0.37	0.31								
CP12	0.35	0.20	0.42	0.28	0.20	0.19	0.26	0.26	0.21	0.32	0.27							
CP13	0.25	0.46	0.26	0.50	0.48	0.44	0.53	0.54	0.40	0.17	0.62	0.28						
CP14	0.35	0.23	0.48	0.24	0.20	0.24	0.23	0.29	0.31	0.22	0.22	0.47	0.28					
CP15	0.26	0.59	0.40	0.62	0.67	0.63	0.65	0.73	0.60	0.28	0.49	0.28	0.55	0.28				
CP16	0.35	0.52	0.36	0.56	0.53	0.53	0.74	0.62	0.43	0.33	0.53	0.27	0.51	0.27	0.60			
CP17	0.33	0.59	0.40	0.69	0.70	0.76	0.68	0.72	0.53	0.29	0.45	0.23	0.44	0.26	0.70	0.64		
CP18	0.29	0.39	0.21	0.56	0.43	0.44	0.48	0.46	0.25	0.24	0.44	0.32	0.52	0.24	0.43	0.40	0.47	

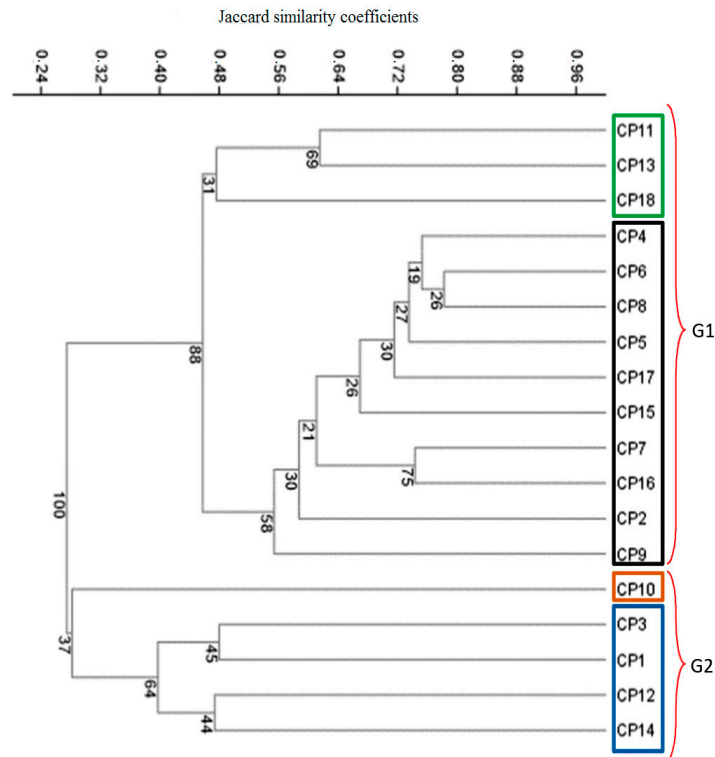


Figure 3 - Dendrogram generated from the Jaccard similarity coefficients and UPGMA grouping of 18 BGMangaba 12/CP accession genotypes from the Mangaba Genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros.

Figura 3 - Dendrograma gerado a partir do coeficiente de similaridade de Jaccard e agrupamento UPGM para 18 genótipos do acesso BGMangaba 12/CP pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

The existence of such genetic variability in mangabeiras could be the result of the variations caused by selection pressure caused by the formation of the mangaba genebank. In natural environments, pollination also influences variability, and especially in mangabeiras, so that for fruit formation there must be cross-pollination (YAMAMOTO *et al.*, 2014). A knowledge of genetic diversity greatly assists the effective management of an Active Germplasm Bank, which consists of a sub-sample of the genetic or allelic variability of a species (RAMALHO *et al.*, 2012).

Genetic distances were also assessed with a Principle Coordinate Analysis (PCoA) (Figure 4). Four groups were identified, and the three main components accounted for 71.27% of the variation. There were four groups: (I) CP2, CP4, CP5, CP6, CP7, CP8, CP15, CP16, CP17; (II) CP11, CP13 and CP18; (III) CP1, CP3, CP10, CP12 and CP14; and (IV) CP9. The groups positioned themselves in different quadrants, indicating the extent of genetic diversity between the groups.

A existência da variabilidade genética em mangabeiras pode ser resultado das variações causadas por pressão de seleção ocasionada pela formação do BAG. Em ambientes naturais, a polinização também pode influenciar a variabilidade; especialmente em mangabeiras, para que haja formação de frutos deve existir polinização cruzada (YAMAMOTO *et al.*, 2014). O conhecimento da diversidade genética auxilia no manejo adequado de um Banco Ativo de Germoplasma, que consiste em uma amostra da variabilidade genética ou alélica de uma espécie (RAMALHO *et al.*, 2012).

As distâncias genéticas também foram avaliadas usando ACoP (análise de coordenada principal) (Figura 4). Foram identificados quatro grupos, três componentes principais explicaram 71,27% da variação, sendo: (I) CP2, CP4, CP5, CP6, CP7, CP8, CP15, CP16, CP17; (II) CP11, CP13 e CP18; (III) CP1, CP3, CP10, CP12 e CP14; e (IV) CP9. No agrupamento, os grupos se posicionaram em quadrantes diferentes, evidenciando a diversidade genética entre os grupos.

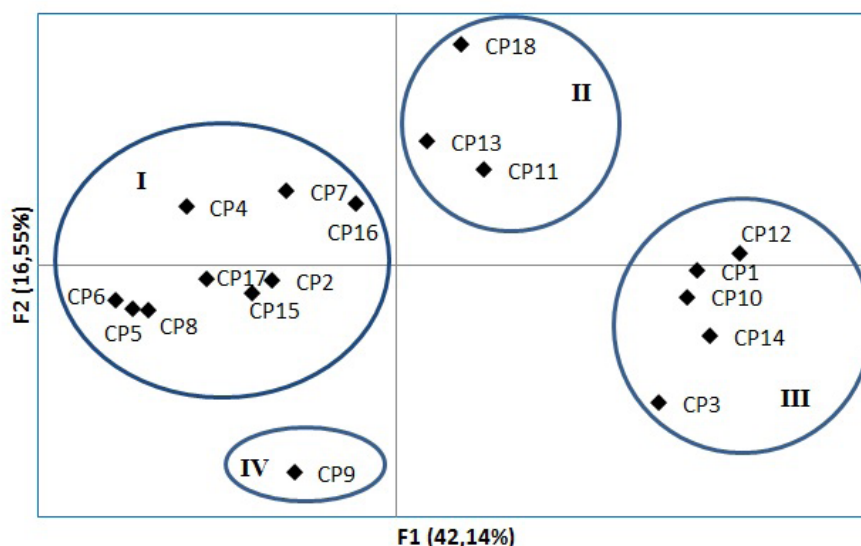


Figure 4 - Principal Coordinate Analysis (PCoA) for 18 individuals from the BGMangaba 12/CP accession of Mangaba Genebank of Embrapa Tabuleiros Costeiros.

Figura 4 - Análise de Coordenadas Principais (ACoP) entre 18 indivíduos do acesso CP do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

Analysis of data with UPGMA and the PCoA showed the groups with genotypes CP2, CP4, CP5, CP6, CP7, CP8, CP15, CP16, CP17 were genetically related, as were CP11, CP13 and CP18 and CP1, CP3, CP10, CP12 and CP14. CP10 was the most distinct member of this group and showed the greatest genetic difference from other individuals, being rather isolated on the dendrogram. Genotype CP9, the only member of group IV, remained isolated in the PCoA group, showed the greatest genetic divergence from other tested individuals.

The current study showed that the individuals in accession CP are not duplicates, and possess genetic variation between themselves. Due to hierarchical differences, the use of more than one grouping method optimized group ordering, allows classifications that complemented each other according to the criteria used by each technique (ARRIEL *et al.*, 2006). Thus, results of the clustering methods and main coordinate analysis showed that ISSR markers were efficient in characterizing genetic diversity among the mangabeira genotypes from to the Active Germplasm Bank. Identification of genetically divergent genotypes can contribute to the definition of germplasm conservation and management strategies, enhancing the development of programs for breeding and commercial exploitation of the species.

Ao analisar conjuntamente as informações entre o agrupamento UPGMA e a ACoP, observou-se que os grupos com os genótipos CP2, CP4, CP5, CP6, CP7, CP8, CP15, CP16, CP17 estão geneticamente relacionados. O mesmo ocorreu entre CP11, CP13 e CP18 e entre o terceiro grupo CP1, CP3, CP10, CP12 e CP14, apesar do genótipo CP10 ter apresentado a maior diferença genética entre todos os indivíduos, pois se posicionou de maneira singular no dendrograma. O genótipo CP9, pertencente ao grupo IV, permaneceu isolado no agrupamento ACoP, único representante desse grupo, evidenciando divergência genética dos demais.

Neste trabalho, verificou-se que os indivíduos não são duplicatas e apresentaram variação genética entre si. O emprego de mais de um método de agrupamento, em razão das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos, permite que a classificação deles se complemente em função dos critérios que cada técnica utiliza (ARRIEL *et al.*, 2006). Assim, os resultados dos métodos de agrupamentos e da análise de coordenadas principais evidenciaram que os marcadores ISSR foram eficientes na caracterização da diversidade genética entre os genótipos de mangaba pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma. A identificação de genótipos geneticamente divergentes pode contribuir para definição de estratégias de conservação e manejo do germoplasma, potencializando o desenvolvimento de programas de melhoramento e exploração comercial da espécie.

CONCLUSIONS

CP2 genotype fruits showed favorable physicochemical characteristics for both *in natura* consumption and raw material for processing;

There is genetic divergence among the 18 individuals plants of the BGMangaba 12/CP accession, with no duplicates;

No specific molecular markers were found in the CP2 genotype that could be related to precocity.

CONCLUSÕES

Os frutos do genótipo CP2 apresentam características físico-químicas favoráveis tanto para consumo *in natura* como matéria-prima para o processamento;

Há divergência genética entre os 18 indivíduos do acesso BGMangaba 12/CP, não havendo duplicatas;

Não foi encontrada nenhuma marca molecular específica no genótipo CP2 que fosse relacionada à precocidade.

CITED SCIENTIFIC LITERATURE

AMORIM, J. A. E.; MATA, L. R.; LÉDO, A. S.; AZEVEDO, V. C. R.; SILVA, A. V. C. Diversity and genetic structure of mangaba remnants in states of northeastern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 823-833, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/2015.February.2.7>

A. O. A. C. **Official methods as analysis of the association of official analytical chemists**. Washington: AOAC, 1992, 1015p.

ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 5, p. 801-809, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000500012>

CARNELOSSI, M. A. G.; TOLEDO, W. F. F.; SOUZA, D. C. L.; LIRA, M. L.; SILVA, G. F.; JALALI, V. R. R.; VIÉGAS, P. R. A. Conservação pós-colheita de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 28, n. 5, p. 1119-1125, 2004. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542004000500021>

CARDOSO, L. M.; REIS, B. L.; OLIVEIRA, D. S.; PINHEIRO-SANT'ANA, H. M. Mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) from the Brazilian Cerrado: nutritional value, carotenoids and antioxidant vitamins. **Fruits**, v. 69, p. 89-99, 2014.

COHEN, K. O.; SANO, S. M. **Parâmetros físico-químicos dos frutos de mangabeiras**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2010. 11 p.

COSTA, T. S.; SILVA, A. V. C.; LÉDO, A. S.; SANTOS, A. R. F.; SILVA JUNIOR, J. F. Diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 499-508, 2011.

COSTA, D. F.; VIEIRA, F. A.; FAJARDO, C. G.; CHAGAS, K. P. T. Diversidade genética e seleção de iniciadores ISSR em uma população natural de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) (Apocynaceae). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 37, n. 4, p. 970-976, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-246/14>

DALASTRA, G. M.; ECHER, M. M.; KLSOWSKI, E. S.; HACHMANN, T. L. Produção e qualidade de três tipos de melão, variando o número de frutos por planta. **Revista Ceres**, v. 63, n. 4, p. 523-531, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0034-737X201663040013>

FERREIRA, E. G.; MELO, M. A. R.; MENINO, I. B.; SOUSA, M. F.; RÉGIS, T. K. O.; VASCONCELOS, G. C. Caracterização biométrica de plantas e físico-química de frutos de mangabeiras do litoral da paraíba. **Revista Campo do Saber**, v. 4, n. 4, p. 36-56, 2018.

FREITAS, M. K. C.; COIMBRA, R. R.; AGUIAR, G. B.; AGUIAR, C. B. N.; CHAGAS, D. B.; FERREIRA, W. M.; OLIVEIRA, R. J. Phenotypic variability and morphologic characterization of a natural population of *Hancornia speciosa* Gomes. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 5, p. 833-841, 2012.

GRATIVOL, C.; MEDEIROS, C. F. L.; HEMERLY, A. S.; FERREIRA, P. C. G. High efficiency and reliability of inter-simple sequence repeats (ISSR) markers for evaluation of genetic diversity in Brazilian cultivated *Jatropha curcas* L. accessions. **Molecular Biology Reports**, v. 38, p. 4245-4256, 2011.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T. **Paleontological Data Analysis**. Blackwell: Oxford, 2006, 351p.

HOFFMANN, F. L. Fatores limitantes à proliferação de micro-organismos em alimentos. **Brasil Alimentos**, São Paulo, v. 9, n. 1, p. 23-30, 2001.

- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE, 2018. <https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novportal/economicas/agricultura-e-pecuaria/9105-producao-da-extracao-vegetal-e-da-silvicultura.html?=&t=destaques>
- JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. **Bulletin Société Vaudoise des Sciences Naturelles**, v. 44, n. 2, p. 223-270, 1908.
- JIMENEZ, H. J.; MARTINS, L. S. S.; MONTARROYOS, A. V. V.; SILVA JUNIOR, J. F.; ALZATE-MARIN, A. L.; MORAES FILHO, R. M. Genetic diversity of the Neotropical tree *Hancornia speciosa* Gomes in natural populations in Northeastern Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 17749-17757, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/2015.December.21.48>
- NASCIMENTO, R. S. M.; CARDOSO, J. A.; COCOZZA, F. D. M. Caracterização física e físico-química de frutos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) no oeste da Bahia. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 18, n. 8, p. 856-860, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v18n08p856-860>
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology Notes**, v. 6, p. 288-295, 2006.
- PERFEITO, D. G. A.; CARVALHO, N.; LOPES, M. C. M.; SCHMIDT, F. L. Caracterização de frutos de mangabas (*Hancornia speciosa* Gomes) e estudo de processos de extração da polpa. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 2, n. 3, p. 1-7, 2015. DOI: <https://doi.org/10.32404/rean.v2i3.269>
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5ª Ed. Editora UFLA: Lavras, 2012. 565p.
- RODRIGUES, F. A.; PENONII, E. S.; SOARES, J. D. R.; SILVA, R. A. L.; PASQUAL, M. Chemical, physical and physical-chemical characterization of physalis cultivated in greenhouse. **Ciência Rural**, v. 44, n. 8, p. 1411-1414, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20130743>
- SACRAMENTO, C. K.; MATOS, C. B.; SOUZA, C. N.; BARRETTO, W. S.; FARIA, J. C. Características físicas, físico-químicas e químicas de cajás oriundos de diversos municípios da região Sul da Bahia. **Magistra**, v. 19, n. 4, p. 283-289, 2007.
- SANTOS, P. S.; FREITAS, L. S.; SANTANA, J. G. S.; MUNIZ, E. N.; RABBANI, A. R. C.; SILVA, A. V. C. Genetic diversity and the quality of mangabeira tree fruits (*Hancornia speciosa* Gomes - Apocynaceae), a native species from Brazil. **Scientia Horticulturae**, v. 226, p. 372-378, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2017.09.008>
- SILVA, A. V. C.; SANTOS, A. R. F.; WICKERT, E.; SILVA JUNIOR, J. F.; COSTA, T. S. Divergência genética entre acessos de mangabeira. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 4, p. 572-578, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v6i4a943>
- SILVA, A. V. C.; RABBANI, A. R. C.; SENA-FILHO, J. G.; ALMEIDA, C. S. A.; FEITOSA, R. B. Genetic diversity analysis of mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes), an exotic brazilian tropical species. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**, v. 15, n. 1, p. 217-225, 2012.
- SILVA, A. V. C.; VITÓRIA, M. F.; AZEVEDO, V. C. R.; SÁ, A. J.; NASCIMENTO, A. L. S.; CARDOSO, M. N.; SOARES, A. N. R.; SILVA JÚNIOR, J. F. Genetic diversity of the mangaba GeneBank using microsatellites. **Genetics and Molecular Research**, v. 2, n. 1, p. 181-188, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18108>
- SILVA JÚNIOR, J. F.; MOTA, D. M.; SCHMITZ, H.; VIEIRA, D. L. M. “Rainha dos Tabuleiros”: a mangabeira em Sergipe. In: MOTA, D. M.; SILVA JÚNIOR, J. F.; SCHMITZ, H.; RODRIGUES, R. F. A. A Mangabeira. As Catadoras. O extrativismo. Belém: Embrapa Amazônia Oriental; Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2011. p.79-101.
- SIQUEIRA, A. P. S.; MORGADO, C. M. A.; CAVALCANTE, K. A.; CUNHA JÚNIOR, L. C.; SOUZA, E. R. B. Vida útil de mangaba do cerrado em diferentes estádios de maturação. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 5, n. 3, p. 91-96, 2018. DOI: <https://doi.org/10.32404/rean.v5i3.1927>
- SOARES, A. N. R.; VITÓRIA, M. F.; NASCIMENTO, A. L. S.; LEDO, A. S.; RABBANI, A. R. C.; SILVA, A. V. C. Genetic diversity in natural populations of mangaba in Sergipe, the largest producer State in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, p. 1-12, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038624>
- SOARES, F. S.; ROSSI, A. A. B.; SILVA, B. M.; COCHEV, J. S.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P. B. Diversity and genetic structure of mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), a fruit species from Cerrado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 38, n. 4, p. 2479-2488, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2017v38n4Supl1p2479>

SOARES, A. N. R.; CLIVATI, D.; MELO, M. F. V.; GITZENDANNER, M.; SOLTIS, P.; SOLTIS, D.; SILVA JÚNIOR, J. F.; LEDO, A. S.; SILVA, A. V. C. Genetic Diversity of Accessions and First Generation Progeny of the Mangaba Genebank. **American Journal of Plant Sciences**, v. 9, n. 8, p. 1618-1629, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2018.98117>

VIEIRA, M. C.; SOUZA, E. R. B.; BELO, A. P. M.; CAMILO, Y. M. V. Desenvolvimento de mudas de mangabeira provenientes de frutos de diferentes localidades do Estado de Goiás. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 3, p. 363-371, 2013.

YAMAMOTO, M.; OLIVEIRA, P. E.; GAGLIANONE, M. C. **Uso sustentável e restauração da diversidade dos polinizadores autóctones na agricultura e nos ecossistemas relacionados: planos de manejo**. Rio de Janeiro: Funbio, 2014. 404 p.