

**LUANA APARECIDA DE OLIVEIRA**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MACAÚBA EM TESTE DE  
PROGÊNIE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

O48s  
2020 Oliveira, Luana Aparecida de, 1993-  
Seleção de genótipos superiores de Macaúba em teste de  
progênie / Luana Aparecida de Oliveira. – Viçosa, MG, 2020.  
64 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Macaúba - Melhoramento genético. 2. Progênie. 3.  
*Acrocomia aculeata*. I. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.5812

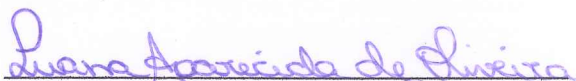
**LUANA APARECIDA DE OLIVEIRA**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MACAÚBA EM TESTE DE  
PROGÊNIE**

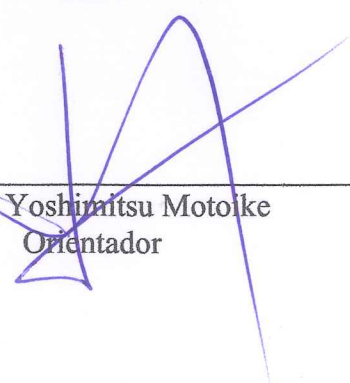
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 31 de julho de 2020.

Assentimento:



Luana Aparecida de Oliveira  
Autora



---

Sérgio Yoshimitsu Motoike  
Orientador

*O Senhor é o meu pastor, nada me faltará.*

*Em verdes prados Ele me faz repousar.*

*Conduz-me junto às águas refrescantes,*

*Restaura as forças de minha alma.*

*Pelos caminhos retos Ele me leva,*

*Por amor do Seu nome (...).*

*(Salmo 22)*

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado força, inteligência, saúde e perseverança para essa caminhada. Por ter sido presente nos momentos de solidão e por tornar possível a realização desse sonho.

Ao meu orientador Sérgio Yoshimitsu Motoike, pela orientação, oportunidade, confiança, paciência e ensinamentos.

Ao meu coorientador Leonardo Lopes Bhering pela humildade, disponibilidade e competência em ajudar nas análises estatísticas.

À Dra. Kacilda Naomi Kuki, pelo incentivo e confiança em todas as etapas deste trabalho, mas principalmente, pela extraordinária disponibilidade em ajudar e ensinar.

A todos meus familiares, em especial minha mãe Maria e meu pai José, por todo apoio durante esse processo.

Ao meu namorado, Paulo Henrique, pela paciência e compreensão durante esse período.

A Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade. Aos professores, principalmente o Prof. Dr. Cosme Damião Cruz, pelos ensinamentos e humildade. Aos funcionários da secretaria do Programa de Genética e Melhoramento, por ser sempre bem recebida.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES), pelo auxílio financeiro.

Aos amigos da Rede Macaúba de Pesquisa - REMAPE/UFV. E aos funcionários do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal (LBMV).

Aos funcionários da Fazenda Experimental de Araponga (Araponga – MG) pela contribuição na execução do trabalho.

Aos amigos e colegas por sempre me apoiarem e ajudarem durante o mestrado, especialmente Joseane Turquete e Edilson Marques.

E a todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

## RESUMO

OLIVEIRA, Luana Aparecida de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2020. **Seleção de genótipos superiores de Macaúba em teste de progênie.** Orientador: Sergio Yoshimitsu Motoike.

*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Martius, conhecida como macaúba, pertence à família Arecaceae. É uma palmeira arbórea, oleífera, nativa brasileira, que apresenta ampla distribuição geográfica, sendo considerada cosmopolita. A macaúba ocorre naturalmente em áreas de vegetação aberta, sendo nativa de regiões com temperaturas médias entre 16,5°C a 29°C, com clima Aw. Tem grande importância ecológica como fonte de alimento para insetos e vertebrados. Seu sistema de reprodução é misto, com o favorecimento de fecundação cruzada, é diploide ( $2n=2x=30$ ), monoica, com marcada protoginia e autocompatibilidade. Apresenta inflorescências interfolias andróginas, do tipo espádice, com flores amarelas. A polinização da espécie é realizada através de coleópteros de hábito noturno, e o vento atua como fator secundário de polinização. A espécie tem se destacado como promissora fonte na cadeia de produção de biocombustível, apresentando alto rendimento de óleo por hectare, com características físico-químicas apropriadas, porém, como a macaúba encontra-se em fase de domesticação, a maioria das populações exploradas são compostas por plantas heterogêneas com idade, densidade e qualidade variáveis. Assim, o estabelecimento de programas de melhoramento que visem subsidiar o cultivo racional da cultura, desenvolvendo variedades elite que possam gerar produção em grande escala, com oferta contínua, qualidade de frutos e preço competitivo para atender as demandas do mercado, além da preservação dos recursos naturais é fundamental. O objetivo do presente trabalho foi avaliar um teste de progênie da palmeira macaúba para a seleção de genótipos promissores com características agronômicas de interesse, em especial àquelas relacionadas à produtividade. O experimento do teste de progênie compõe-se de 36 acessos genéticos de famílias de meios-irmãos, sendo 18 progênies oriundas de Luz - MG e 18 progênies de Santa Luzia - MG. Os acessos foram selecionados com base no Índice de Massa Processável de frutos provindos destas duas regiões. Indicadores morfoagronômicos vegetativos foram coletados, bem como dados da fase reprodutiva. A progênie de origem em Santa Luzia é a mais indicada para se iniciar cruzamentos, partindo do pressuposto que essa apresenta maior uniformidade genética para as características de interesse, assim, essa originará cultivares em menor número de cruzamentos. A diversidade genética existente em populações de macaúba subsidia o

programa de melhoramento, com perspectiva de obtenção de êxito na seleção de genitores. Os resultados obtidos para as duas progênes revelam que é possível explorar a complementação gênica existente dentro de cada população, realizando cruzamentos entre indivíduos de grupos diferentes. Na análise dos dez melhores indivíduos, as famílias TP6, TP8, TP13 e TP18 figuraram, ao mesmo tempo, entre as dez superiores para as características selecionadas. Considerando diversidade e valor genético indica-se os seguintes cruzamentos: TP6 x TP8, TP6 x TP18, TP6 x TP13, TP8 x TP18 e TP13 x TP18. As características avaliadas apresentaram inconstantes graus de variabilidade genética e herdabilidade, grandes valores de variação ambiental entre parcelas e magnitudes variadas para  $CV_{gi}\%$ ,  $CV_e\%$  e  $CV_r$ .

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*. Melhoramento genético. Progênie.

## ABSTRACT

OLIVEIRA, Luana Aparecida de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2020. **Selection of Macaw palm superior genotypes in progeny test.** Advisor: Sergio Yoshimitsu Motoike.

*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Martius, known as macaw palm, belongs to the Arecaceae family. It is an arboreal oil palm, native to Brazil, which has a wide geographical distribution being considered cosmopolitan. Macaw palm occurs naturally in areas of open vegetation, being native to regions with average temperatures between 16.5°C to 29°C, with Aw climate. It has great ecological importance as food source for insects and vertebrates. It is a mixed reproduction system species favoring cross-fertilization, diploid ( $2n=2x=30$ ), monoic, with marked protogyny and self-compatibility. It presents androgynous interfoliar inflorescences of the spadix type, with yellow flowers. Pollination of the species is carried out through nocturnal coleopterans and the wind acts as a secondary pollination factor. The species has stood out as a promising source in the biofuel production chain presenting a high oil yield per hectare with appropriate physical-chemical characteristics, however as the macaw palm is in phase of domestication most of the explored populations are composed of heterogeneous plants with varying age, density and quality. The establishment of breeding programs that aim to subsidize the rational cultivation of the culture, developing elite varieties that can generate large-scale production, with continuous supply, fruit quality and competitive price to meet market demands, in addition to preserving natural resources is fundamental. The objective of the present work was to evaluate a progeny test of the macaw palm for the selection of promising genotypes with agronomic characteristics of interest, especially those related to productivity. The progeny test experiment consists of 36 genetic accessions of half-siblings families, 18 progenies from Luz - MG and 18 progenies from Santa Luzia - MG. The accessions were selected based on the Processable Mass Index of fruits from these two regions. Vegetative morpho-agronomic indicators were collected, as well as data from the reproductive phase. The progeny originated in Santa Luzia is the most suitable to start crosses, assuming that it has greater genetic uniformity for the characteristics of interest, thus, it will originate cultivars in a smaller number of crosses. The genetic diversity existing in macaw palm populations supports the breeding program, with the prospect of obtaining success in the selection of parents. The results obtained for the two progenies reveal that it is possible to explore the existing gene complementation within each population, making



crosses between individuals from different groups. In the analysis of the ten best individuals the families TP6, TP8 TP13 and TP18 were, at the same time, among the top ten for the selected characteristics. Considering the diversity and genetic value, the following crosses are indicated: TP6 x TP8, TP6 x TP18, TP6 x TP13, TP8 x TP18 and TP13 x TP18. The evaluated characteristics showed inconstant degrees of genetic variability and heritability, great values of environmental variation between plots and varied magnitudes for  $CV_{gi}\%$ ,  $CVe\%$  and  $CVr$ .

Keywords: *Acrocomia aculeata*. Genetic improvement. Progeny.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

### CAPÍTULO 1

Figura 1 - Variedades da espécie <i>Acrocomia aculeata</i> (Jacq.) Lodd. ex Mart.....	15
Figura 2 - Espata floral, ráquulas e flores de <i>Acrocomia aculeata</i> .....	17
Figura 3 - Fruto da macaúba.....	18

### CAPÍTULO 2

Figura 1 - Histogramas baseados na média aritmética dos indivíduos das progênes oriundas de Luz - MG (verde) e de Santa Luzia - MG (azul) para as características: altura de planta, diâmetro de estipe, altura de inserção da primeira espata emitida, precocidade de produção e número de espatas emitidas.....	39
Figura 2 - Dendrograma formado pelo método hierárquico UPGMA para as progênes de <i>A. aculeata</i> provindas da região de Luz - MG (A) e de Santa Luzia - MG (B).....	42
Figura 3 - Projeção 2D das distâncias entre os acessos de <i>A. aculeata</i> referentes às regiões de Luz - MG (A) e Santa Luzia - MG (B).....	44
Figura 4 - Gráfico de dispersão bidimensional obtido com os valores dos dois primeiros componentes principais utilizando os acessos de <i>A. aculeata</i> referentes às regiões de Luz - MG (A) e Santa Luzia - MG (B).....	46
Figura 5 - Dendrograma formado pelo método hierárquico UPGMA para o <i>cluster</i> dos acessos de <i>A. aculeata</i> originários das regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	47
Figura 6 - Projeção 2D das distâncias entre os acessos de <i>A. aculeata</i> referente ao <i>cluster</i> das regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	49
Figura 7 - Gráfico de dispersão bidimensional obtido com os valores dos dois primeiros componentes principais utilizando os acessos de <i>A. aculeata</i> referente ao <i>cluster</i> das regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	50

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 2

Tabela 1 - Origem e código de campo dos acessos de macaúba pertencentes ao ensaio de teste de progênie.....	34
Tabela 2 - Estatística descritiva para as características altura de planta (AP) (m), diâmetro do estipe (DE) (cm), altura de inserção da primeira espata emitida (A1E) (m), precocidade de produção (PREC) (anos) e número de espatas emitidas (EE), baseada na média aritmética das progênes das populações de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	40
Tabela 3 - Agrupamento de otimização de Tocher das progênes de <i>A. aculeata</i> providas de Luz - MG e de Santa Luzia - MG.....	43
Tabela 4 - Estimação dos autovalores associados aos componentes principais das cinco características estudadas para as regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	45
Tabela 5 - Agrupamento de otimização de Tocher do cluster dos acessos de <i>A. aculeata</i> provindos de Luz - MG e Santa Luzia - MG.....	48
Tabela 6 - Estimação dos autovalores associados aos componentes principais das cinco características estudadas para o cluster das populações de Luz -MG e Santa Luzia - MG.....	50
Tabela 7 - Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a), ganho genético e nova média para seleção dos 10 melhores indivíduos (Planta), quanto aos caracteres precocidade de produção, altura de inserção da primeira espata emitida, número total de frutos, peso do cacho, peso fresco do fruto inteiro, peso fresco do mesocarpo, peso fresco do endocarpo, peso seco do mesocarpo e peso seco do endocarpo.....	52
Tabela 8 - Parâmetros genéticos estimados e componentes de variância de 36 famílias de <i>A. aculeata</i> , relacionados às variáveis: altura de planta (AP), diâmetro de estipe (DE), área de copa (AC), altura da primeira espata (A1E), número de folhas secas (NFS), número de folhas verdes (NFV), número total de folhas (TF), precocidade de produção (PREC), número total de espatas emitidas (EE), número de cachos colhidos (CC), número total de frutos colhidos (NTF), peso total dos cachos (PTC), eixo vertical do fruto inteiro (EV), eixo horizontal do fruto inteiro (EH), peso fresco do fruto inteiro (PFFI), peso fresco do epicarpo (PF epicarpo), peso fresco do mesocarpo (PF mesocarpo), peso fresco do endocarpo (PF endocarpo), peso fresco do endosperma (PF endosperma), peso seco do epicarpo (PS epicarpo), peso seco do mesocarpo (PS mesocarpo), peso seco do endocarpo (PS endocarpo), peso seco do endosperma (PS endosperma).....	54

## SUMÁRIO

### CAPÍTULO 1

#### **Macaúba: revisão bibliográfica e melhoramento**

1. Introdução .....	12
2. Revisão de literatura.....	13
2.1. <i>Acrocomia aculeata</i> .....	13
2.1.1. Taxonomia.....	13
2.1.2. Distribuição geográfica.....	15
2.1.3. Aspectos ecológicos e botânicos.....	15
2.1.4. Potencialidades.....	18
2.2. Melhoramento genético de plantas.....	20
2.2.1. Histórico.....	20
2.2.2. Fundamentos e objetivos do melhoramento de plantas.....	21
2.2.3. Melhoramento genético de macaúba.....	23
3. Referências bibliográficas.....	26

### CAPÍTULO 2

#### **Seleção de genótipos superiores de Macaúba em teste de progênie**

1. Introdução.....	32
2. Objetivos.....	33
2.1. Objetivos específicos.....	33
3. Material e métodos.....	34
3.1. Condições experimentais.....	34
3.2. Material genético.....	34
3.3. Características avaliadas.....	35
3.4. Análise estatística.....	36
4. Resultados e discussão.....	38
4.1. Homogeneidade das características avaliadas.....	38
4.2. Diversidade genética.....	41
4.2.1. Análise das populações isoladas.....	41
4.2.2. Análise das populações em conjunto ( <i>Cluster</i> das populações).....	46
4.3. Genótipos com melhores valores para características de produtividade.....	50
4.4. Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	53
5. Conclusões.....	58
6. Referências bibliográficas.....	59
Apêndice I.....	64

## CAPÍTULO 1

### Macaúba: revisão bibliográfica e melhoramento

#### 1. INTRODUÇÃO

*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Martius, conhecida como macaúba, pertence à família Arecaceae. É uma palmeira arbórea, oleífera, nativa brasileira, que apresenta ampla distribuição geográfica (LANES *et al.*, 2015; EVARISTO *et al.*, 2016). Pode habitar regiões com condições edafoclimáticas adversas (CÉSAR *et al.*, 2015), pois apresenta grande plasticidade fenotípica (LANES *et al.*, 2016) e tolerância a pragas e doenças.

É uma espécie que, caso venha a ser cultivada de forma racional, não competirá com áreas de floresta nativa (POETSCH *et al.*, 2012) e não deslocará áreas tradicionalmente utilizadas para o cultivo de alimentos (NOBRE *et al.*, 2014). Em sistemas agrosilvipastoris o seu cultivo permitiria gerar maior lucro, recuperação de solos degradados, diminuição da erosão e cultivo sustentável (CÉSAR *et al.*, 2015; CARDOSO *et al.*, 2017; COLOMBO *et al.*, 2018). Outro serviço ambiental por ela desempenhado é a de mitigadora do efeito estufa, por meio do sequestro eficiente de carbono, que ultrapassa os  $10 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$  (LORENZI *et al.*, 2011; MOTA *et al.*, 2011).

O fruto da *A. aculeata* apresenta boa qualidade nutricional - rico em ácidos graxos, minerais, fibras e proteínas (AZEVEDO JUNIOR *et al.*, 2018) - podendo ser utilizado de maneira integral para geração de produtos e coprodutos (PIRES *et al.*, 2013). A espécie tem se destacado como promissora fonte na cadeia de produção de óleo vegetal, pois este possui características físico-químicas apropriadas tanto para consumo humano como aplicação industrial, fato já comprovado em várias pesquisas (MANFIO *et al.*, 2012; CÉSAR *et al.*, 2015; LANES *et al.*, 2016, LIMA *et al.*, 2018). Essa frutífera mantém-se produtiva por dezenas de anos, apresentando alto rendimento por hectare (MANFIO *et al.*, 2011). Assim, *A. aculeata* surge como solução direcionada à produção de óleo destinado a setores alimentícios ou de biocombustíveis, promovendo benefícios ambientais e econômicos (MANFIO *et al.*, 2011).

Apesar de gerar renda extra e oportunidades de emprego (CÉSAR *et al.*, 2015), principalmente para pequenos produtores familiares (NOBRE *et al.*, 2014), o modelo atual de exploração extrativista - em populações nativas compostas por plantas heterogêneas com idade, densidade e qualidade variáveis (NASCIMENTO *et al.*, 2014) - não permite expressar

seu verdadeiro potencial. Para que a *A. aculeata* se insira no mercado agrícola é necessário critérios padronizadores de cultivares, manejo e pós-colheita (NOBRE *et al.*, 2014). Desta forma, é fundamental o estabelecimento de programas de melhoramento que visem subsidiar o cultivo racional da cultura, desenvolvendo variedades elite que possam gerar produção em grande escala, com oferta contínua, qualidade de frutos para atender as demandas do mercado, além da preservação dos recursos naturais.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. *Acrocomia aculeata*

#### 2.1.1. Taxonomia

A macaúba, *Acrocomia aculeata*, é conhecida por diversos nomes populares, como macaúva, mucaja, mucuja, macaíba, macajuba, coco-baboso, coco-de-catarro, chiclete-de-baiano, bocaiúva, entre outros. Foi primeiramente descrita em 1763 por Jacquin, com o basinômio *Cocos aculeatus* Jacq. Em 1824 Von Martius a incluiu no gênero *Acrocomia* e classificou-a como *Acrocomia sclerocarpa*. Em 1845, Loddiges a designou como *Acrocomia aculeata* (CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011). Atualmente, a macaúba, em termos taxonômicos, é classificada como (GRIN, 2019):

Reino: Plantae

Divisão: Angiospermae

Classe: Monocotyledoneae

Sub-classe: Espadiciflorae

Tribo: Coccoideae

Família: Arecaceae (alt. *Palmae*)

Sub-família: Coccoideae

Ordem: Principes

Super Ordem: Arecanae

Gênero: *Acrocomia*

Espécie: *aculeata*

Nome científico: *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart.

Embora seja um gênero de importância econômica, a taxonomia desta palmeira ainda é conflitante. Segundo o Jardim Botânico de Missouri - TROPICOS - e Henderson, Galeano &

Bernal (1995) *A. aculeata* é um nome legítimo que possui 159 sinonímias, incluindo *A. belizensis*, *A. fusiformes*, *A. intumescens*, *A. media*, *A. mexicana*, *A. minor*, *A. sclerocarpa*, *A. totai*. Respeitados institutos botânicos como o Royal Botanic Gardens, Kew, Palmweb (n.d.) - Palmas do mundo online - e o Portal eMonocot afirmam existir oito espécies distintas de *Acrocomia*: *A. aculeata*, *A. crispera*, *A. emensis*, *A. glaucescens*, *A. hassleri*, *A. intumescens*, *A. media* e *A. totai*. Lorenzi (2010) descreveu seis espécies ocorrendo no Brasil: *A. aculeata*, *A. emensis*, *A. glaucescens*, *A. hassleri*, *A. intumescens* e *A. totai*. Vianna e Colombo (2013) consideram 29 espécies como sinônimos, incluindo *A. media*. Diversos estudos buscam classificar taxonomicamente a macaúba, como Scariot, Lleras & Hay (1995), Pimentel *et al.* (2011), Abreu *et al.* (2012), Ciconini *et al.* (2013), Motoike *et al.* (2013), Pires *et al.* (2013), Lanes *et al.* (2015), Machado *et al.* (2015), Vianna *et al.* (2017a), Vianna *et al.* (2017b). Fato é que o gênero necessita de revisão crítica (DRANSFIELD *et al.*, 2008; LIMA *et al.*, 2018).

De forma geral, considera-se a existência de três morfotipos v/ ecotipos: *intumescens*, *totai* e *sclerocarpa* (Figura 1). *A. aculeata* var. *intumescens* possui estipe intumescido na base e espinhos generalizados em seu terço superior, com ocorrência principalmente no Norte e Nordeste do Brasil. *A. aculeata* var. *totai* apresenta espinhos no terço superior do estipe, em forma de coroa, sendo predominante no Paraguai, São Paulo e Mato Grosso do Sul. *A. aculeata* var. *sclerocarpa* apresenta frutos grandes, caule sem espinhos e ocorrência natural expressiva no estado de Minas Gerais (MANFIO *et al.*, 2011; PIMENTEL *et al.*, 2011).



**Figura 1** - Variedades da espécie *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. FONTE: (*A. aculeata* var. *intumescens*) Lorenzi (2010).

### 2.1.2. Distribuição geográfica

*A. aculeata* é uma palmeira tropical que possui ampla distribuição geográfica, sendo encontrada do sul do Brasil ao meridional dos Estados Unidos, estando ausente apenas no Equador e Peru. A América do Sul é provavelmente o centro de diversidade da espécie, e o estado de Minas Gerais - Brasil, o seu centro de origem (MOTA *et al.*, 2011; LANES *et al.*, 2015; SILVA *et al.*, 2017). No Brasil é uma das palmeiras de maior dispersão, sendo considerada cosmopolita. Os maciços naturais encontram-se amplamente espalhados por áreas de Cerrado, principalmente nos estados de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul (LORENZI, 2010; CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011; MANFIO *et al.*, 2011; MOTA *et al.*, 2011).

### 2.1.3. Aspectos ecológicos e botânicos

A macaúba ocorre naturalmente em áreas de vegetação aberta, sendo nativa de regiões com temperaturas médias entre 16,5°C a 29°C, com clima Aw, de acordo com a classificação de Köppen. Encontrada em regiões de clima tropical úmido, mas também onde predominam condições climáticas do bioma Cerrado, na transição Cerrado-Caatinga e na Mata Atlântica (MOTOIKE *et al.*, 2013). *A. aculeata* é retratada em altitudes entre 150 e 1.000 m e índices pluviométricos entre 1.000 e 1.900 mm, sendo recorrente em locais onde as estações de seca e chuva são bem definidas (MOTA *et al.*, 2011, LIMA *et al.*, 2018).

A espécie é pioneira em formações secundárias, como capoeiras e capoeirões, com ocorrência preferencial em vales e encostas de florestas mesófilas semidecíduas (LORENZI, 1992). Possui ampla capacidade de adaptação a diferentes tipos de solos, porém está naturalmente associada a solos eutróficos, de textura média a argilosa, pH médio de 5,5 e saturação de bases em torno de 60% (MOTOIKE *et al.*, 2013).

Tem grande importância ecológica como fonte de alimento para insetos (cachos floríferos) e alguns vertebrados, especialmente aves e mamíferos (frutos maduros) (LANES *et al.*, 2016). Suas sementes são dispersas por animais silvestres e domésticos, como roedores, aves e gado (MOTA *et al.*, 2011).

*A. aculeata* é uma espécie com sistema de reprodução misto e favorecimento de fecundação cruzada, diploide ( $2n=2x=30$ ), monoica, com marcada protoginia e autocompatibilidade (NOBRE *et al.*, 2014; LANES *et al.*, 2015). É uma arborescente perene que não compete com áreas de floresta nativa (POETSCH *et al.*, 2012; NOBRE *et al.*, 2014) e



não desloca áreas tradicionalmente utilizadas para o cultivo de alimentos (NOBRE *et al.*, 2014).

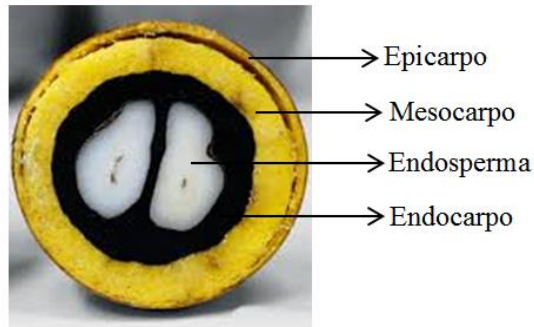
A palmeira caracteriza-se por um tronco simples, estipe cilíndrico-fusifforme, que pode alcançar até 20 metros de altura, de onde emanam as diversas folhas e ficam preservados os remanescentes dos pecíolos foliares. Um descritor marcante da espécie é a presença de espinhos escuros por toda sua extensão, inclusive nas áreas foliares e no estipe. O sistema radicular é profundo, com raízes grossas e numerosas. As folhas são compostas, pinadas, de coloração verde-escura e oferecem aspecto plumoso a copa. Cada planta possui entre 20 e 30 folhas (LORENZI, 2006; CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011; LANES, 2014; SILVA *et al.*, 2017).

Suas inflorescências são interfolares e andróginas, do tipo espádice, com flores amarelas protegidas por uma espata de até dois metros de comprimento (Figura 2). A floração ocorre entre os meses de agosto e novembro. As flores femininas estão localizadas na base e as masculinas no ápice das ráquias. O número de flores masculinas é consideravelmente superior ao número de flores femininas. As flores femininas permanecem receptivas até 12 horas após sua antese, em seguida a esse período os estigmas senescem e sua viabilidade diminui drasticamente. Os estames abrem-se 12 horas depois da antese feminina. Posteriormente a fertilização das flores ocorre o processo de frutificação, que pode levar até 12 meses. A duração das fases de floração e frutificação são bem variáveis entre as regiões do país, em geral acompanhando o regime de chuvas vigente. O desenvolvimento do fruto inicia-se no final do período chuvoso e se completa no período de seca, levando a queda entre os meses de novembro a fevereiro (MOTA *et al.*, 2011).



**Figura 2** - Espata floral, ráquias e flores de *Acrocomia aculeata*. FONTE: Brito, 2013; Silva, 2019. (A) Espata floral; (B) Flor Masculina em antese; (C) Flor feminina e (D) Ráquias, com flores pistiladas na porção basal e estaminadas na porção restante; ráquila superior com flores masculinas em antese e inferior em pré-antese.

Os frutos globosos são do tipo drupas, com tamanhos variáveis, que se encontram arranjados em cachos volumosos. O epicarpo é fibroso e nos estágios iniciais de seu desenvolvimento possui coloração verde, passando para verde-amarela, amarela ou castanha quando maduro. O mesocarpo é carnosos com coloração amarela ou branca - dependendo de seu estágio de maturação - rico em ácido graxo. O endocarpo lenhoso apresenta coloração preta, é rígido e circunda a amêndoa, que apresenta coloração branca e de 2 a 3 embriões abundantes em lipídeos, proteínas, ácidos graxos insaturados e fibras (Figura 3). Os frutos são formados por cerca de 20% de casca, 40% de polpa, 33% de endocarpo e 7% de amêndoa. A frutificação da palmeira se dá entre 6 e 8 anos de idade e o rendimento de frutos é influenciado pela idade da palmeira, tratamentos culturais, condições climáticas, etc (CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011; MANFIO *et al.*, 2011; LANES, 2014; NAVARRO-DÍAZ *et al.*, 2014, NOBRE *et al.*, 2014; SILVA *et al.*, 2017).



**Figura 3** - Fruto da macaúba. FONTE: Portal Macaúba. Modificado.

O fruto apresenta óleo principalmente na amêndoa (46% a 58%) e no mesocarpo (até 70%). O óleo proveniente do mesocarpo apresenta uma coloração amarelo-alaranjada (devido aos carotenoides), elevado teor de ácidos graxos insaturados (principalmente palmítico, linoleico e oleico) e altas concentrações de vitamina A, sendo seu óleo similar ao azeite de oliva. O óleo da amêndoa é composto por ácidos graxos de cadeia curta, com predominância de ácido láurico, o que gera um óleo mais nobre (MOTA *et al.*, 2011).

A polinização da espécie é realizada através de coleópteros de hábito noturno, e o vento atua como fator secundário de polinização. Os principais polinizadores são *Andranthobius* sp., *Phyllotrox tataricae* (Curculionidae), *Mystraps* sp., *M. dalmasi*, *M. debilis* (Nitidulidae) e *Cyclocephala forsteri* (Scarabaeidae) (CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011; MANFIO *et al.*, 2011; LANES, 2014; SILVA *et al.*, 2017; LIMA *et al.*, 2018). *Apis mellifera* e *Trigona spinipes* são polinizadores ocasionais, pois raramente visitam as flores femininas ao coletarem pólen (LIMA *et al.*, 2018).

#### **2.1.4. Potencialidades**

Como a macaúba encontra-se em fase de domesticação a maioria das populações exploradas são nativas, compostas por plantas heterogêneas com idade, densidade e qualidade variáveis (NASCIMENTO *et al.*, 2014). A exploração majoritariamente extrativista, com colheita manual e falta de padronização, compromete a qualidade final do produto (CÉSAR *et al.*, 2015; CARDOSO *et al.*, 2017; COLOMBO *et al.*, 2018).

A espécie é rústica, podendo habitar regiões com condições edafoclimáticas adversas (CÉSAR *et al.*, 2015), pois apresenta grande plasticidade fenotípica e tolerância a pragas e doenças (LANES *et al.*, 2016). Quando cultivada em sistemas agrosilvipastoris apresenta forte caráter de cultivo sustentável, podendo auxiliar na recuperação de solos degradados,

diminuição da erosão, além de manter-se produtiva por dezenas de anos (CÉSAR *et al.*, 2015; MANFIO *et al.*, 2011; CARDOSO *et al.*, 2017; COLOMBO *et al.*, 2018). Também mitiga o efeito estufa por meio do sequestro de carbono, uma vez a que taxa de assimilação de CO<sub>2</sub> desta perene é de cerca de 10 μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup> (LORENZI *et al.*, 2011; MOTA *et al.*, 2011).

Segundo Motoike e Kuki (2009) o potencial produtivo da macaúba é muito similar ao do dendê, *Elaeis guineenses*. A produção total de óleo proveniente da palmeira pode atingir 4.000 L ha<sup>-1</sup>ano<sup>-1</sup> e cerca de 25 mil quilos de frutos por hectare, sendo o produto gerado de alta qualidade e grande valor nutricional, além de apresentar elevado valor de mercado devido à infinidade de aplicações na indústria (MOTA *et al.*, 2011; NOBRE *et al.*, 2014).

Toda a planta apresenta alguma finalidade, oferecendo uma cadeia produtiva efetivamente sustentável, porém o fruto é a parte mais visada economicamente. Com alta produtividade de óleo proveniente do mesocarpo e do endosperma, a macaúba apresenta-se como matéria-prima potencial para a produção de óleo vegetal (SILVA *et al.*, 2017). Do mesocarpo obtêm-se um óleo rico em ácido oleico que pode ser destinado a vários propósitos, como produção de cosméticos, sabão, combustíveis e outros. Por outro lado, da amêndoa pode ser obtido óleo abundante em ácido láurico, ideal para consumo humano e emprego no setor farmacêutico. Ambos os constituintes (mesocarpo e amêndoa) podem ser consumidos *in natura* e os remanescentes provenientes após a extração dos óleos geram tortas fibrosas e proteicas, que podem ser destinadas à alimentação animal (HIANE *et al.*, 2005). O endocarpo, por sua vez, produz carvão com alto poder calorífero (DOMICIANO *et al.*, 2015; COSER *et al.*, 2016; SILVA *et al.*, 2017). O tronco da macaúba pode ser utilizado como moirão, ripa, caibro ou calha. Suas folhas podem servir na alimentação de ruminantes, e os folíolos para a confecção de fibras têxteis (NOBRE *et al.*, 2014).

A crescente demanda mundial por óleo vegetal e por fontes de energia renovável tem enfatizado culturas oleíferas em todo mundo. A macaúba tem se destacado, uma vez que apresenta elevados teores de óleo e alta produtividade. Estudos mostram que a percentagem de óleo na polpa varia de 19,5 a 56% e na amêndoa varia de 32,9 a 50,6%, logo é uma cultura importante de se incluir na base de estudos de fontes produtoras de óleo vegetal, seja para a indústria de biocombustíveis ou para fins mais nobres, como a alimentação humana (NOBRE *et al.*, 2014, COSTA, 2016). Produtos derivados de macaúba têm sido comercializados em comunidades locais, e o movimento tem ganhado destaque com o surgimento de cooperativas, como: Central do Cerrado Produtos Ecosociais, Cooperativa Grande Sertão e Unidade de Beneficiamento de Coco Macaúba (LIMA *et al.*, 2018).

Assim, propõe-se *A. aculeata* como ideal de espécie fonte de óleo vegetal, com cadeia produtiva inteiramente sustentável, que gera quantidade final de óleo satisfatória. A palmeira surge apresentando diversos benefícios ambientais e econômicos e o entendimento da cultura na sua totalidade será capaz de expressar todo seu potencial. Contudo, são necessárias mais informações botânicas, ecológicas e agrônômicas para que a macaúba possa ser implantada com sucesso, gerando conhecimento que favoreça a exploração sustentável e o uso racional deste recurso genético (NOBRE *et al.*, 2014).

## **2.2. Melhoramento genético de plantas**

### **2.2.1. Histórico**

O melhoramento de plantas teve seu início de forma inconsciente, por volta de 10.000 a.C. Não se sabe exatamente quando o homem começou, de forma consciente, o processo de melhoramento vegetal e por muitos anos o melhoramento baseou-se na seleção empírica, utilizando mais arte do que conhecimento científico (TEIXEIRA, 2008; MACHADO, 2014).

Os trabalhos dos biólogos Charles Darwin (1809 - 1882) e Gregor Mendel (1822 - 1884) tiveram forte influência na origem do melhoramento. Mas foi somente após a década de 1900, quando houve a redescoberta das leis de Mendel, que o melhoramento passou a se estruturar em bases científicas (TEIXEIRA, 2008; BETRÁN, MORENO-GONZÁLEZ & ROMAGOSA, 2009; MACHADO, 2014). Em 1910 cientistas descobriram a heterose. Em 1913 o primeiro mapa genético foi desenvolvido, permitindo a predição de descendência de cruzamentos controlados. Em 1919, Fisher publicou o trabalho crucial para o desenvolvimento do melhoramento, onde o autor introduziu o termo variância. Em 1930 métodos estatísticos começaram a ser utilizados no melhoramento genético, com posterior avanço da genética quantitativa. Nas décadas seguintes grande progresso aconteceu nas áreas de fisiologia, bioquímica, cultura de tecidos e na biologia molecular (TEIXEIRA, 2008).

No Brasil, as pesquisas relacionadas ao melhoramento genético de plantas se iniciaram na década de 1930, e seu início deu-se à vinda de pesquisadores estrangeiros para o país. Essas pesquisas foram conduzidas inicialmente no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ/USP). O primeiro curso de genética e melhoramento foi criado em 1964 na ESALQ/USP. Em seguida, outros programas, em diferentes instituições foram criados. Assim, a partir da década de 1980 houve aumento no número de mestres e doutores na área. Como consequência, houve grandes avanços na

agricultura (GERALDI, 2007). Atualmente, o melhoramento de plantas é uma ciência que trabalha com hipóteses e as avalia pelo método científico com base na interdisciplinaridade com áreas como: genética, biologia molecular, bioquímica, fisiologia, estatística, agronomia, entomologia, fitopatologia, botânica, entre outras (BORÉM & MIRANDA, 2013).

### **2.2.2. Fundamentos e objetivos do melhoramento de plantas**

O termo melhoramento genético tem ganhado diversas definições ao longo dos anos. Vavilov (1935) acreditava que o melhoramento era a evolução dirigida controlada pelo homem. Allard (1960) afirmava que o melhoramento sempre foi uma ciência e arte de manipulação genética com o objetivo de atender as necessidades do homem. Bernardo (2002) definiu o melhoramento como arte, ciência e negócio de manipulação genética de plantas em favorecimento do homem.

O passo inicial de um programa de melhoramento é o estabelecimento dos objetivos do mesmo, que devem apresentar estrutura flexível, de modo a acompanhar as mudanças de mercado (FERREIRA, 2006). Um programa de melhoramento geralmente busca três objetivos (MACHADO, 2014):

- i) gerar variabilidade genotípica, de modo que sejam encontrados materiais com diferentes níveis de tolerâncias aos estresses que podem afetar a espécie;
- ii) seleção, onde o método empregado dependerá do modo de reprodução da espécie e explorará a variabilidade existente na população para gerar variedades que atendam as exigências do mercado;
- iii) ensaios de avaliação, onde o material gerado será testado em diferentes ambientes para verificar seu potencial genético e sua adaptação.

Primeiramente, o melhorista deve realizar levantamento do que já foi obtido em programas de melhoramento genético semelhantes para subsidiar seu programa, resultando em economia de tempo e esforços. Posteriormente, deve-se realizar pesquisa do material existente sobre a espécie vegetal a ser melhorada, na região de condução do programa de melhoramento e em outras regiões, podendo recorrer ao centro de origem da espécie. Então, baseado no levantamento anterior cria-se um banco de germoplasma com variedades de tipos primitivos e espécies afins. Em seguida, deve-se verificar o modo de reprodução da espécie, pois esse indicará o método de melhoramento a ser utilizado. Também, o melhorista deve obter a taxa de alogamia da região de condução do programa, para controle efetivo da polinização. Depois, deve-se fazer um estudo da base genética da característica a ser

melhorada, determinar o tipo de herança da mesma e conhecer a eficiência dos diferentes métodos de melhoramento para essa. Finalmente, com todas essas informações coletadas o melhorista pode iniciar o programa (FERREIRA, 2006).

Vários métodos para condução de programas de melhoramento podem ser utilizados, como por exemplo, o método da população, o método genealógico, o método descendente de uma única semente, o método dos retrocruzamento e os métodos de seleção recorrente (BORÉM & MIRANDA, 2013).

Em plantas alógamas, como é o caso da macaúba, onde há alto grau de heterozigosidade, é necessário uma amostra da população para que essa possa ser representada. Logo o melhoramento é realizado em populações melhoradas, posteriormente linhagens são extraídas dessas. Com o objetivo de aumentar alelos favoráveis na população a ser trabalhada, métodos de seleção podem ser empregados, como seleção massal ou seleção com teste de progênie.

Os testes de progênies avaliam o mérito genético do indivíduo com base nos resultados de sua progênie. Apresenta as finalidades (SHIMIZU, KAGEYAMA & HIGA, 1982; SHIMONA, 2020):

- i) determinação da estrutura genética da população;
- ii) eliminação do efeito aleatório da seleção individual, permitindo identificar se a superioridade do genótipo é devido a efeitos ambientais ou genéticos;
- iii) conservação genética das populações;
- iv) estimação de parâmetros genéticos.

Esse método é geralmente utilizado em espécies de polinização cruzada. A seleção das plantas superiores baseia-se no desempenho das progênies, onde materiais que apresentam progênies com bom desempenho constituem a próxima geração do programa de melhoramento. A variedade produzida por esse método geralmente é heterogênea, uma vez que materiais homo e heterogêneos são utilizados, o que confere ampla adaptação e mais estabilidade para mudanças ambientais, além de grande diversidade genética. A técnica é confiável, porém não há controle da polinização e requer grande área de estudo (SHIMIZU, KAGEYAMA & HIGA, 1982; SHIMONA, 2020).

### **2.2.3. Melhoramento genético da macaúba**

A macaúba é uma espécie perene não tradicional pertencente ao grupo das frutíferas industriais, pois seus frutos não são usualmente utilizados *in natura*. Logo, no seu processo de melhoramento é possível se espelhar em outras espécies que também fazem parte do grupo de

frutíferas industriais como dendê, coco e cupuaçu (MANFIO *et al.*, 2011). O melhoramento genético da macaúba busca sua domesticação com o intuito de conhecer sua ecologia e silvicultura, além de possibilitar ganho no rendimento das plantas (CARVALHO, SOUZA & MACHADO, 2011).

O caráter objetivo no melhoramento da macaúba é a produção de óleo por planta, estando este em função dos seguintes caracteres: número de cachos, número de frutos por cacho, peso de fruto e teor de óleo no fruto. Porém outros caracteres também são de extrema importância, como a altura da planta, qualidade do óleo, adaptação aos ambientes de cultivo, tolerância a pragas e doenças, precocidade de produção e ausência de espinhos. O melhoramento simultâneo de todos esses caracteres seria trabalhoso, oneroso e geraria pequenos ganhos genéticos para cada caráter. O ideal é priorizar os caracteres de maior importância, enfatizando um ou poucos, e trabalhar os outros em fases posteriores (MANFIO *et al.*, 2011).

Segundo Manfio *et al.* (2011) o pré-melhoramento da espécie é uma etapa fundamental, pois envolve atividades de exploração, coleta, implantação de bancos de germoplasma, caracterização e conhecimento da diversidade. No processo de domesticação de uma espécie, a criação de programas de melhoramento e a formação de bancos de germoplasma são primordiais, pois viabiliza a possibilidade de cultivos racionais e sustentáveis (COSER, MOTOIKE & NICK, 2013).

A macaúba vem sendo estudada em diversas instituições no país, porém esse é um trabalho moroso por se tratar de uma cultura perene. No processo de domesticação da palmeira, a instalação e a manutenção da diversidade no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba/UFV) foi a primeira etapa para dar suporte ao programa de melhoramento e de conservação genética da mesma (LANES, 2014). Desde o ano de 2007, o programa de melhoramento de macaúba tem coletado material para estabelecer o seu BAG-Macaúba/UFV, que se localiza na Fazenda Experimental de Araponga, na cidade de Araponga, Minas Gerais (MOTOIKE, NACIF & PAES, 2011). O BAG-Macaúba/UFV (registro nº 084/2013/CGEN/MMA) conta com 304 acessos de famílias maternas, representativos de quase todas as regiões brasileiras, com ampla variabilidade morfológica, sendo o primeiro repositório oficial registrado pelo Conselho de Gestão do Patrimônio Genético Brasileiro e reconhecido como um dos maiores BAG de *A. aculeata* de todo o mundo (LANES *et al.*, 2015). O BAG-Macaúba/UFV ocupa uma área de aproximadamente quatro hectares, constituído de seis glebas com diferentes anos de plantio. Até o momento, foram obtidos avanços substanciais na caracterização fenotípica (fases juvenil e reprodutiva)



dos acessos. A etapa de pré-melhoramento foi fundamental, pois estabeleceu os recursos fitogenéticos disponíveis no BAG - Macaúba/UFV (COSER, MOTOIKE & NICK, 2013).

Abreu *et al.* (2011), utilizando material genético do BAG-Macaúba/UFV, determinaram o primeiro cariótipo da macaúba e observaram número de cromossomos  $2n=2x=30$ , com conteúdo  $2C\ DNA=5,81pg$  e  $AT=58,3\%$ .

Manfio *et al.* (2011) conseguiram estabelecer um coeficiente de repetibilidade de quatro frutos para características biométricas.

Manfio *et al.* (2012) observaram grande variabilidade entre 51 progênies de macaúba oriundas dos estados de Minas Gerais e São Paulo, além de coeficientes de herdabilidade de elevada magnitude para as características crescimento de planta e número de folhas.

Lanes *et al.* (2013) desenvolveram um protocolo de extração de DNA para folhas e tecidos do estipe, de modo que o processo de amplificação por PCR não sofresse interferência, mesmo quando extraído de diferentes tecidos.

Rueda (2014) avaliou 54 progênies de *A. aculeata* para 27 características morfo-agronômicas quantitativas, observando elevada variabilidade genética entre as progênies estudadas, com excelente potencial seletivo a médio e longo prazo. A maioria das características apresentou altos valores de herdabilidade e repetibilidade. Também seu estudo mostrou que a dispersão da macaúba por regiões com condições edafoclimáticas distintas foi suficiente para formação de grupos com características que se diferem quanto a origem geográfica.

Lanes *et al.* (2015) por meio o estudo de caracterização molecular e estruturação de populações de macaúba, usando marcadores microsatélites, conseguiram propor um possível centro de diversidade no Brasil para a espécie.

Costa (2016) afirmam que os acessos estudados pertencentes ao BAG apresentam variabilidade genética para a característica produção de óleo, logo programas de melhoramento para a mesma podem ser estabelecidos. Também encontrou correlação positiva entre as características massa seca da polpa e produção de óleo, indicando que a seleção indireta de frutos com altos valores de massa seca da polpa proporcionarão aumento na produção de óleo.

Coser *et al.* (2016) buscou analisar a diversidade genética, a correlação entre características e estimar parâmetros genéticos dos acessos do BAG. Os autores concluíram que o BAG - Macaúba/UFV possui grande variabilidade. Obtiveram índices promissores para herdabilidade e acurácia seletiva nas características em estudo, além de correlação satisfatória, possibilitando seleção indireta com base em características de simples mensuração.

Mengistu *et al.* (2016) detectaram, em seus estudos com acessos de *A. aculeata* de diferentes estados brasileiros, deficiência de heterozigotos nos acessos analisados, o que foi explicado pela endogamia positiva presente em todos os locos. Também revelaram maior variância genética dentro de famílias do que entre famílias, e comprovaram a eficiência de transferência interespecíes de marcadores SSR entre diferentes espécies de *Arecaceae*.

O processo de domesticação da macaúba no programa de melhoramento da UFV encontra-se no início da fase de hibridação. Logo, trabalho pioneiro relacionado ao melhoramento *per se* foi desenvolvido no BAG-Macaúba/UFV:

Silva (2019) em seu trabalho objetivou caracterizar híbridos (F1), por meio de marcadores moleculares e caracteres morfoagronômicos. Os híbridos foram obtidos de cruzamentos entre genótipos de procedências de MG, MS e SP. Silva avaliou as seguintes características: velocidade de surgimento da plúmula e da primeira folha, tamanho e quantidade de folhas, caracterização da plúmula e espinho, na fase de plântula à muda. Os F1 apresentaram alta variabilidade para as características avaliadas e foram agrupados em sete classes, que se diferiram quanto ao desenvolvimento, coloração da plúmula, presença e quantidade de espinhos. Os híbridos F1 apresentaram diversidade genética entre meio-irmãos e irmãos-germanos. A técnica de abertura manual da espata, no momento da polinização, favoreceu o pegamento de frutos, com presença de flores femininas viáveis. Tais resultados mostraram que as hibridações entre fenótipos de procedências distintas geram variabilidade que pode ser explorada em linhas de pesquisas e na obtenção de híbridos, e recomenda abertura manual da espata para processos de polinização dentro do programa de melhoramento da macaúba.

Essencial para solidificar a macaúba como cultura agrícola, os testes de progênie trazem resultados confiáveis sobre os melhores genótipos que podem ser explorados, impulsionando a fase de seleção de um programa de melhoramento. Baseado nisso, esse trabalho se propõe a avaliar e estudar um ensaio de teste de progênie de *A. aculeata*, implantado na Fazenda Experimental de Araponga, dando ênfase às características de produtividade de acessos genéticos oriundos de matrizes do estado de Minas Gerais, que demonstram maior índice de massa processável de seus frutos.

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A.G.; PRIOLLI, R.H.; AZEVEDO-FILHO, J.A.; NUCCI, S.M.; ZUCCHI, M.I.; COELHO, R.M.; COLOMBO, C.A. The genetic structure and mating system of *Acrocomia aculeata* (*Arecaceae*). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.35, n. 1, p. 116-121, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572012005000002>.

ABREU, I.S.; CARVALHO, C.R.; CARVALHO, G.M.A.; MOTOIKE, S.Y. First karyotype, DNA C-value and AT/GC base composition of macaw palm (*Acrocomia aculeata*, Arecaceae) - a promising plant for biodiesel production. **Australian Journal of Botany**, v. 59, p. 149-155, 2011. <https://doi.org/10.1071/BT10245>.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2 ed. John Wiley & Sons, INC. New York. 1999, 485p.

AZEVEDO JUNIOR, W. C.; FARIA, A.M.M. ; SANTANA, A.C. ; REIS, W. D. S.; ALMEIDA, C. N. S. Potencial da *Acrocomia Aculeata* no Desenvolvimento Endógeno da Região de Cuiabá, Brasil. **Revista Iberoamericana de Economía Ecológica**, v. 28, p. 52-65, 2018. <https://redibec.org/ojs>.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 3 ed. Stemma Press, Woodbury, Minnesota, 2002.

BETRÁN, J.; MORENO-GONZÁLEZ, J. ROMAGOSA, I. Theory and application of plant breeding for quantitative traits. *In*: CECARELLI, S.; GUIMARÃES, E.P.; WELTZIEN, E. **Plant breeding and farmer participation**. Rome: FAO, 2009. p. 27-62.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6 ed. Viçosa, MG. Editora UFV, 2013. 523p.

BRITO, A.C. **Biologia reprodutiva de macaúba: floração, polinizadores, frutificação e conservação de pólen**. 2013. 47 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2013.

CARDOSO, A.; LAVIOLA, B. G. ; SANTOS, G.S.; SOUSA, H. U.; OLIVEIRA, H. B.; VERAS, L.C.; CIANNELLA, R.; FAVARO, S.P. Opportunities and challenges for sustainable production of *A. aculeata* through agroforestry systems. **Industrial Crops and Products**, v. 107, p. 573-580, 2017. <http://dx.doi.org/10.1016/j.indcrop.2017.04.023>.

CARVALHO, K.J.; SOUZA, A.L.; MACHADO, C.C. 2011. **Ecologia, Manejo, Silvicultura e Tecnologia da Macaúba**. Convênio de Cooperação Técnica SECTES/FAPEMIG, Polo de Excelência em Florestas, Universidade Federal de Viçosa. 38 p.

CÉSAR, A.S.; ALMEIDA, F.A.; SOUZA, R.P.; SILVA, G.C.; ATABANI, A.E. The prospects of using *Acrocomia aculeata* (macauba) a non-edible biodiesel feedstock in Brazil. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 49, p. 1213-1220, 2015. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2015.04.125>.

CICONINI, G.; FAVARO, S.P.; ROSCOE, R.; MIRANDA, C.H.B.; TAPERI, C.F.; MIYAHIRA, M.A.M.; BEARARI, L.; GALVANI, F.; BORSATO, A.V.; COLNAGO, L.A.; NAKA, M.H. Biometry and oil contents of *Acrocomia aculeata* fruits from the Cerrados and Pantanal biomes in Mato Grosso do Sul, Brazil. **Industrial Crops and Products**, v.45, p. 208-214, 2013.

- COLOMBO, C.A.; BERTON, L.H.C.; DIAZ, B.G.; FERRARI, R.A. Macauba: A promising tropical palm for the production of vegetable oil. **Oilseeds and Fats, Crops and Lipids**, v. 25, n. 1, p. D108, 2018. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017038>.
- COSER, S.M.; MOTOIKE, S.Y.; CORRÊA, T.R.; PIRES, T.P.; RESENDE, M.D.V. Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, 2016. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1072718>.
- COSER, S.M.; MOTOIKE, S.Y.; NICK, C. Programa de pré-melhoramento de macaúba da Universidade Federal de Viçosa. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MACAÚBA, 2013, Patos de Minas. Consolidação da cadeia produtiva: [Anais]. Brasília, DF: MAPA, 2013.
- COSTA, A.M. **Parâmetros genéticos, diversidade genética e seleção dos acessos de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. 2016. 19 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2016.
- DOMICIANO, G.P.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S. Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas. **Ciência Rural**, v. 45, n. 9, p. 1599-1605, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140909>.
- DRANSFIELD, J.; UHL, N.W.; ASMUSSEN, L.C.B.; BAKER, W.J.; HARLEY, M.M.; LEWIS, C.E. **Genera Palmarum: the evolution and classification of palms**. Kew Publishing, 2008. 732p.
- EVARISTO, A.B; MARTINO, D.C.; FERRAREZ, A.H.; DONATO, D.B.; CARNEIRO, A.C.O.; GROSSI, J.A.S. Potencial Energético dos resíduos do fruto da macaúba e sua utilização na produção de carvão vegetal. **Ciência Florestal**, Santa Maria , v. 26, n. 2, p. 571-577, Junho de 2016 . Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1980-50982016000200571&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1980-50982016000200571&lng=en&nrm=iso)>. Acesso em 15 Janeiro 2020. <http://dx.doi.org/10.5902/1980509822757>.
- FERREIRA, P.V. **Melhoramento de plantas: princípios e perspectivas**. Maceió: EDUFAL, v.1, 2006. 110p.
- GERALDI, I.O. A pós-graduação em genética e melhoramento de plantas no Brasil: diagnóstico e prioridades. **Revista Brasileira de Pós-Graduação**, v. 4, n. 7, p.87-98, 2007. <https://doi.org/10.21713/2358-2332.2007.v4.121>.
- GRIN. GERMPLASM RESOURCES INFORMATION NETWORK. **Taxonomia das plantas da GRIN**. Disponível em: <https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/taxonomydetail.aspx?id=1388>. Acesso em: 10 dez. 2019.
- HENDERSON, A.; GALEANO, G.; BERNAL, R. **Field Guide to the Palms of the Americas**. Princeton: Princeton University Press, 1995. 502p.

HIANE, P.A.; RAMOS FILHO, M.M.; RAMOS, M.I.L.; MACEDO, M.L.R. Bocaiúva, *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd., pulp and kernel oils: characterization and fatty acid composition. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 8, p. 256-259, 2005.

LANES, E.C.M.; MOTOIKE, S.Y.; KUKI, K.N.; NICK, C.; FREITAS, R.D. Molecular characterization and population structure of the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), ex situ germplasm collection using microsatellites markers. **Journal of Heredity**, v. 106, n. 1, p. 102-112, 2015. <https://doi.org/10.1093/jhered/esu073>.

LANES, E.C.M.; MOTOIKE, S.Y.; KUKI, K.N.; RESENDE, M.D.V.; CAIXETA, E.T. Mating system and genetic composition of the macaw palm (*Acrocomia aculeata*): Implications for breeding and genetic conservation programs. **Journal of Heredity**, v. 107, n. 6, p. 527-536, 2016. <https://doi.org/10.1093/jhered/esw038>.

LANES, E.C.M.; NICK, C.; KUKI, K.N.; FREITAS, R.D.; MOTOIKE, S.Y. Genomic DNA isolation of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) from leaf and stipe tissue samples for PCR analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 3905-3911, 2013. <http://dx.doi.org/10.4238/2013.September.23.9>

LANES, E.C.M. **Variabilidade molecular e sistema de reprodução de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. 2014. 112 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2014.

LIMA, N.E.; CARVALHO, A.A.; MEEROW, A.W.; MANFRINI, M.H. A review of the palm genus *Acrocomia*: Neotropical green gold. **Organisms Diversity & Evolution**, v. 18, n. 2, p. 151-161, 2018. <https://doi.org/10.1007/s13127-018-0362-x>.

LORENZI, G.M.A.C. *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. – Arecaceae: bases para o extrativismo sustentável. 2006. Tese (Doutorado em Ciências Agrárias) – Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, 2006.

LORENZI, G.M.A.C.; PIMENTEL, L.D.; PAULA, S.R. de; NEGRELLE, R.R.B.; PAES, J.M.V. Prospecção da cadeia produtiva dos frutos da palmeira macaúba no estado de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 32, n. 265, p. 7-14, 2011.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Nova Odessa: Plantarum, 1992. 352p.

LORENZI, H. **Flora Brasileira - ARECACEAE (Palmeiras)**. 1 ed. Nova Odessa: Plantarum, 2010. 367p.

MACHADO, A.T. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 9, n. 1, p. 35–50, 2014.

MACHADO, W.; GUIMARÃES, M.F.; LIRA, F.F.; SANTOS, J.V.F.; TAKAHASHI, L.S.A.; LEAL, A.C.; COELHO, G.T.C.P. Evaluation of two fruit ecotypes (*totai* and *sclerocarpa*) of macaúba (*Acrocomia aculeata*). **Industrial Crops and Products**, v. 63, p. 287-293, 2015. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2014.11.002>.

MANFIO, C.E.; MOTOIKE, S.Y.; RESENDE, M.D.V.; SANTOS, C.E.M.; SATO, A.Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, p. 63-68, 2012. Doi: 10.4336/2012.pfb.32.69.63

MANFIO, C.E.; MOTOIKE, S.Y.; SANTOS, C.E.M.; PIMENTEL, L.D.; QUEIROZ, V.; SATO, A.Y. Repetibilidade em características biométricas do fruto de macaúba. **Ciência Rural**, v. 41, n. 1, p. 70-76, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782011000100012>.

MENGISTU, F.G.; MOTOIKE, S.Y.; CAIXETA, E.T.; CRUZ, C.D.; KUKI, K.N. Cross-species amplification and characterization of new microsatellite markers for the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae). **Plant Genetic Resources**, v. 14, n. 3, p. 163-172, 2016. <https://doi.org/10.1017/S1479262115000179>.

MOTA, C.S.; CORRÊA, T.R.; GROSSI, J.A.S.; CASTRICINI, A.; RIBEIRO, A.S. Exploração sustentável da macaúba para produção de biodiesel: colheita, pós-colheita e qualidade dos frutos. **Informe Agropecuário**, v. 32, n. 265, p. 41-51, 2011.

MOTOIKE, S.Y.; CARVALHO, M.; PIMENTEL, L.D.; KUKI, K.N.; PAES, J.M.V.; DIAS, H.C.T.; SATO, A.Y. **A cultura da macaúba: implantação e manejo de cultivos racionais**. 1 ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013. 61p.

MOTOIKE S.Y.; KUKI, K.N. The potential of macaw palm (*Acrocomia Aculeata*) as source of biodiesel in Brazil. **International Review of Chemical Engineering**, v. 1, n. 6, p. 632-635, 2009.

MOTOIKE, S.Y.; NACIF, A.P.; PAES, J.M.V.; Macaúba: História do nascimento de uma cultura. **Informe Agropecuário**, v. 32, n. 265, p. 41-51, 2011.

NASCIMENTO, W.M.O.; GURGEL, F.L.; BHERING, L.L.; RIBEIRO, O.D. Pré-melhoramento do camucamuzeiro: estudo de parâmetros genéticos e dissimilaridade. **Revista Ceres**, Universidade Federal de Viçosa, v. 61, n. 4, p. 538-543, 2014. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201461040013>.

NAVARRO-DÍAZ, H.J.; GONZALEZ, S.L.; IRIGARAY, B.; VIEITEZ, I.; JACHMANIAN, I.; HENSE, H.; OLIVEIRA, J.V. Macauba oil as an alternative feedstock for biodiesel : Characterization and ester conversion by the supercritical method. **The Journal of Supercritical Fluids**, v. 93, p. 130–137, 2014. <https://doi.org/10.1016/j.supflu.2013.11.008>.

NOBRE, D.A.C.; TROGELLO, E.; BORGHETTI, R.A.; DAVID, A.M.S.S. Macaúba (*Acrocomia aculeata*): Palmeira de extração sustentável para biocombustível. **Colloquium Agrariae**, v. 10, n. 2, p. 92-105, 2014. DOI: 10.5747/ca.2014.v10.n2.a112.

PIMENTEL, L.D.; DIAS, L.A.S.; PAES, J.M.V.; SATO, A.Y.; MOTOIKE, S.Y. Diversidade no gênero *Acrocomia* e proposta de subdivisão da espécie *Acrocomia aculeata*. **Informe Agropecuário EPAMIG**, v. 32, p. 81-87, 2011.

PIRES, T.P.; SOUZA, E.S.; KUKI, K.N.; MOTOIKE, S.Y. Ecophysiological traits of the macaw palm: a contribution towards the domestication of a novel oil crop. **Industrial Crops and Products**, v. 44, p. 200-210, 2013. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2012.09.029>.

POETSCH, J.; HAUPENTHAL, D.; LEWANDOWSKI, I.; OBERLÄNDER, D.; HILGER, T. *Acrocomia aculeata* - a sustainable oil crop. **Rural**, v. 21, p. 41-44, 2012.

RUEDA, R.A.P. **Avaliação de germoplasma para melhoramento e a conservação da macaúba**. 2014. 44 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Viçosa, Viçosa, MG, 2014.

SCARIOT, A.; LLERAS, E.; HAY, J.D. Flowering and fruiting phenologies of the palm *Acrocomia aculeata*: patterns and consequences. **Biotropica**, v. 27, n. 2, p. 168-17, 1995. <https://www.jstor.org/stable/2388992>.

SHIMIZU, J.Y.; KAGEYAMA, P.Y.; HIGA, A.R. Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais. **EMBRAPA/URPFCS**, n. 11, p. 33, Curitiba, 1982.

SHIMONA K. Progeny selection: Merits and demerits, procedures, plant breeding. **Botany Library**. Disponível em: <http://www.botanylibrary.com/plant-breeding-2/breeding-methods/progeny-selection/progeny-selection-merits-and-demerits-procedures-plant-breeding/14289>. Acesso em 24 jan. 2020.

SILVA, L.C.C.; LEMOS, R.C.; CARVALHO, C.G.I.; GOOD-GOD, P.I.V.; OLIVEIRA, L.O.; COSTA, M.D.L.C.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M.A. Genetic diversity and structure of macaw palm: implications for genetic variability sampling. **Revista Árvore**, v. 41, n. 5, p. 410508, 2017.

SILVA, T.C. Cruzamentos dirigidos e caracterização de híbridos F1 entre plantas de macaúba. 2019.88f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal Viçosa, Viçosa, MG, 2019.

TEIXEIRA, R.A. **Capacitação em melhoramento genético de plantas no Brasil: situação atual e perspectivas**. 2008. Dissertação (Mestrado em Política Científica e Tecnológica) - Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Geociências, Campinas, SP, 2008.

VAVILOV, N.T. **Theoretical basis of plant breeding**. VIR, St. Petersburg, USSR, 1935.

VIANNA, S.A.; COLOMBO, C.A. Distribuição geográfica de *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd ex Mart. (Arecaceae) em sua região de ocorrência. In I CONGRESSO BRASILEIRO DE MACAÚBA, 2013, Patos de Minas. [**Anais**] Patos de Minas, MG. Consolidação da Cadeia Produtiva. 2013.

VIANNA, S.A.; BERTON, L.H.C.; POTT, P.; GUERREIRO, S.M.C.; COLOMBO, C.A. Biometric characterization of fruits and morphoanatomy of the mesocarp of *Acrocomia* species (Arecaceae). **International Journal of Biology**, v. 9, n. 3, p. 78-92, 2017a. DOI: 10.5539/ijb.v9n3p78.

VIANNA, S.A.; CARMELO-GUERREIRO, S.M.; NOBLICK, L.R.; COLOMBO, C.A. Leaf anatomy of *Acrocomia* (Arecaceae): an additional contribution to the taxonomic resolution of a genus with great economic potential. **Plant Systematics and Evolution**, v. 303, n. 2, p. 233-248, 2017b. <https://doi.org/10.1007/s00606-016-1369-4>.

<http://e-monocot.org/>. Acesso em: 24 de Setembro 2019

<http://www.kew.org/>. Acesso em: 17 de Outubro 2019

<http://www.palmweb.org/>. Acesso em: 23 de Setembro 2019

<http://www.portalmacauba.com.br/>. Acesso em: 19 de Outubro 2019.

<http://www.tropicos.org/Name/2401428?tab=synonyms>. Acesso em: 14 de Outubro 2019



## CAPÍTULO 2

### Seleção de genótipos superiores de Macaúba em teste de progênie

#### 1. INTRODUÇÃO

*Acrocomia aculeata*, popularmente conhecida como macaúba, é uma palmeira frutífera oleaginosa e arborescente (LIMA *et al.*, 2018). Possui ampla distribuição geográfica, sendo considerada espécie cosmopolita no Brasil, onde forma maciços naturais, principalmente nas áreas de Cerrado e Mata Atlântica das regiões Sudeste e Centro-Oeste (LORENZI, 2010). Toda a planta apresenta alguma finalidade, oferecendo uma cadeia produtiva efetivamente sustentável, sendo seu fruto a parte mais visada economicamente.

A crescente demanda mundial por óleo vegetal e por fontes de energia renovável tem na *A. aculeata* uma alternativa por seus elevados teores de óleo no fruto e sua alta produtividade. Segundo Motoike e Kuki (2009) o potencial produtivo da *A. aculeata* é muito similar ao do dendê, com uma produção total de óleo que pode atingir 4.000 L ha<sup>-1</sup>ano<sup>-1</sup> e cerca de 25 mil quilos de frutos por hectare, sendo o produto gerado de alta qualidade e grande valor nutricional (MOTA *et al.*, 2011; NOBRE *et al.*, 2014). Entretanto, em decorrência de sua grande variabilidade fenotípica e genotípica (MANFIO *et al.*, 2012; LANES, 2014; DOMICIANO *et al.*, 2015; COSER *et al.*, 2016; LANES *et al.*, 2016;) a *A. aculeata* - espécie ainda em processo de domesticação - necessita de estudos mais aprofundados relacionados à sua produtividade, para que possa expressar todo seu potencial como nova cultura alternativa ao mercado agrícola (NOBRE *et al.*, 2014).

O objetivo no melhoramento da *A. aculeata* é principalmente a produção de óleo por planta (MANFIO *et al.*, 2011). No processo de domesticação da espécie, a instalação e a manutenção da diversidade no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba/UFV), pertencente à Universidade Federal de Viçosa (UFV), foi a primeira etapa para dar suporte ao programa de melhoramento e de conservação genética da palmeira (LANES, 2014). Desde sua criação em 2007, os materiais existentes no BAG-Macaúba/UFV têm sido avaliados e caracterizados. Até o momento foram obtidos avanços substanciais na caracterização fenotípica e genotípica (fases juvenil e reprodutiva) dos acessos (MANFIO *et al.*, 2012; LANES *et al.*, 2013; LANES, 2014; RUEDA, 2014; COSER *et al.*, 2016; COSTA, 2016).

Atualmente, o programa de melhoramento de macaúba da UFV encontra-se na fase de melhoramento *per se*, estudando cruzamentos direcionados (SILVA, 2019) e estabelecendo testes de progênie. Essencial para impulsionar a fase de seleção de um programa de melhoramento, os testes de progênie são instrumentos importantes para os melhoristas. O teste de progênie tem a finalidade de estimação de parâmetros genéticos e seleção de indivíduos, buscando determinar a magnitude e a natureza da variância genética acessível e potencializando os ganhos genéticos (RESENDE, 2002). O método *restricted maximum likelihood/ best linear unbiased prediction* (REML/BLUP), desenvolvido para o melhoramento de plantas perenes, tem aumentado os ganhos genéticos com seleção (COSTA *et al.*, 2002; RESENDE, 2002; COSTA *et al.*, 2005; MISSIO *et al.*, 2005), por se tratar de um procedimento estimativo, especialmente para dados desbalanceados, predizendo valores genéticos dos indivíduos em testes de progênie (RESENDE, FERNANDES & SIMEÃO, 1999).

O presente trabalho é um dos pioneiros na avaliação de um teste de progênie de macaúba, e acredita-se que será possível encontrar e atestar a superioridade de uma das populações trabalhadas, bem como de alguns genótipos, de modo a selecionar as melhores famílias dentro da progênie mais uniforme.

## **2. OBJETIVOS**

O objetivo deste trabalho foi avaliar um teste de progênie da palmeira macaúba - formado por indivíduos oriundos de duas procedências no estado de Minas Gerais, Luz e Santa Luzia - para a seleção de genótipos promissores com características agronômicas de interesse, em especial àquelas relacionadas à produtividade.

### **2.1. Objetivos específicos**

- ✓ Comparar populações oriundas dos municípios de Luz e Santa Luzia para homogeneidade de características de interesse e selecionar a população mais uniforme;
- ✓ Quantificar a diversidade genética dentro de cada população com base em descritores morfoagronômicos;
- ✓ Identificar genótipos com melhores valores quanto à produção, com ênfase em: precocidade de produção, altura de inserção da primeira espata emitida, número total de

frutos, peso do cacho, peso fresco do fruto inteiro, peso fresco do mesocarpo, peso fresco do endosperma, peso seco do mesocarpo e peso seco do endosperma;

- ✓ Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Condições experimentais

Este trabalho foi desenvolvido em um teste de progênie implantado na Fazenda Experimental de Araponga, localizada na cidade de Araponga - Minas Gerais - nas coordenadas geográficas de 20°39'07.01" S 42°31'43.52" O. Altitude média de 810 metros. O clima de Araponga é quente e temperado, com maior predominância de chuvas no verão, segundo a Köppen e Geiger. A classificação do clima é Cwb e a temperatura média é de 18° C. A média anual de pluviosidade é de 1.357 mm. O teste de progênie encontra-se disposto em uma encosta com cerca de 15% de inclinação.

#### 3.2. Material genético

O experimento do teste de progênie foi implantado em 02/06/2012 e compõem-se de 36 acessos genéticos de famílias de meios-irmãos, 18 oriundos de Luz - MG e 18 de Santa Luzia - MG (Tabela 1). Ambas as populações foram eleitas por mostrarem-se altamente produtivas em relação ao número de frutos e os mesmos apresentarem elevados teores de óleo (comunicação pessoal<sup>1</sup>). Os acessos foram selecionados com base no Índice de Massa Processável de frutos provindos destas duas regiões. Frutos com os maiores índices foram escolhidos e posteriormente suas sementes deram origem às mudas transferidas para campo.

**Tabela 1** - Origem e código de campo dos acessos de macaúba pertencentes ao ensaio de teste de progênie

Origem	Código de campo
Luz - MG	TP1 a TP18
Santa Luzia - MG	TP19 a TP36

<sup>1</sup> Comunicação oral do professor Sérgio Yoshimitsu Motoike da Universidade Federal de Viçosa.

A manutenção da área experimental e o manejo das plantas sempre foram realizados segundo as necessidades e as recomendações para a cultura, de acordo com Pimentel *et al.* (2011).

### 3.3. Características avaliadas

Desde o plantio o material foi monitorado quinzenalmente para os seguintes indicadores morfoagronômicos vegetativos: altura de planta, diâmetro do estipe, área da copa, altura de inserção da primeira espata emitida, número total de espatas emitidas, número de folhas secas, número de folhas verdes e número total de folhas.

A variável altura de planta foi determinada em metros, adotando-se, como critério, a distância entre o coleto da planta e a extremidade distal do estipe (gema terminal), com o auxílio de uma fita métrica atrelada a um cabo extensor. O diâmetro de estipe foi mensurado em centímetros, a um metro acima do coleto, utilizando-se de uma suta dendrométrica. A área de copa foi uma média, em metros, das distâncias longitudinais e transversais da projeção da copa. A altura de inserção da primeira espata emitida refere-se à distância do coleto da planta até a primeira espata que foi emitida pela mesma, em metros. O número total de espatas foi a contabilização do número total de espatas que a planta emitiu durante todo o seu período produtivo na safra 2018/2019. O número de folhas secas refere-se ao número total de folhas senescentes e com coloração amarronzada, computado em valor absoluto (análise visual). O número de folhas verdes refere-se ao total de folhas que possuem coloração clorofiliana, portanto ativas no processo fotossintético, computado em valor absoluto (análise visual). O número total de folhas foi o somatório do número de folhas verdes mais o número de folhas senescentes.

Além dos dados supracitados, para o presente estudo foram coletados, no período de safra, dados da fase reprodutiva, em especial os de produção: número de cachos emitidos por planta, peso fresco do cacho, número de frutos por cacho e precocidade de produção. O número de cachos por planta refere-se ao número total de cachos que a planta emitiu na safra 2018/2019, em valor absoluto. O peso fresco do cacho computa o peso de todo o cacho quando os frutos ainda estão anexados a ráquis, em quilogramas. O número de frutos por cacho contabiliza a quantidade total de frutos anexados a cada cacho. A variável precocidade de produção refere-se à safra em que a planta emitiu sua primeira espata.

Adicionalmente foram coletados aleatoriamente cinco frutos maduros de cada planta para mensuração de massa fresca e massa seca. O material coletado foi processado no

Laboratório de Pós-colheita do Departamento de Agronomia da UFV. Primeiramente este material foi pesado em balança analítica Shimadzu (modelo AUY 220) para obtenção da massa fresca do fruto inteiro. Posteriormente os frutos foram congelados e após dez dias os mesmos foram descascados, despulpados, suas partes foram separadas e pesadas individualmente em balança analítica ATY 224 Shimadzu com capela. Em seguida, o material foi seco em estufa com circulação de ar a 60° Celsius, até a estabilização do peso. Logo depois, foram obtidas as estimativas de matéria seca em balança analítica ATY 224 Shimadzu com capela. Os parâmetros gerados foram: eixo vertical do fruto inteiro, eixo horizontal do fruto inteiro, peso fresco de fruto inteiro, peso fresco do epicarpo, peso fresco do endocarpo, peso fresco do mesocarpo e peso fresco do endosperma, peso seco do epicarpo, peso seco do mesocarpo, peso seco do endocarpo e peso seco do endosperma. As variáveis eixo vertical do fruto inteiro e eixo horizontal do fruto inteiro foram obtidas com o auxílio de um paquímetro digital, em centímetros. O peso fresco do fruto inteiro foi obtido em balança analítica, logo após a colheita do mesmo. As variáveis peso fresco do epicarpo, endocarpo, mesocarpo e endosperma foram obtidos de cada respectiva parte após o congelamento do fruto e sua segmentação, em balança analítica. O peso seco do epicarpo, mesocarpo, endocarpo e endosperma foram mensurados após a secagem completa do material, em balança analítica.

### 3.4. Análise estatística

A progênie foi instalada no campo de acordo com o delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições, sendo uma unidade experimental composta por três plantas, segundo o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + b_j + p_i + e_{ij}$$

Sendo:

$Y_{ij}$  - observação referente ao tratamento  $i$  no bloco  $j$ ;

$\mu$  - média geral (ou constante comum a todas as observações);

$b_j$  - efeito do  $j$ -ésimo bloco, com  $j = 1, 2, \dots, J$ ;

$p_i$  - efeito do  $i$ -ésima progênie, com  $i = 1, 2, \dots, I$ ;

$e_{ij}$  - erro experimental, tal que  $e_{ij} \sim \text{NID}(0; \sigma^2)$ .

Os dados foram analisados com o auxílio dos softwares Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2007), GENES (CRUZ, 2013) e Rbio (BHERING, 2017).

Todas as análises descritivas foram realizadas com o auxílio do software Rbio. Os valores genotípicos foram obtidos, via modelos mistos, por meio do software Selegen, e com

base nesses as análises de diversidade genética foram executadas no software GENES. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo procedimento *Restricted Maximum Likelihood* (REML) a partir de iterações nas equações de modelo misto.

O modelo genético-estatístico do Selegen utilizado para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos foi o número 1 (RESENDE, 2007), com a seguinte descrição:

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

Sendo:

y - vetor de dados;

r - vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a - vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p - vetor dos efeitos de parcela;

e - vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas (X, Z e W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (r, a e p, respectivamente).

Os seguintes componentes foram estimados:

$\hat{\sigma}_a^2$  = variância genética aditiva;

$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  = herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.

$\hat{c}_{parc}^2 = \hat{\sigma}_c^2 (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2)$  = correlação devida ao ambiente comum da parcela;

$A_{cprog} = \sqrt{\hat{h}_{mp}^2}$  = acurácia seletiva de progênies;

$CV_{gi}\%$  = coeficiente de variação genética aditiva individual.

$CV_e (\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \times 100$  = coeficiente de variação experimental;

$CV_r$  = coeficiente de variação relativa;

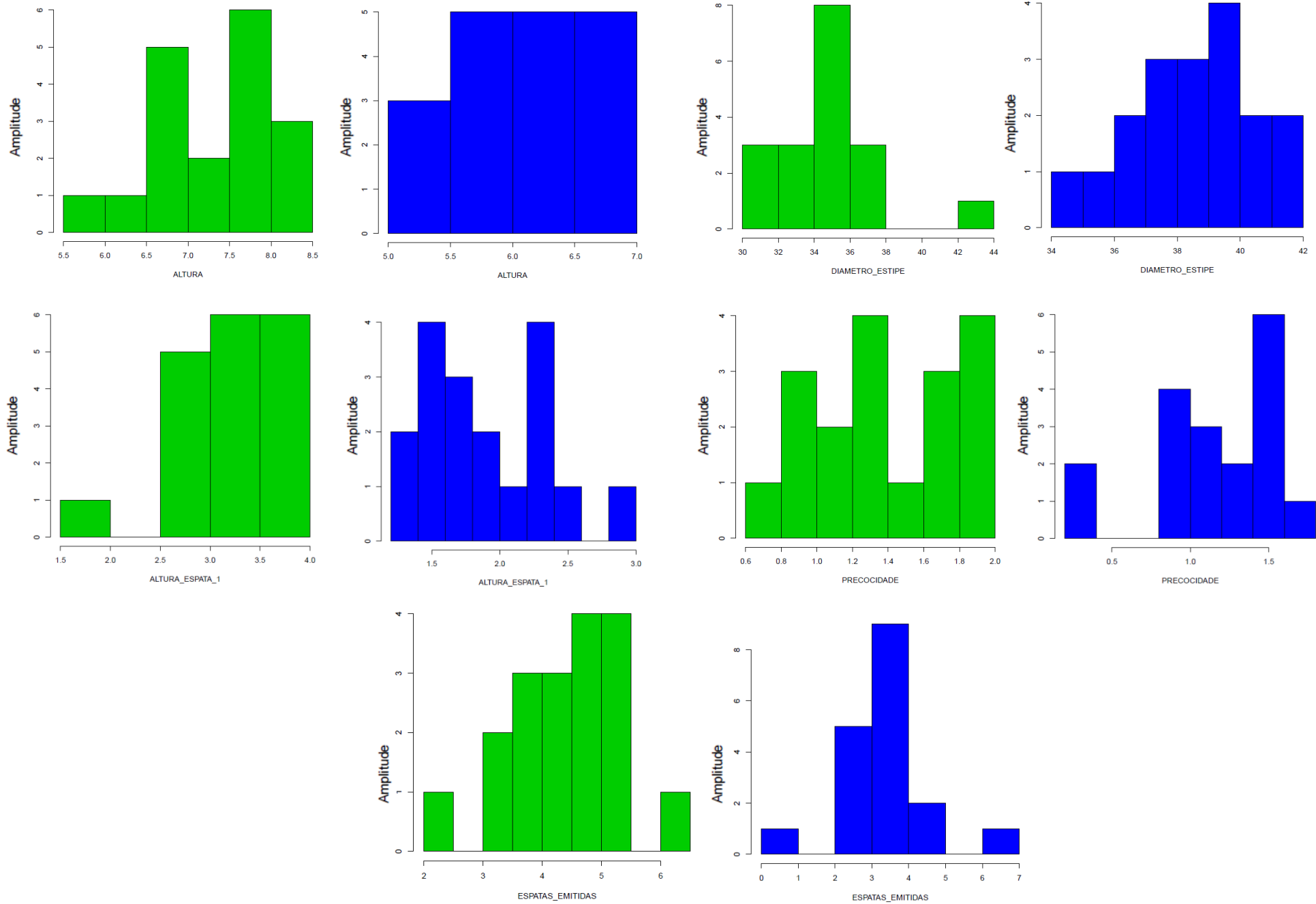
$\mu$  = média geral do experimento.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Homogeneidade das características avaliadas

Variações genéticas e ambientais são responsáveis pelos diferentes fenótipos dentro de um mesmo genótipo. De acordo com Makumburage & Stapleton (2011) os termos uniformidade genética, homogeneidade de característica, robustez do fenótipo ou estabilidade referem-se à capacidade de um genótipo produzir um fenótipo específico, ao invés de um fenótipo variante, independente das variações existentes. A homogeneidade de características é uma variável quantitativa, e como qualquer variável quantitativa, apresenta distribuição entre indivíduos geneticamente divergentes em uma população (LEMPE *et al.*, 2013). Características que apresentam uma maior uniformidade estão sempre associadas a uma menor variação numérica em suas amplitudes.

Dentre as 13 características morfoagronômicas vegetativas mensuradas das duas populações avaliadas, apenas as variáveis de interesse, e de maior importância para o programa de melhoramento de macaúba, foram selecionadas para a avaliação da uniformidade genética (Figura 1, Tabela 2): altura de planta, diâmetro de estipe, altura de inserção da primeira espata emitida, precocidade de produção e número de espatas emitidas. Trabalhou-se, para a realização da análise, com a média aritmética de cada progênie estudada. Informações adicionais sobre as variáveis citadas podem ser encontradas no Apêndice I.



**Figura 1** - Histogramas baseados na média aritmética dos indivíduos das progênies oriundas de Luz - MG (verde) e de Santa Luzia - MG (azul) para as características: altura de planta, diâmetro de estipe, altura de inserção da primeira espata emitida, precocidade de produção e número de espatas emitidas.



**Tabela 2** - Estatística descritiva para as características altura de planta (AP) (m), diâmetro do estipe (DE) (cm), altura de inserção da primeira espata emitida (A1E) (m), precocidade de produção (PREC) (anos) e número de espatas emitidas (EE), baseada na média aritmética das progênes das populações de Luz - MG e Santa Luzia - MG

Origem dos acessos de macaúba										
	Luz					Santa Luzia				
Variáveis	AP (m)	DE (cm)	A1E (m)	PREC (anos)	EE	AP (m)	DE (cm)	A1E (m)	PREC (anos)	EE
<b>Máximo</b>	8,45	43,58	3,91	2	6,33	6,98	41,96	2,98	1,66	6,4
<b>Mínimo</b>	5,90	30,23	1,95	0,75	2,37	5,20	34,53	1,38	0,25	0
<b>Média</b>	7,32	34,75	3,16	1,40	4,41	6,10	38,51	1,91	1,18	3,42
<b>s</b>	0,69	3,00	0,52	0,38	0,97	0,57	2,06	0,44	0,40	1,23

s = desvio padrão.

Tratando-se da espécie *A. aculeata*, para a variável altura de planta, sempre se busca genótipos de porte mais baixo, que facilitem o processo de colheita e permitam o estabelecimento de plantios mais adensados (MANFIO *et al.*, 2011). Ao se comparar os histogramas gerados para as duas populações (Figura 1) pode-se observar que a população de Santa Luzia apresenta uma maior uniformidade para a referida característica, uma vez que seu histograma mostra-se dividido em um menor número de intervalos e com valores de média com menor variação (5,20 a 6,98 m) (Tabela 2). Fato que pode ser confirmado pelo menor valor do desvio padrão (s) da população de Santa Luzia (s = 0,57). O mesmo acontece para a variável diâmetro de estipe, que apresenta valores de média de menor amplitude nos histogramas (34,53 a 41,96 m) e um menor valor para s (2,06). Abordando o caráter altura de inserção da primeira espata emitida, também se busca genótipos com capacidade de emissão de espatas a uma altura menor da estipe, de modo que o processo de colheita seja facilitado. Novamente as progênes de Santa Luzia apresentaram maior uniformidade genética de acordo com seus valores de máximo e mínimo com menor amplitude (1,38 a 2,98 cm) e um menor valor para s (0,44). Já para as variáveis precocidade de produção e número de espatas emitidas a população de Luz apresentou-se mais uniforme, com valores com menor amplitude nos histogramas e para s, 0,38 e 0,97 respectivamente. A evidência empírica sugere que a população de Santa Luzia apresenta plantas mais uniformes quanto a suas características morfológicas, logo, confirma-se por meio da análise anterior, que essa população realmente possui maior uniformidade genética para a maioria das características morfológicas avaliadas.

A uniformidade genética em populações de melhoramento sempre foi uma preocupação para o melhorista (IMAI *et al.*, 2017). De acordo com Schuelter e Schuelter (2019) a necessidade de produzir variedades altamente produtivas levou a uniformização

destas para maioria das culturas agrícolas atuais. Os autores afirmam que a agricultura não teria condições de produzir alimentos para sustentar a humanidade, não fosse a uniformidade das culturas. Esta uniformização é necessária para facilitar a mecanização e colheita dos cultivos. Assim, a obtenção de características mais uniformes sempre foi um dos objetivos do melhoramento genético de plantas, logo, se busca alta homogeneidade nos cultivares modernos. Ao se iniciar um trabalho de melhoramento com uma população que apresente maior uniformidade, os resultados se apresentarão mais rapidamente, com a criação de cultivares homogêneos e produtivos em menor lapso temporal (IMAI *et al.*, 2017; SCHUELTER e SCHUELTER, 2019).

Baseado nos fatos anteriores e considerando as características de interesse para o programa de melhoramento de macaúba da UFV, a progênie de Santa Luzia é a mais indicada para se iniciar cruzamentos, partindo do pressuposto que essa apresenta maior uniformidade genética para as características de interesse, e assim, apresenta maiores chances de originar cultivares em menor número de cruzamentos, agilizando o programa de melhoramento. Portanto, deve-se buscar dentro dessa população materiais bons e divergentes, para que seja possível gerar ganhos contínuos. Porém, a uniformidade genética deve ser buscada com cautela uma vez que essa, no início do programa, contribui para o aprimoramento genético, mas a longo prazo causa erosão genética e diminui o ganho genético por seleção (IMAI *et al.*, 2017).

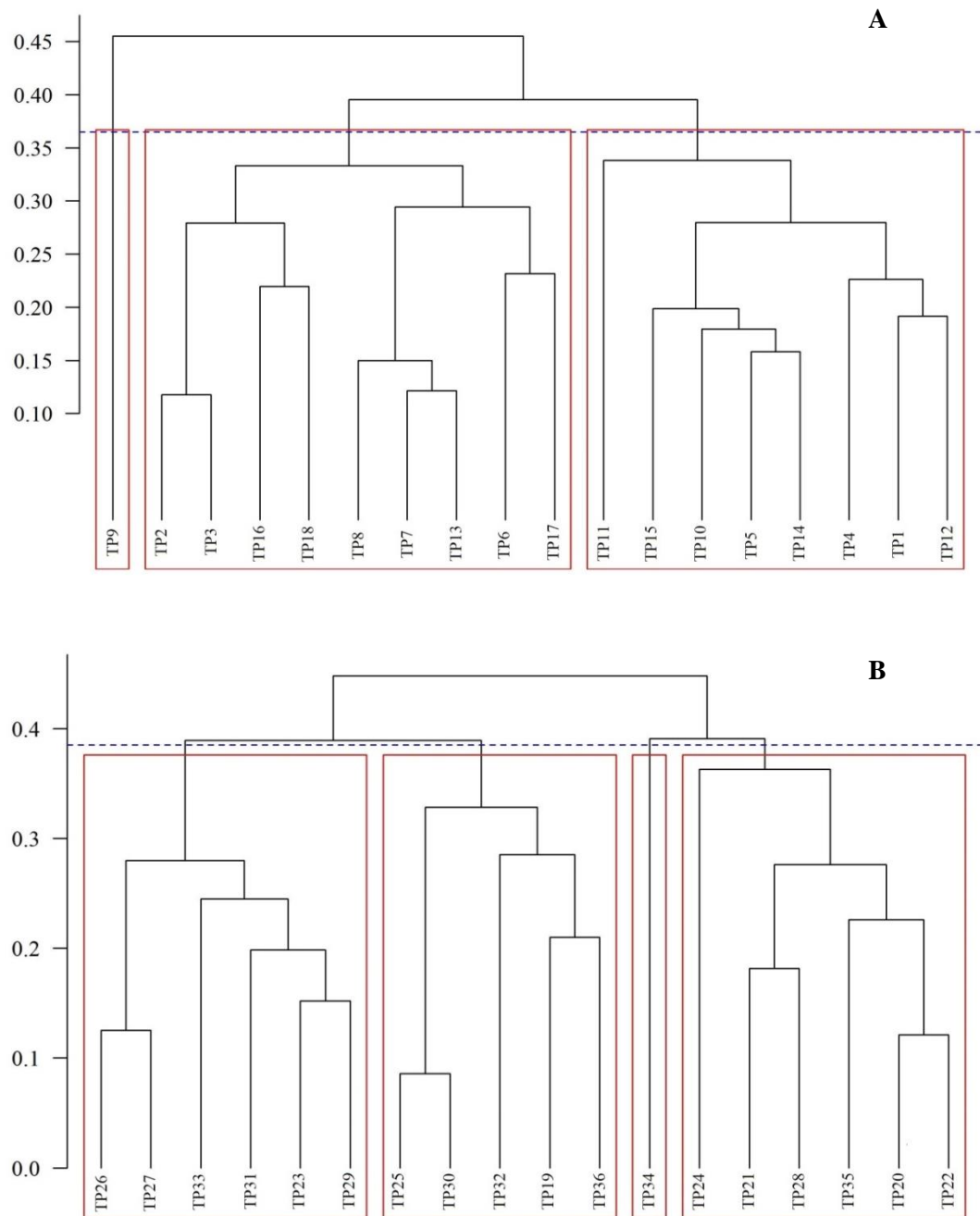
## **4.2. Diversidade genética**

### **4.2.1. Análise das populações isoladas**

Para o estudo da diversidade genética apenas algumas das variáveis mensuradas foram utilizadas devido a presença de multicolinearidade. Trabalhou-se com os seguintes parâmetros: altura de planta, diâmetro de estipe, altura de inserção da primeira espata emitida, precocidade de produção e número de espatas emitidas.

Para as progênies de Luz as dissimilaridades por meio da distância euclidiana média padronizada ( $d$ ) entre os acessos variaram de 0,1174 a 0,7207, com os acessos TP2 e TP3 apresentando o valor mínimo de  $d$  e os acessos TP6 e TP9 o valor máximo. Já para a população de Santa Luzia os valores de  $d$  variaram de 0,0857 a 0,7500, com os acessos TP25 e TP30 apresentando o valor mínimo e os acessos TP25 e TP34 o valor máximo. Também foi

realizada a hierarquização pelo método *Unweighted pair group method using arithmetic averages* (UPGMA) (Figura 2).



**Figura 2** - Dendrograma formado pelo método hierárquico UPGMA para as progênie de *A. aculeata* providas da região de Luz (A) e de Santa Luzia (B). (Imagem gerada pelo software R-R Development Core Team, 2012).

Realizando-se o corte do dendrograma das progênie oriundas da região de Luz (Figura 2A), considerando 88% de dissimilaridade (método de Mojena ( $k=1,25$ )), detectou-se a formação de três grupos. O grupo I englobou apenas a progênie TP9. O grupo II reuniu nove progênie. O grupo III formou-se por oito progênie. Ao se considerar 98% de dissimilaridade

(método de Mojena ( $k=1,25$ )) e realizar o corte do dendrograma gerado para as progênes originárias de Santa Luzia (Figura 2B), detectou-se a formação de quatro grupos (MOJENA, 1977). O grupo I englobou seis progênes. O grupo II reuniu cinco progênes. O grupo III englobou apenas a progênie TP34. O grupo IV reuniu seis progênes.

A existência de variabilidade genética permitiu separar as populações pelo método de otimização de Tocher - baseado na distância euclidiana média padronizada, pois os valores genotípicos foram utilizados como médias - que possibilitou a formação dos grupos apresentados na Tabela 3.

**Tabela 3** - Agrupamento de otimização de Tocher das progênes de *A. aculeata* providas de Luz - MG e de Santa Luzia - MG.

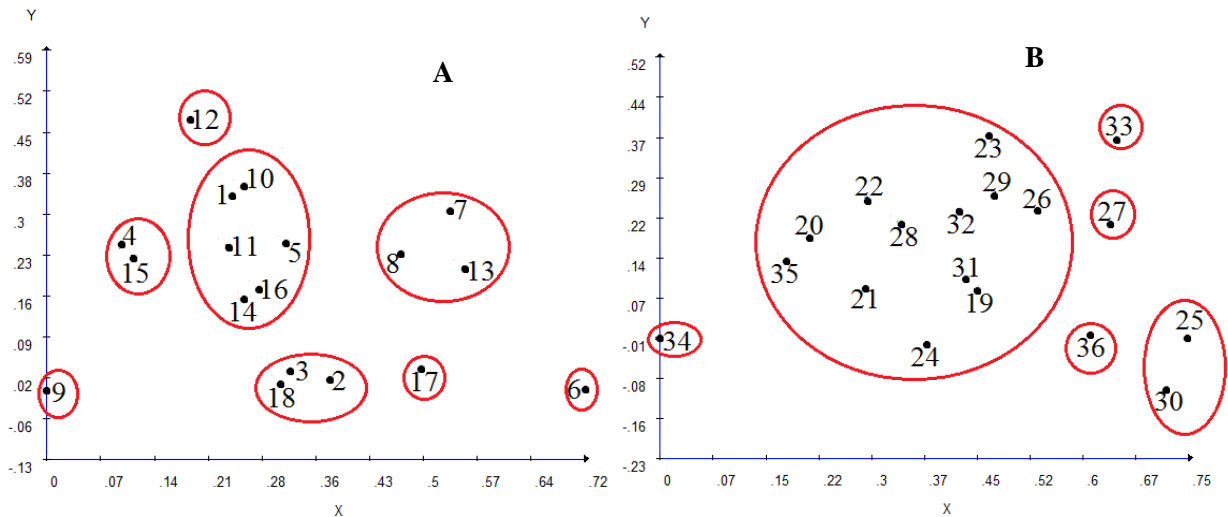
Grupo	Acessos de Luz	Acessos de Santa Luzia
I	TP2 TP3 TP14 TP5 TP10 TP15 TP16 TP8 TP1	TP25 TP30 TP36
II	TP7 TP13 TP17	TP20 TP22 TP35 TP21 TP28
III	TP4 TP12	TP26 TP27 TP29 TP23 TP32 TP33
IV	TP9	TP19 TP31
V	TP11	TP24
VI	TP18	TP34
VII	TP6	

A técnica de otimização de Tocher, para as progênes oriundas da região de Luz, possibilitou a formação de sete grupos. O grupo I englobou o maior número de progênes, totalizando nove famílias. O grupo II foi representado pelas progênes TP7, TP13 e TP17. O grupo III foi composto apenas por TP4 e TP12. Os grupos IV, V, VI e VII constituíram-se por apenas uma família. Já para as progênes providas de Santa Luzia houve a formação de seis grupos. O grupo I englobou três progênes. O grupo II foi representado por cinco famílias. O grupo III foi composto por seis progênes. O grupo IV alocou as progênes TP19 e TP31. Os grupos V e VI formaram-se por apenas uma família.

Analisando os agrupamentos gerados pelos dois métodos pode-se concluir que as técnicas se contradizem em relação ao número de grupos formados e quanto à alocação dos acessos nos grupos. Há concordância ao alocar as progênes TP9 e TP34 em grupos isolados. Manfio *et al.* (2012) avaliou a diversidade genética de 51 progênes de macaúba oriundas de Minas Gerais e de São Paulo para características morfológicas relacionadas ao crescimento e vigor da espécie. Utilizando o método de Tocher, baseado na distância euclidiana média padronizada, a autora obteve a formação de sete grupos. Domiciano *et al.* (2015) estimou a diversidade genética de progênes de macaúba por meio de características morfológicas e

fisiológicas e observou dissimilaridades entre os acessos, agrupando as progênes em três conjuntos. Coser *et al.* (2016) obteve a formação de quatro grupos ao analisar 52 acessos de macaúba em relação às características vegetativas, fenológicas e reprodutivas. Portanto, a diversidade genética existente em populações de macaúba subsidia o programa de melhoramento, com perspectiva de obtenção de êxito na seleção de genitores.

Na figura 3 tem-se a projeção 2D das distâncias entre as progênes das populações de Luz e de Santa Luzia. Esse corrobora com os resultados gerados no método de otimização de Tocher para a população de Santa Luzia, uma vez que claramente ocorreu formação do mesmo número de grupos, porém a alocação de alguns acessos se contradiz.



**Figura 3** - Projeção 2D das distâncias entre os acessos de *A. aculeata* referentes às regiões de Luz (A) e Santa Luzia (B).

De acordo com Cruz (2005) um dos aspectos primordiais de um programa de melhoramento é a diversidade genética, onde se espera obter por meio de recombinações gênicas a complementaridade e a variabilidade indispensáveis para que a seleção seja praticada. Resende (2007) afirma que para se obter alta capacidade específica de combinação ou heterose os indivíduos selecionados, para se proceder com os cruzamentos, devem ter origem em famílias excelentes e estarem classificadas em diferentes grupos. Assim, o cruzamento entre acessos divergentes de macaúba e com alto desempenho podem gerar indivíduos superiores aos parentais, devido à heterose, e identificar os melhores materiais que se completam.

A análise de componentes principais é uma metodologia estatística que transforma um conjunto de variáveis originais em outro conjunto linear de variáveis denominadas de componentes principais. A técnica permite discriminar as principais variáveis pelos mais altos

escores absolutos nos primeiros componentes (SOKAL & ROHLF, 2012). Habitualmente usa-se uma porcentagem predefinida da variação total explicada para decidir quantos componentes principais devem ser retidos, sendo 70 ou 80% da variação total um ponto de corte comum (JOLLIFFE & CADIMA, 2016). Baseado nos resultados obtidos pela técnica de componentes principais, os respectivos autovalores e a variação acumulada em porcentagem estão apresentados na tabela 4.

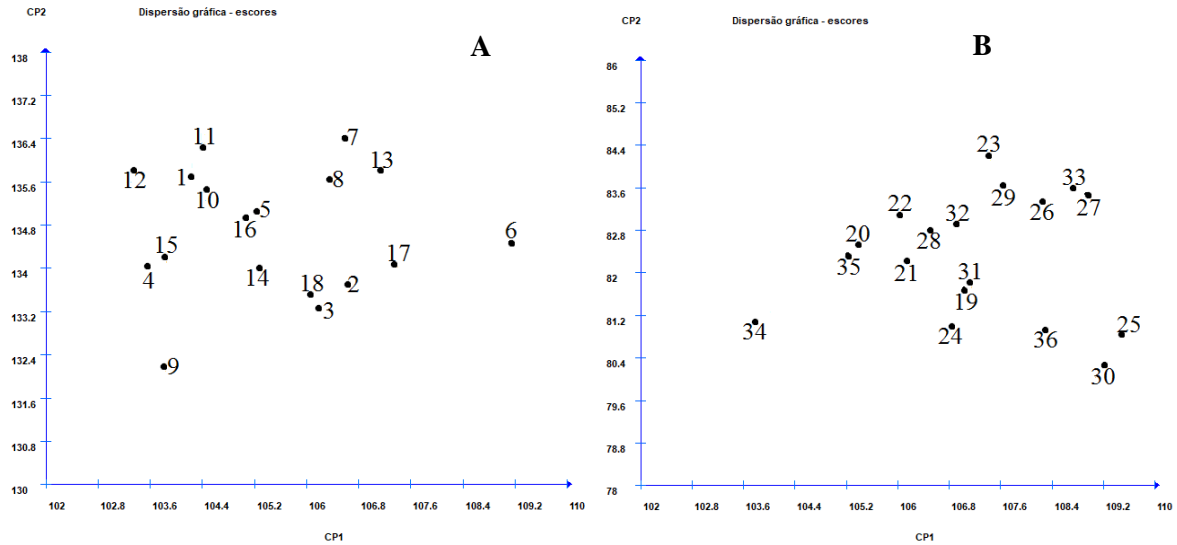
**Tabela 4** - Estimação dos autovalores associados aos componentes principais das cinco características estudadas para as regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.

Componente	Região											
	Luz						Santa Luzia					
	AP	DE	A1E	PREC	EE	VA%	AP	DE	A1E	PREC	EE	VA%
<b>CP1</b>	0,49	-0,28	0,58	0,40	0,41	48,8	0,48	-0,04	0,49	0,55	0,45	45,7
<b>CP2</b>	-0,34	0,56	-0,15	0,49	0,53	75,5	-0,12	0,80	-0,39	0,25	0,33	71,9
<b>CP3</b>	0,55	0,76	0,18	-0,18	-0,21	88,4	0,69	0,19	-0,25	0,14	-0,62	86,8
<b>CP4</b>	-0,21	0,06	0,31	-0,73	0,56	97,9	0,06	0,548	0,66	-0,48	-0,13	94,3
<b>CP5</b>	-0,53	0,13	0,70	0,14	-0,42	100	0,50	-0,10	-0,30	-0,60	0,51	100

AP - Altura de planta. DE - Diâmetro de estipe. A1E - Altura de inserção da primeira espata emitida. PREC - Precocidade de produção. EE - Número de espatas emitidas. VA% - Variação acumulada em porcentagem. CP - componente principal.

Para ambas as populações foram necessários dois componentes principais para explicar satisfatoriamente toda a variação existente, considerando um ponto de corte de 70%. Para a população de Luz, altura de inserção da primeira espata emitida e diâmetro de estipe são as variáveis que representam a maior variação (75,5%). Já para as famílias de origem em Santa Luzia, as variáveis precocidade de produção e diâmetro de estipe apresentaram maior contribuição (71,9%). Coser *et al.* (2016) também utilizaram dois componentes principais para explicar satisfatoriamente toda a variação encontrada (92,55%) ao estudar 52 acessos de macaúba e avaliar cinco variáveis.

A figura 4 exibe o gráfico de dispersão bidimensional obtidos com os valores dos dois primeiros componentes principais para cada população estudada. Para a população oriunda de Luz o componente principal (CP) 1 foi altura de inserção da primeira espata emitida e CP2 foi diâmetro de estipe. Para as progênies de Santa Luzia o CP1 foi precocidade de produção e CP2 foi diâmetro de estipe. Pode-se considerar genótipos similares os genótipos que se situam consistentemente próximos, já os genótipos que consistentemente se situarem graficamente distantes são considerados dissimilares (CRUZ, FERREIRA & PESSONI, 2011). Observa-se tendência de formação de grupos, em ambos os gráficos, relativamente similar aos grupos exibidos na projeção 2D das distâncias (Figura 3).



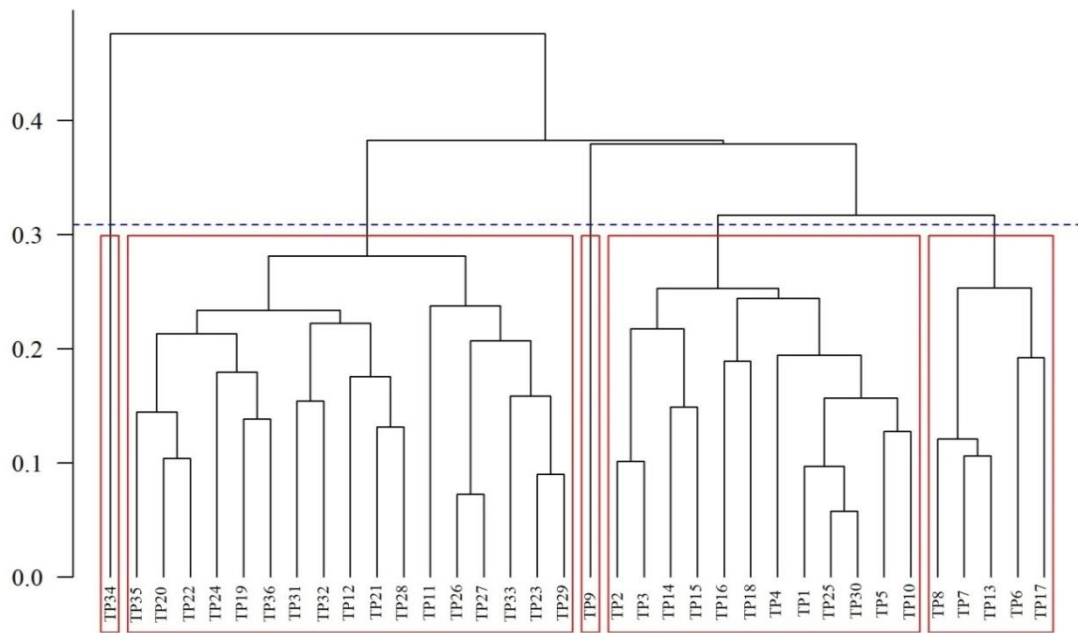
**Figura 4** - Gráfico de dispersão bidimensional obtido com os valores dos dois primeiros componentes principais utilizando os acessos de *A. aculeata* referentes às regiões de Luz (A) e Santa Luzia (B).

#### 4.2.2. Análise das populações em conjunto (*Cluster* das populações)

Considerando as populações de Luz e Santa Luzia como apenas uma, para as mesmas análises supra realizadas, os resultados seguem:

A distância  $d$  entre os acessos variou de 0,0576 a 0,8907, com os acessos TP25 e TP30 apresentando o valor mínimo e os acessos TP6 e TP34 o valor máximo. Para uma avaliação mais precisa da diversidade genética das famílias foi realizada a sua hierarquização pelo método UPGMA (Figura 5).

Realizando-se o corte do dendrograma considerando 78% de dissimilaridade (método de Mojena ( $k=1,25$ )), detectou-se a formação de cinco grupos (Figura 5) (MOJENA, 1977). O grupo I englobou apenas a progênie TP34, de Santa Luzia. O grupo II reuniu 17 progênies, com origens em Luz e Santa Luzia. Já o grupo III formou-se de uma progênie, TP9, provinda de Luz. O grupo IV formou-se de 12 progênies de ambas as regiões. E o grupo V constituiu-se de cinco progênies, todas oriundas da região de Luz.



**Figura 5** - Dendrograma formado pelo método hierárquico UPGMA para o *cluster* dos acessos de *A. aculeata* originários das regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG. (Imagem gerada pelo software R - R Development Core Team, 2012).

O método de agrupamento de Tocher gerou nove grupos (Tabela 5). Os grupos I e II englobaram materiais de ambas as procedências, reunindo 11 e 12 progênies, respectivamente. O grupo III foi composto por 6 progênies. O grupo IV constituiu-se por TP34 e TP35, originárias de Santa Luzia. Os grupos V, VI, VII, VIII e IX formaram-se apenas por uma progênie.

Contrapondo-se aos resultados obtidos por Oliveira *et al.* (2008), Manfio *et al.* (2012) e Conceição *et al.* (2015), que em seus estudos observaram uma tendência de agrupamento de acordo com a origem geográfica, no presente estudo os agrupamentos ocorreram independentemente da origem geográfica do material, considerando que os grupos I e II – os quais englobaram grande quantidade de acessos - constituíram-se de progênies de ambas as procedências. A tendência dos materiais genéticos se agruparem em conjuntos gênicos diferentes pode ser explorada em programas de melhoramento, pois indica a existência de *pools* gênicos distintos, que posteriormente podem ser utilizados em esquemas de hibridações controladas de seleção recorrente recíproca. Esse tipo de comportamento já foi reportado em outras palmáceas, como o açazeiro, segundo Oliveira, Farias Neto & Nascimento (2003).



**Tabela 5** - Agrupamento de otimização de Tocher do *cluster* dos acessos de *A. aculeata* providos de Luz - MG e Santa Luzia - MG

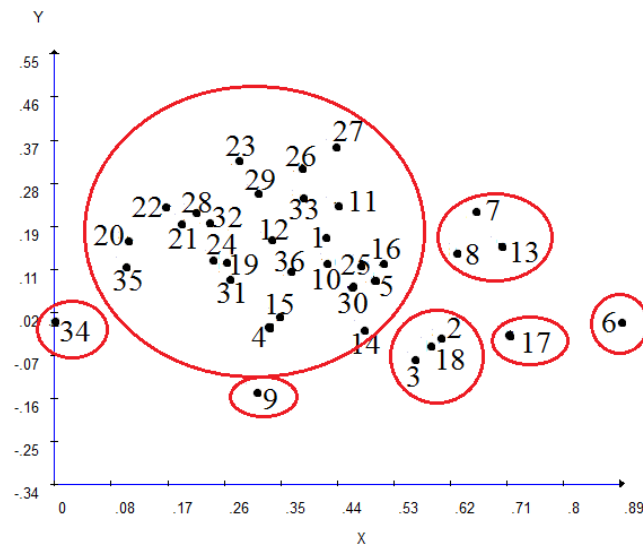
Grupo	Acessos											
I	TP25	TP30	TP1	TP5	TP36	TP10	TP4	TP12	TP16	TP14	TP15	
II	TP26	TP27	TP29	TP23	TP33	TP28	TP32	TP22	TP21	TP19	TP31	TP20
III			TP2	TP3	TP18	TP17	TP8	TP13				
IV					TP34	TP35						
V								TP24				
VI								TP9				
VII								TP11				
VIII								TP7				
IX								TP6				

A projeção 2D das distâncias entre os 36 acessos referentes as regiões de Luz e Santa Luzia exibe a formação de sete grupos (Figura 6). Esse resultado se contrapõe com o agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher, que indicou a existência de nove grupos.

Uma população de espécie alógama, como a macaúba, que esteja em equilíbrio, é constituída prevalentemente por uma mistura de híbridos onde há complementação gênica acentuada entre os indivíduos que se inter cruzam. Assim, o vigor híbrido oriundo da heterose deve ser buscado e mantido em população de cruzamentos melhorada. Neste contexto, espera-se que a seleção de parentais alocados em grupos geneticamente divergentes resulte na criação de uma população com complementação genômica desejável (ARAÚJO *et al.*, 2017). Técnicas de agrupamento, como as mencionadas, propõem cruzamentos que trazem a maior heterose possível de ser obtida. Assim sendo, os resultados obtidos revelam que é possível explorar a complementação gênica existente dentro de cada população, realizando cruzamentos entre indivíduos de grupos diferentes.

De acordo com Reis *et al.* (2004) a existência de variabilidade genética em uma população permite a prática de seleção, com objetivo de reunir alelos favoráveis à característica em que se deseja melhorar. Diversidade genética em uma população é obrigatória para que ocorra mudanças evolutivas, assim essa se torna um elemento imprescindível na elaboração de esquemas de conservação de ecossistemas. Quanto maior for à diversidade genética herdada de características adaptativas, maior será a plasticidade fenotípica exibida pelos indivíduos da população. Também, a diversidade genética é essencial na manutenção das espécies a longo prazo, pois ao se saber como essa diversidade espalha-se dentro e entre populações é possível compreender a história evolutiva e, então, criar estratégias de conservação e manejo

(ARAÚJO *et al.*, 2017). Assim, pode-se concluir que as duas populações de macaúba estudadas apresentam grande diversidade genética, de forma que sua conservação e manejo podem ser facilmente conduzidos.



**Figura 6** - Projeção 2D das distâncias entre os acessos de *A. aculeata* referente ao *cluster* das regiões de Luz e Santa Luzia.

Na análise da divergência genética, considerando um ponto de corte de 70%, os dois primeiros componentes principais explicaram 81,77% da variação (Tabela 6). De acordo com Cruz & Regazzi (1997), caso este limite não fosse atingido nos dois primeiros componentes, a análise deveria ser complementada com a dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes. Altura de inserção da primeira espata emitida foi a variável que ofereceu maior contribuição para distinção entre os acessos, apresentando o maior autovalor para o primeiro componente principal. Em seguida, a característica precocidade de produção apresentou o maior valor para CP2.

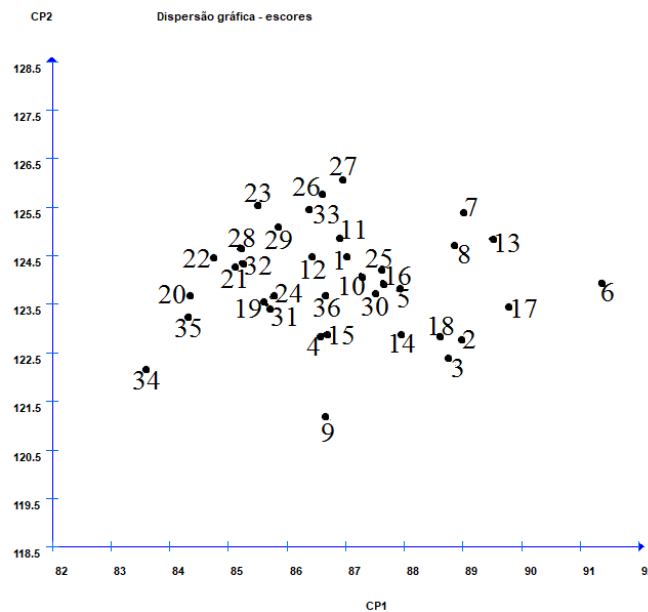
Seguindo o critério sugerido por Cruz & Regazzi (1997), conclui-se que as variáveis de menor importância, no presente estudo, foram na ordem de: número de espatas emitidas e altura de planta. Estas variáveis são dispensáveis ou redundantes, por apresentarem alta correlação com variáveis de maior importância. O interesse na técnica de componentes principais reside na possibilidade de se descartarem caracteres que contribuam pouco para a discriminação dos genótipos avaliados, de modo que se possa reduzir tempo e custos despendidos na experimentação.

**Tabela 6** - Estimação dos autovalores associados aos componentes principais das cinco características estudadas para o *cluster* das populações de Luz -MG e Santa Luzia - MG

Componente	AP	DE	AIE	PREC	EE	Varição acumulada (%)
CP1	0,5043	-0,3955	0,5416	0,3784	0,3908	58,65
CP2	-0,2217	0,5616	-0,166	0,5642	0,5382	81,77
CP3	0,4191	0,2202	-0,128	0,5515	-0,6748	90,67
CP4	0,5001	0,665	0,2822	-0,4689	0,0908	97,48
CP5	-0,5204	0,1938	0,7636	0,1199	-0,3068	100

AP - Altura de planta. DE - Diâmetro de estipe. AIE - Altura de inserção da primeira espata emitida. PREC - Precocidade de produção. EE - Número de espatas emitidas. VA% - Varição acumulada. CP - componente principal.

A figura 7 retrata o gráfico de dispersão bidimensional obtido com os valores dos dois primeiros componentes principais para o *cluster* das regiões estudadas, onde temos CP1 representado pela altura de inserção da primeira espata emitida e CP2 sendo precocidade de produção. Observa-se uma tendência de formação de grupos relativamente similar aos grupos exibidos na projeção 2D das distâncias referente ao *cluster* das populações (Figura 6).



**Figura 7** - Gráfico de dispersão bidimensional obtido com os valores dos dois primeiros componentes principais utilizando os acessos de *A. aculeata* referente ao *cluster* das regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG.

### 4.3. Genótipos com melhores valores para características de produtividade

Baseado nos parâmetros efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético, os dez melhores genótipos para as características precocidade de produção, altura de inserção da primeira espata emitida, número total de frutos, peso do cacho, peso fresco do fruto inteiro, peso fresco do mesocarpo, peso fresco do endosperma,

pesco seco do mesocarpo e peso seco do endosperma, foram selecionados e são apresentados na tabela 7. Na análise dos dez melhores indivíduos, as famílias TP6, TP13 e TP18 figuraram, ao mesmo tempo, entre as dez superiores em seis das nove características selecionadas. Ênfase para a família TP8 que se apresentou no ranking das 10 melhores para todos os caracteres estudados. Deve-se ressaltar que as famílias destacadas são todas originárias da região de Luz - MG.

**Tabela 7** - Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a), ganho genético e nova média para seleção dos 10 melhores indivíduos (Planta), quanto aos caracteres precocidade de produção, altura de inserção da primeira espata emitida, número total de frutos, peso do cacho, peso fresco do fruto inteiro, peso fresco do mesocarpo, peso fresco do endosperma, peso seco do mesocarpo e peso seco do endosperma. Destacado em negrito as famílias que aparecem com maior frequência.

Seleção de Genótipos																							
Precocidade de produção	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Altura da primeira espata emitida	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Peso fresco do endosperma	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média
	1	TP7	3	0,17	1,49	0,17	1,49			2	TP24	3	4,18	6,31	4,18		6,31		1	<b>TP6</b>	<b>5</b>	1,10	3,89
1	TP33	1	0,15	1,47	0,16	1,48		1	<b>TP18</b>	<b>2</b>	2,61	4,74	3,40	5,52		3	<b>TP8</b>	<b>1</b>	1,09	3,88	1,09	3,89	
1	<b>TP6</b>	<b>1</b>	0,13	1,45	0,15	1,47		1	TP7	1	2,39	4,52	3,06	5,19		1	<b>TP13</b>	<b>5</b>	0,96	3,75	1,05	3,84	
1	<b>TP6</b>	<b>2</b>	0,13	1,45	0,14	1,46		2	<b>TP6</b>	<b>2</b>	2,28	4,41	2,87	4,88		2	TP10	1	0,82	3,61	0,99	3,78	
1	<b>TP6</b>	<b>3</b>	0,13	1,45	0,14	1,46		1	<b>TP6</b>	<b>1</b>	2,27	4,40	2,75	4,88		3	TP16	1	0,67	3,46	0,93	3,72	
1	TP7	2	0,12	1,44	0,14	1,46		3	TP3	2	2,15	4,28	2,65	4,78		2	TP1	3	0,60	3,40	0,87	3,66	
1	<b>TP8</b>	<b>3</b>	0,12	1,44	0,13	1,45		1	<b>TP6</b>	<b>2</b>	2,10	4,22	2,57	4,70		3	<b>TP6</b>	<b>4</b>	0,60	3,39	0,83	3,63	
1	<b>TP13</b>	<b>1</b>	0,11	1,43	0,13	1,45		3	<b>TP8</b>	<b>2</b>	2,09	4,22	2,51	4,64		1	TP29	3	0,60	3,39	0,80	3,60	
2	<b>TP13</b>	<b>2</b>	0,11	1,43	0,13	1,45		3	TP9	3	1,70	3,83	2,42	4,55		1	TP1	2	0,59	3,38	0,78	3,57	
3	<b>TP8</b>	<b>3</b>	0,11	1,42	0,13	1,45		1	<b>TP18</b>	<b>1</b>	1,54	3,67	2,33	4,46		2	<b>TP8</b>	<b>1</b>	0,56	3,35	0,76	3,55	
Número total de frutos	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Peso do cacho	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Peso seco do mesocarpo	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média
	3	TP26	1	8,52	35,7	8,52	35,7			3	TP26	1	0,45	2,06	0,45		2,06		1	<b>TP18</b>	<b>5</b>	29,1	40,1
3	<b>TP18</b>	<b>2</b>	6,73	33,93	7,62	34,8		3	<b>TP18</b>	<b>2</b>	0,44	2,05	0,44	2,05		3	TP30	2	17,8	28,8	23,5	34,4	
3	TP29	1	6,10	33,3	7,12	34,3		3	TP30	3	0,36	1,97	0,41	2,03		3	TP2	3	17,5	28,5	21,5	32,5	
3	TP30	3	5,44	32,6	6,70	33,9		3	<b>TP8</b>	<b>3</b>	0,30	1,91	0,38	2,00		3	<b>TP8</b>	<b>3</b>	15,9	26,8	20,1	31,0	
3	<b>TP18</b>	<b>3</b>	4,83	32,0	6,33	33,5		3	<b>TP18</b>	<b>3</b>	0,29	1,91	0,37	1,98		1	TP5	2	15,4	26,3	19,1	30,1	
3	<b>TP8</b>	<b>3</b>	4,72	31,9	6,06	33,2		3	<b>TP8</b>	<b>2</b>	0,26	1,87	0,35	1,96		1	TP5	4	15,1	26,1	18,5	29,4	
2	TP4	3	4,70	31,9	5,86	33,0		2	TP4	3	0,26	1,87	0,34	1,95		2	<b>TP13</b>	<b>4</b>	14,2	25,1	17,8	28,8	
2	TP31	1	3,53	30,7	5,57	32,7		3	TP29	1	0,23	1,84	0,32	1,93		2	TP1	3	13,5	24,5	17,3	28,3	
3	<b>TP8</b>	<b>2</b>	3,23	30,4	5,31	32,5		1	<b>TP18</b>	<b>1</b>	0,18	1,79	0,31	1,92		3	TP23	2	13,4	24,3	16,9	27,8	
1	<b>TP18</b>	<b>1</b>	3,02	30,2	5,08	32,2		2	TP31	1	0,17	1,78	0,29	1,90		2	<b>TP13</b>	<b>2</b>	12,7	23,7	16,5	27,4	
Peso fresco do fruto inteiro	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Peso fresco do mesocarpo	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média	Peso seco do endosperma	Bloco	Família	Árvore	a	(u+a)	Ganho	Nova Média
	3	TP16	1	113,1	169,5	113,1	169,5			2	TP1	3	49,9	75,8	49,9		75,8		3	<b>TP8</b>	<b>1</b>	0,90	3,02
1	<b>TP6</b>	<b>2</b>	99,4	155,8	106,2	162,7		2	<b>TP13</b>	<b>3</b>	47,4	73,2	48,7	74,5		1	<b>TP6</b>	<b>5</b>	0,88	3,00	0,89	3,01	
3	<b>TP6</b>	<b>4</b>	77,8	134,2	96,7	153,2		3	TP16	1	35,5	61,3	44,3	70,1		2	TP10	1	0,71	2,83	0,83	2,95	
2	<b>TP13</b>	<b>4</b>	76,1	132,5	91,6	148,0		1	<b>TP6</b>	<b>2</b>	34,0	59,8	41,7	67,6		1	<b>TP6</b>	<b>2</b>	0,59	2,71	0,77	2,89	
1	<b>TP6</b>	<b>5</b>	75,9	132,4	88,4	144,9		3	TP26	4	32,0	57,9	39,8	65,6		3	<b>TP6</b>	<b>4</b>	0,50	2,63	0,72	2,84	
2	TP8	5	75,8	132,3	86,3	142,8		1	TP5	4	30,7	56,5	38,2	64,1		2	<b>TP8</b>	<b>1</b>	0,49	2,61	0,68	2,80	
2	TP13	3	73,4	129,8	84,5	140,9		2	<b>TP8</b>	<b>5</b>	29,7	55,6	37,0	62,9		1	TP1	2	0,47	2,59	0,65	2,77	
1	<b>TP18</b>	<b>5</b>	66,9	123,4	82,3	138,7		1	<b>TP18</b>	<b>5</b>	29,7	55,5	36,1	62,0		2	TP1	3	0,46	2,58	0,62	2,75	
1	TP5	4	65,2	121,7	80,4	136,8		3	TP2	5	28,5	54,3	35,3	61,1		2	TP1	2	0,41	2,54	0,60	2,72	
3	<b>TP8</b>	<b>3</b>	63,3	119,8	78,7	135,1		3	<b>TP6</b>	<b>5</b>	26,6	52,4	34,4	60,2		1	<b>TP13</b>	<b>3</b>	0,41	2,53	0,58	2,70	

Essas observações evidenciam a possibilidade de se encontrar, dentro dessas famílias, indivíduos que concentram alelos favoráveis para um programa de melhoramento. Segundo Maia *et al.* (2011) a seleção de genitores para cruzamento deve se basear no valor genético aditivo e também na dissimilaridade entre os mesmos, de modo a possibilitar obtenção de novas populações com elevada média e grande variabilidade genética, que será utilizada em um novo ciclo de seleção. A seleção baseada em testes de progênies de meios-irmãos vai explorar toda a variância genética aditiva na seleção realizada entre indivíduos na população como um todo. A seleção dos dez melhores indivíduos trará ganhos nas médias totais que variam de 0,13 ano (Precocidade de produção) até 113,1 g (Peso fresco do fruto inteiro). Esse fato confirma o grande potencial de melhoramento das populações de macaúba.

De acordo com Cruz (2005), uma das etapas essenciais de um programa de melhoramento é a escolha dos indivíduos a serem inter cruzados para formação da população-base, onde o melhorista investirá seus esforços em busca de material genético superior, com qualidade, adaptação e produtividade, sendo observado o desempenho relacionado a vários atributos.

Para Maia *et al.* (2011) espécies capazes de se propagar por meio de multiplicação vegetativa apresentam um fator facilitador para o melhoramento, aumentando as possibilidades de ganho em eficiência do processo seletivo. Ao considerar a seleção individual de plantas superiores e sua clonagem, está se explorando toda variância genética e reproduzindo integralmente seu genoma. As plantas: TP6.1, TP6.2, TP8.1, TP8.2, TP8.3, TP8.5, TP13.3, TP18.2, TP18.3, TP18.5, apresentaram-se com grande frequência na tabela, logo são indicadas para trabalhos posteriores que envolvam propagação vegetativa.

Observando os resultados da tabela 7, sobre a diversidade das progênies e levando em consideração os genótipos destacados, pode-se fundamentar a escolha dos melhores genitores a serem cruzados no programa de melhoramento de macaúba. Considerando diversidade e valor genético indica-se os seguintes cruzamentos: TP6 x TP8, TP6 x TP18, TP6 x TP13, TP8 x TP18 e TP13 x TP18.

#### **4.4. Componentes de variância e parâmetros genéticos**

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres estudados, levando-se em consideração as 36 famílias (populações de Luz e Santa Luzia em conjunto), são apresentados na tabela 8.

**Tabela 8** - Parâmetros genéticos estimados e componentes de variância de 36 famílias de *A. aculeata*, relacionados às variáveis: altura de planta (AP), diâmetro de estipe (DE), área de copa (AC), altura de inserção da primeira espata emitida (A1E), número de folhas secas (NFS), número de folhas verdes (NFV), número total de folhas (TF), precocidade de produção (PREC), número total de espatas emitidas (EE), número de cachos colhidos (CC), número total de frutos colhidos (NTF), peso total dos cachos (PTC), eixo vertical do fruto inteiro (EV), eixo horizontal do fruto inteiro (EH), peso do fruto fresco inteiro (PFFI), peso fresco do epicarpo (PF epicarpo), peso fresco do mesocarpo (PF mesocarpo), peso fresco do endocarpo (PF endocarpo), peso fresco do endosperma (PF endosperma), peso seco do epicarpo (PS epicarpo), peso seco do mesocarpo (PS mesocarpo), peso seco do endocarpo (PS endocarpo) e peso seco do endosperma (PS endosperma).

Variáveis	$\hat{\sigma}_a^2$	$h_a^2$	$c_{\text{parc}}^2$	$A_{\text{cprog}}$	$CV_{\text{gi}}\%$	$CV_e\%$	$CV_r$	$\mu$
AP	2,28	1,32 ± 0,41	0,11	0,87	22,51	10,75	1,04	6,71
DE	24,87	0,95 ± 0,34	0,17	0,81	13,62	8,47	0,80	36,6
AC	0,29	0,92 ± 0,34	0,07	0,83	10,65	6,11	0,87	5,08
A1E	1,46	0,70 ± 0,30	0,08	0,78	56,79	38,76	0,73	2,12
NFS	25,07	0,40 ± 0,22	0,25	0,62	18,37	19,62	0,46	27,24
NFV	2,21	0,15 ± 0,14	0,14	0,47	7,61	12,36	0,30	19,55
TF	35,78	0,32 ± 0,20	0,24	0,58	12,78	15,48	0,41	46,80
PREC	5,04	2,24 ± 0,65	0,12	0,94	35,25	10,16	1,73	6,36
EE	0,05	0,006 ± 0,02	0,15	0,10	5,73	47,08	0,06	3,97
CC	0,01	0,02 ± 0,05	0,29	0,17	42,18	211,55	0,09	0,30
NTF	116,6	0,01 ± 0,03	0,11	0,14	39,70	234,34	0,08	27,19
PTC	0,39	0,01 ± 0,04	0,20	0,14	38,74	234,27	0,08	1,61
EV	34,09	2,28 ± 0,65	0,21	0,93	13,15	4,40	1,49	44,37
EH	23,52	1,92 ± 0,60	0,25	0,90	10,36	4,15	1,24	46,79
PFFI	300,4	1,42 ± 0,51	0,44	0,82	30,70	17,88	0,85	56,45
PF epicarpo	19,6	1,68 ± 0,56	0,35	0,87	36,63	17,78	1,03	12,09
PF mesocarpo	93,08	1,04 ± 0,44	0,52	0,76	37,31	27,58	0,67	25,85
PF endocarpo	2,91	0,44 ± 0,29	0,49	0,60	13,03	14,68	0,44	13,08
PF endosperma	0,23	0,35 ± 0,25	0,37	0,59	17,43	20,36	0,42	2,79
PS epicarpo	5,04	2,24 ± 0,65	0,12	0,94	35,25	10,16	1,73	6,36
PS mesocarpo	27,96	1,41 ± 0,51	0,30	0,86	48,21	24,70	0,97	10,96
PS endocarpo	2,63	0,70 ± 0,36	0,37	0,73	16,04	12,98	0,61	10,11
PS endosperma	0,11	0,38 ± 0,26	0,26	0,65	16,29	16,43	0,49	2,12

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância genética aditiva.  $h_a^2 = h^2$ : herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.  $c_{\text{parc}}^2 = c^2$ : correlação devida ao ambiente comum de parcela.  $A_{\text{cprog}}$ : acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.  $CV_{\text{gi}}\%$ : coeficiente de variação genética aditiva individual.  $CV_e\%$ : coeficiente de variação residual.  $CV_r$  = coeficiente de variação relativa.  $\mu$  = média geral do experimento.

A variabilidade morfoagronômica favorece um programa de melhoramento por se ampliar as opções de escolha de genótipos que tenham características agrônômicas desejáveis. Apenas as características diâmetro de estipe (24,87), número de folhas secas (25,07), número

total de folhas (35,78), número total de frutos colhidos (116,6), eixo vertical do fruto inteiro (34,09), peso fresco do fruto inteiro (300,4), peso fresco do mesocarpo (93,08) e peso seco do mesocarpo (27,96) apresentaram existência de variabilidade genética. Os resultados aqui obtidos, comparados com os trabalhos de Berton (2013) e Domiciano *et al.* (2015), corroboram com o fato que a espécie *A. aculeata* apresenta inconstantes graus de variabilidade genética. A não existência de variabilidade genética para a maioria dos parâmetros morfológicos pode ser devido à pequena amostragem, uma vez que o teste de progênie avaliado contém famílias oriundas de apenas duas regiões de Minas Gerais. De acordo com Manfio *et al.* (2012), a espécie está amplamente distribuída, logo uma amostragem abrangente identificaria diferenças significativas. Segundo Ferreira *et al.* (2012) a existência de variância genética dentro de progênies indica a capacidade de preservação de variabilidade genética, que pode ser explorada no melhoramento por seleção. A constatação da presença de variabilidade genética em uma população permite a prática de seleção, com objetivo de reunir alelos favoráveis à característica em que se deseja melhorar (REIS *et al.*, 2004).

Segundo Mistro (2013), em espécies de reprodução sexuada, sob seleção e posterior recombinação, a herdabilidade no sentido restrito deve ser utilizada, pois considera apenas a variância genética aditiva, que é a fração herdável da variância, sendo essa o que se busca no melhoramento. De acordo com Resende (2002), valores de herdabilidade menores que 0,15 são classificados como “baixo”, valores entre 0,15 e 0,50 são considerados “moderado” e valores maiores que 0,5 são conceituados como “alto”. Ainda, o mesmo autor afirma que para a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica, os valores de herdabilidade individual situam-se em torno de 20%. No presente estudo apenas as variáveis número de espigas emitidas (0,006), número de cachos colhidos (0,02), número total de frutos colhidos (0,01) e peso total dos cachos (0,01) apresentam baixa herdabilidade, porém na sequência das avaliações é possível gerar ganhos genéticos com seleção. Já as variáveis número de folhas secas (0,40), número de folhas verdes (0,15), número total de folhas (0,32), peso fresco do endocarpo (0,44), peso fresco do endosperma (0,35) e peso seco do endosperma (0,38) foram consideradas de nível moderado de herdabilidade. Herdabilidades moderadas estão normalmente relacionadas a dificuldades na seleção em razão da elevada influência de fatores ambientais, contudo valores moderados de herdabilidade aliados a seleção de plantas com características mais favoráveis sugerem que o melhoramento poderá se dar com certo ganho genético. Soh *et al.* (2003) encontraram valores de herdabilidade variando de 22 a 36% para caracteres de produtividade na cultura da palma de óleo, que vem sendo aprimorada há mais



de um século. Todas as outras características avaliadas foram conceituadas com alto nível de herdabilidade, incluindo características de interesse, como altura de planta (1,32), diâmetro do estipe (0,95), altura de inserção da primeira espata emitida (0,70) e peso fresco do fruto inteiro (1,42). Coser *et al.* (2016) também encontrou alta herdabilidade para as características diâmetro de estipe e altura de inserção da primeira espata emitida (0,85 e 0,87, respectivamente). Altos valores de herdabilidade indicam certo grau de controle genético, logo o melhoramento genético da espécie para características morfológicas é possível de ser realizado por meio da seleção de genótipos promissores.

Para Falconer (1987) e Vencovsky & BARRIGA (1992) a função primordial da herdabilidade no estudo genético do caráter métrico é seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético. Ainda para Falconer, a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos. O valor da herdabilidade poderá ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes das variâncias genética e fenotípica. A maioria dos valores para  $h^2_a$  encontrados foram altos ou moderados para as características avaliadas, o que segundo Willis e Orr (1933) é esperado devido à redução do tamanho efetivo ( $N_e$ ) da população. A redução do  $N_e$  tem a capacidade de transformar a variação não aditiva em variação aditiva, logo, essa transformação pode explicar a maior herdabilidade dos traços produtivos (SIMIQUELI *et al.*, 2018).

A correlação devida ao ambiente comum de parcela ( $c^2_{\text{parc}}$ ) é uma medida da qualidade experimental e estima a variação ambiental entre parcelas dentro de blocos. Valores elevados de  $c^2_{\text{parc}}$  significam alta variabilidade entre parcelas, dentro dos blocos, e alta correlação ambiental entre observações, dentro da parcela. Os valores obtidos de  $c^2_{\text{parc}}$  variaram de 0,07, quanto à área de copa, a 0,52, quanto a peso fresco do mesocarpo. Portanto, quase 50% da variação fenotípica total deu-se em razão da variação ambiental entre parcelas dentro dos blocos. Segundo Maia *et al.* (2009), o número de repetições é determinante para reduzir a variância fenotípica entre as médias das progênies.

A raiz quadrada da herdabilidade ao nível de médias resulta nas acurácias seletivas ( $A_{\text{cprog}}$ ).  $A_{\text{cprog}}$  é um parâmetro referente à qualidade das informações e dos métodos utilizados na predição dos valores genéticos. Esse indicador está relacionado à precisão da seleção e se refere à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Quanto mais elevado os valores de  $A_{\text{cprog}}$  na avaliação de uma progênie, maior é a

confiança na avaliação e no valor genético predito para a mesma. Portanto, se destacam os resultados para altura de planta (0,87), precocidade de produção (0,94), eixo vertical do fruto inteiro (0,93), eixo horizontal do fruto inteiro (0,90), peso fresco do epicarpo (0,87), peso seco do epicarpo (0,94) e peso seco do mesocarpo (0,86), que exibiram valores expressivos de acurácia e herdabilidade dos efeitos aditivos, mostrando assim, elevada variabilidade genética aditiva, precisão na identificação e possibilidade de sucesso na seleção de populações. É possível que a mortalidade de indivíduos e a presença de plantas improdutivas, causas do desbalanceamento do experimento, tenham contribuído para as moderadas a baixas acurácias observadas. Assim, o uso de procedimentos estatísticos que lidam naturalmente com o desbalanceamento são recursos adequados no sentido de contornar problemas dessa natureza. Para Resende (2001) plantas com altos valores genéticos preditos, mas com baixa acurácia, devem ser utilizados com ressalvas.

O coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, logo valores de grande magnitude são esperados. De acordo com Alves & Resende (2008) coeficientes de variação genética ( $CV_g$ ) variando de 27% a 88% no contexto de progênie e de 38% a 123% no campo individual revelam ótimas possibilidades para a seleção na população em estudo. Os  $CV_{gi}\%$  apresentaram magnitudes variadas, com valores entre 5,73% (número total de espatas emitidas) e 56,79% (altura de inserção da primeira espata emitida). Esse resultado pode indicar condição favorável para seleção do material em estudo, dependendo da característica em questão. Coser *et al.* (2016) obtiveram valores de  $CV_{gi}$  variando entre 4,48% e 34,79%. Ferreira *et al.* (2019) ao trabalharem com cinco características vegetativas e de produção de *A. aculeata* obtiveram valores de  $CV_{gi}$  entre 9,81% e 3,85%. Manfio *et al.* (2012) obtiveram valores entre 17,56% a 31,26%.

A estatística  $CV_e\%$  (coeficiente de variação experimental) reflete o nível de precisão com que o experimento foi conduzido. Sabe-se que características quantitativas que são muito influenciadas pelo ambiente apresentam, geralmente, valores elevados de CV. Neste trabalho o  $CV_e\%$  foi considerado baixo para quase todas as características (< 50%), demonstrando assim, boa precisão do experimento. Exceções foram as variáveis número total de cachos colhidos (211,15), número total de frutos colhidos (234,34) e peso total dos cachos (234,27), que podem ser justificadas por perdas localizadas de plantas em certas repetições, contribuindo ao aumento do erro experimental. Ferreira *et al.* (2019) obteve valores de  $CV_e$

variando entre 8,71% a 11,82%, enquanto Manfio *et al.* (2012) obtiveram valores entre 11,75% e 18,14%.

O coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ), pode indicar uma situação favorável à seleção, se superior a 1,0 (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), e oferecer inferências com alta acurácia e precisão (RESENDE & DUARTE, 2007). Para os caracteres altura de planta, precocidade de produção, eixo vertical do fruto inteiro, eixo horizontal do fruto inteiro, peso fresco do epicarpo e peso seco do epicarpo, os valores do  $CV_r$  foi superior a 1,0 (1,04, 1,73, 1,49, 1,24, 1,03, 1,73, respectivamente), o que indica grande possibilidade de sucesso com a seleção entre progênies, uma vez que esse coeficiente sugere que a variação genética entre progênies é elevada em relação a variação ambiental. Todas as outras características avaliadas apresentaram  $CV_r$  abaixo de 1, sugerindo uma situação não tão favorável à seleção. Ferreira *et al.* (2019) obteve valores de  $CV_r$  entre 0,56 a 1,31. Manfio *et al.* (2012) obtiveram valores entre 0,97% e 2,66%.

## 5. CONCLUSÕES

A progênie originária da região de Santa Luzia - Minas Gerais - é a mais indicada para se iniciar cruzamentos, por apresentar maior uniformidade genética para as características de interesse, quando se busca a criação de cultivares em um menor número de cruzamentos. Logo, deve-se buscar dentro dessa população materiais bons e divergentes, para que seja possível gerar ganhos contínuos.

As duas populações de macaúba estudadas, sejam isoladas ou em *cluster*, revelam a presença de grande diversidade genética, com formação de grupos independente da origem geográfica do material, mostrando assim, a existência de conjuntos gênicos distintos e que apresentam complementação gênica, fato que pode ser explorado pelo programa de melhoramento.

As famílias TP6, TP8, TP13 e TP18 apresentaram grande performance quanto as características em estudo, apresentando-se com concentração de alelos favoráveis para o programa de melhoramento. Considerando diversidade e valor genético indica-se os seguintes cruzamentos: TP6 x TP8, TP6 x TP18, TP6 x TP13, TP8 x TP18 e TP13 x TP18.

As características avaliadas apresentaram inconstantes graus de variabilidade genética e herdabilidade, grande valores de variação ambiental entre parcelas e magnitudes variadas para  $CV_{gi}\%$ ,  $CV_e\%$  e  $CV_r$ .

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, R.; RESENDE, M.D.V. Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 3, p. 696-701. 2008.
- ARAÚJO, M.R.G.; MELO JÚNIOR, A.F.; MENEZES, E.V.; BRANDÃO, M.M.; COTA, L.G.; DE OLIVEIRA, D.A.; VIEIRA, F.A. Fine-scale spatial genetic structure and gene flow in *Acrocomia aculeata* (Arecaceae): analysis in an overlapping generation. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 71, p. 147-154, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2017.02.005>.
- BERTON, L.H.C. **Avaliação de populações naturais, estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos elite de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. 2013. 154 f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento genético de plantas) - Instituto Agrônômico de Campinas, Campinas, SP, 2013.
- BHERING, L.L. Rbio: A Tool For Biometric And Statistical Analysis Using The R Platform. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 187-190, 2017. <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n2s29>.
- CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S.; ANTONIASSI, R.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; DE FARIA-MACHADO, A.F.; ROGÉRIO, J.B.; DUARTE, I.D.; BIZZO, H.R. Genetic diversity of macauba from natural populations of Brazil. **BMC Research Notes**, v. 8, n. 1, p. 406, 2015.
- COSER, S.M.; MOTOIKE, S.Y.; CORRÊA, T.R.; PIRES, T.P.; RESENDE, M.D.V. Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, 2016. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1072718>.
- COSTA, A.M. **Parâmetros genéticos, diversidade genética e seleção dos acesso de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. 2016. 19 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2016.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; CONTINI, A.Z.; REGO, F.L.H.; ROA, R.A.R.; MARTINS, W.J. Avaliação genética dentro de progênes de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 15, p. 371-376, 2005.
- COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; GONÇALVES, P.S.; ARRUDA, E.J.; OLIVEIRA, L.C.S.; BORTOLETTO, N. Prediction of genotypic values for yield in rubber tree-clone test trials using REML/BLUP procedure. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 4, p. 579-586, 2002.
- CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M., PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011.620p.

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

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa. Editora UFV. 2005. 394 p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 1997. 390 p.

DOMICIANO, G.P.; ALVES, A.A.; LAVIOLA, B.G.; CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S. Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas. **Ciência Rural**, v. 45, n. 9, p. 1599-1605, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140909>.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987, 279 p.

FERREIRA, A.G.C.; CARNEIRO, A.S.; COMBY, A.C.O.; GOMES, E.S.; ROCHA, L.S.; CARVALHO, J.L.R.; SANTOS, A.; LAVIOLA, B.G.; MARANA, J.C.; COSTA, L.T.; RODRIGUES, E.V. Estimativas de parâmetros genéticos em macaúba via modelos mistos REML/BLUP. In. 7º Congresso da Rede Brasileira de Tecnologia de Biodiesel, 2019, Florianópolis. [**Anais**]. Florianópolis, Santa Catarina, 2019.

FERREIRA, C.B.B; LOPES, M.T.G.; LOPES, R.; CUNHA, R.N.V; MOREIRA, D.A.; BARROS, W.S.; MATIELLO, R.R. Diversidade genética molecular de progênies de dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 378-384, 2012.

IMAI, A.; KUNIGA, T.; YOSHIOKA, T.; NONAKA, K.; MITANI, N.; FUKAMACHI, H.; HAYASHI, T.; Genetic background, inbreeding, and genetic uniformity in the national citrus breeding program, Japan. **The Horticulture Journal**, 2017, v. 86, n. 2, p. 200-207, 2017. <https://doi.org/10.2503/hortj.OKD-013>.

JOLLIFFE, I.T.; CADIMA, J. Principal component analysis: a review and recent developments. **Philosophical Transactions. Series A, Mathematical, Physical, and Engineering Sciences**, v. 374, n. 2065, p. 20150202, 2016. <https://doi.org/10.1098/rsta.2015.0202>.

LANES, E.C.M.; MOTOIKE, S.Y.; KUKI, K.N.; RESENDE, M.D.V.; CAIXETA, E.T. Mating system and genetic composition of the macaw palm (*Acrocomia aculeata*): Implications for breeding and genetic conservation programs. **Journal of Heredity**, v. 107, n. 6, p. 527–536, 2016. <https://doi.org/10.1093/jhered/esw038>.

LANES, E.C.M.; NICK, C.; KUKI, K.N.; FREITAS, R.D.; MOTOIKE, S.Y. 2013. Genomic DNA isolation of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) from leaf and stipe tissue samples for PCR analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 3905-3911, 2013. <http://dx.doi.org/10.4238/2013.September.23.9>

LANES, E.C.M. **Variabilidade molecular e sistema de reprodução de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. 2014. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2014.

LEMPE, J.; LACHOWIEC, J.; SULLIVAN, A.M.; QUEITSCH, C. Molecular mechanisms of robustness in plants. **Current opinion in plant biology**, v. 16, n. 1, p. 62-69, 2013. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2012.12.002>.

LIMA, N.E.; CARVALHO, A.A.; MEEROW, A.W., MANFRIN, M.H. A review of the palm genus *Acrocomia*: Neotropical green gold. **Organisms Diversity & Evolution**, v. 18, n. 2, p. 151-161, 2018. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572012005000002>.

LORENZI, H. **Flora Brasileira - ARECACEAE (Palmeiras)**. 1 ed. Nova Odessa: Plantarum, 2010. 367p.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, L.C.; ALVES, R.M.; FILHO, J.L.S.; ROCHA, M.M.; CAVALCANTE, J.J.V.; RONCATTO, G. Análise genética de famílias de meios-irmãos de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 31, n. 66, p. 123, 2011. Doi: 10.4336/2011.pfb.31.66.123.

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTE, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Revista de Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAKUMBURAGE, G.B.; STAPLETON, A.E. Phenotype uniformity in combined-stress environments has a different genetic architecture than in single-stress treatments. **Frontiers in plant science**, v. 2, p. 12, 2011. <https://doi.org/10.3389/fpls.2011.00012>.

MANFIO, C.E.; MOTOIKE, S.Y.; RESENDE, M.D.V.; SANTOS, C.E.M.; SATO, A.Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, p. 63-68, 2012. Doi: 10.4336/2012.pfb.32.69.63

MANFIO, C.E.; MOTOIKE, S.Y.; SANTOS, C.E.M.; PIMENTEL, L.D.; QUEIROZ, V.; SATO, A.Y. Repetibilidade em características biométricas do fruto de macaúba. **Ciência Rural**, v. 41, n. 1, p. 70–76, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782011000100012>.

MISSIO, R.F.; SILVA, A.M.; DIAS, L.A.S.; MORAES, M.L.T.; RESENDE, M.D.V. Estimates of genetic parameters and prediction of additive genetic values in *Pinus kesyra* progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 394-401, 2005.

MISTRO, J.C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (*Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner)**. 2013. 152 f. Tese (Doutorado em Ciências) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP, 2013.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MOTA, C.S.; CORRÊA, T.R.; GROSSI, J.A.S.; CASTRICINI, A.; RIBEIRO, A.S. Exploração sustentável da macaúba para produção de biodiesel: colheita, pós-colheita e qualidade dos frutos. **Informe Agropecuário**, v. 32, n. 265, p. 41-51, 2011.

MOTOIKE S.Y.; KUKI, K.N. The potential of macaw palm (*Acrocomia Aculeata*) as source of biodiesel in Brazil. **International Review of Chemical Engineering**, v. 1, n. 6, p. 632-635, 2009.

NOBRE, D.A.C.; TROGELLO, E.; BORGHETTI, R.A.; DAVID, A.M.S.S. Macaúba (*Acrocomia aculeata*): Palmeira de extração sustentável para biocombustível. **Colloquium Agrariae**, v. 10, n.2, p. 92-105, 2014. DOI: 10.5747/ca.2014.v10.n2.a112.

OLIVEIRA, D.A.; MELO JÚNIOR, A.F., BRANDÃO, M.M., RODRIGUES, L.A., FONSECA, F.S.A., FERREIRA, M.F.M.; SILVA, G.M. Diversidade genética de populações de *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. (Arecaceae) no norte do estado de Minas Gerais. *In IX SIMPÓSIO NACIONAL SOBRE CERRADOS and II SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE SAVANAS*, Planaltina, 2008. [**Anais**]. Brasília, Embrapa Cerrados, 2008.

OLIVEIRA, M.S.P.; DE FARIAS NETO, J.T.; DO NASCIMENTO, W.M.O. Parâmetros genéticos para caracteres germinativos em vinte progênies de açaizeiro promissoras para palmito. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 46, p. 105-114, 2003.

PIMENTEL, L.D.; BRUCKNER, C.H.; MARTINEZ, H.E.P.; TEIXEIRA, C.M.; MOTOIKE, S.Y.; PEDROSO NETO, J.C. Recomendação de adubação e calagem para o cultivo da macaúba: 1ª aproximação. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 32, n. 265, p. 20-31, 2011.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for statistical Computing, Vienna, Austria, 2012. Disponível em: <http://www.r-project.org>. Acesso em: 4 abr. 2019.

REIS, E.F.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782004000300006>.

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, n. 3, p. 182-194, 2007. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/313450>.

RESENDE, M.D.V.; FERNANDES, J.S.C.; SIMEÃO, R.M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 17, p. 209-228, 1999.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. 1º ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento de Espécies Perenes. *In*: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos em melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 357-422, 2001.

RESENDE, M.D.V. Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, p.359, 2007.

RUEDA, R.A.P. **Avaliação de germoplasma para melhoramento e a conservação da macaúba.** 2014. 44 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Viçosa, Viçosa, MG, 2014.

SCHUELTER, A.R.; SCHUELTER, I. **Melhoramento Vegetal:** dos objetivos aos métodos de melhoramento de plantas autógamas e alógamas. Medianeira. 2019. Apostila. 127p.

SILVA, T.C. Cruzamentos dirigidos e caracterização de híbridos F1 entre plantas de macaúba. 2019.88f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal Viçosa, Viçosa, MG, 2019.

SIMIQUELI, G.F.; RESENDE, M.D.V.; MOTOIKE, S.Y.; HENRIQUES, E. Inbreeding depression as a cause of fruit abortion in structured populations of macaw palm (*Acrocomia aculeata*): Implications for breeding programs. **Industrial Crops and Products**, v. 112. p. 652-659, 2018.

SOH, A.C.; GAN, H.H.; WONG, G.; HOR, T.Y.; TAN, C.C. Estimates of within family genetic variability for clonal selection in oil palm. **Euphytica**, v. 133, p. 147-163, 2003. <https://doi.org/10.1023/A:1025582214696>.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. **Biometry: the principles and practice of statistics in biological research.** 2º ed. v. 133. New York, Journal of the Royal Statistical Society. Series A, 2012, 887 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.

WILLIS, J.H.; ORR, H.A. (1993). Increased heritable variation following population bottlenecks: the role of dominance. **Evolution**, v. 47, n. 3, p. 949-957, 1993.



## APÊNDICE I

Estatísticas descritivas para a população de Luz

	<b>AP</b>	<b>DE</b>	<b>A1E</b>	<b>PREC</b>	<b>EE</b>
<b>Mínimo</b>	5,9062	30,2375	1,9583	0,7500	2,3750
<b>Máximo</b>	8,4562	43,5833	3,9180	2,0000	6,3330
<b>1° Quartil</b>	6,7662	33,3984	2,7892	1,1428	3,7812
<b>3° Quartil</b>	7,7059	35,3593	3,5831	1,7187	5,0937
<b>Média</b>	7,3287	34,7573	3,1601	1,4091	4,4173
<b>Mediana</b>	7,4885	34,4360	3,1208	1,3875	4,4285
<b>Soma</b>	13,9181	625,6315	56,8830	25,3652	79,5118
<b>Variância</b>	0,4894	9,0115	0,2707	0,1476	0,9535
<b>Desvio padrão</b>	0,6996	3,0019	0,5203	0,3842	0,9765
<b>Simetria</b>	-0,1187	1,1444	-0,3081	0,0142	-0,1613
<b>Curtose</b>	-0,9235	1,7502	-0,5589	-1,3278	-0,6168

Estatísticas descritivas para a população de Santa Luzia

	<b>AP</b>	<b>DE</b>	<b>A1E</b>	<b>PREC</b>	<b>EE</b>
<b>Mínimo</b>	5,2083	34,5312	1,3833	0,2500	0
<b>Máximo</b>	6,9814	41,9687	2,9833	1,6660	6,4000
<b>1° Quartil</b>	5,5859	37,1312	1,5521	1,0000	2,8392
<b>3° Quartil</b>	6,5659	39,8968	2,2933	1,4860	3,8705
<b>Média</b>	6,1017	38,5148	1,9121	1,1825	3,4210
<b>Mediana</b>	6,2041	38,5541	1,8000	1,2875	3,7010
<b>Soma</b>	109,8322	693,2669	34,4178	21,2859	61,5790
<b>Variância</b>	0,3308	4,2536	0,1980	0,1622	1,5363
<b>Desvio padrão</b>	0,5752	2,0624	0,4449	0,4028	1,2394
<b>Simetria</b>	-0,1105	-0,2223	0,6605	-0,8772	-0,442
<b>Curtose</b>	-1,3972	-0,9490	-0,5180	-0,2515	2,1573