

PAULIANA APARECIDA DA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA E IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS
PROMISSORES QUANTO ÀS CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E DE TEOR DE
ÓLEO DO FRUTO DE MACAÚBA PROVENIENTES DO ESTADO DE MINAS
GERAIS**

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

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike

Coorientadores: Cosme Damião Cruz
Kacilda Naomi Kuki

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

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

T

S586d
2020
Silva, Pauliana Aparecida da, 1994-
Diversidade genética e identificação de genótipos
promissores quanto às características físicas e de teor de óleo do
fruto de macaúba provenientes do estado de Minas Gerais /
Pauliana Aparecida da Silva. – Viçosa, MG, 2020.
39 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.35-39.

1. Macaúba. 2. Diversidade genética. 3. Seleção de plantas -
Melhoramento genético. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 631.52

PAULIANA APARECIDA DA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA E IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS
PROMISSORES QUANTO ÀS CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E DE TEOR DE
ÓLEO DO FRUTO DE MACAÚBA PROVENIENTES DO ESTADO DE MINAS
GERAIS**

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

APROVADA: 16 de março de 2020

Assentimento:


Pauliana Aparecida da Silva
(Autora)


Sérgio Yoshimitsu Motoike
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus pela oportunidade de poder estudar e por me dar força para sempre seguir em frente e não me deixar desistir.

Aos meus pais, Dorinha e Batista, agradecem pela vida e por te me ensinado a vivê-la com dignidade. Aos meus irmãos e familiares pelo incentivo, apoio e força nos momentos difíceis. Aos meus sogros, juntamente com meus cunhados, pela força e incentivo. Sem eles, nada faria sentido.

Um agradecimento especial ao meu companheiro, melhor amigo e exemplo de determinação, Juliano, que sempre me ajudou, me aturou e me deu força. Ele foi essencial para a conclusão dessa etapa em minha vida.

Aos amigos que estiveram ao meu lado na jornada de todo o curso e presentes nas dificuldades e alegrias e que me ajudaram, cada um a sua forma. Obrigada por ouvir, rir e chorar comigo.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pelas oportunidades e por todo crescimento profissional que obtive.

À Acrotech S.A e a Mychelle Carvalho pela assistência fornecido.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, pelo apoio financeiro.

Ao meu orientador Sérgio e ao coorientadores Cosme e Naomi pelos ensinamentos proporcionados.

Aos colegas da “salinha de estudos” do REMAPE e professores, obrigados pelos ensinamentos e puxões de orelhas: tenho me espelhado em muitos de vocês!

E a todos que contribuíram de certa forma para que esse trabalho fosse concluído.

MUITO OBRIGADA !!!

“Desconfie do destino e acredite em você. Gaste mais horas realizando que sonhando, fazendo que planejando, vivendo que esperando... Porque, embora quem quase morre esteja vivo, quem quase vive, já morreu...”

Sarah Westphal.

RESUMO

SILVA, Pauliana Aparecida, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2020. **Diversidade genética e identificação de genótipos promissores quanto às características físicas e de teor de óleo do fruto de macaúba provenientes do estado de Minas Gerais.** Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Kacilda Naomi Kuki.

A macaúba, *Acrocomia aculeata*, é uma palmeira arbórea oleaginosa nativa da América tropical que vem despertando interesse econômico por seu alto rendimento produtivo. Contudo, para atender sua potencialidade agrícola sua domesticação deve ser efetivada, o que permitiria a criação de cultivares que apresentem uniformidade e qualidade na produção de óleo de polpa / amêndoa. Nesse sentido, este trabalho teve por objetivo a caracterização dos frutos de matrizes de macaúba que originaram os acessos estabelecidos no BAG da empresa Acrotech S.A., a fim de colaborar com: (i) o estabelecimento do programa de melhoramento de macaúba e (ii) selecionar os genótipos que reúnam características que atendam às demandas do mercado e dos agricultores, permitindo o estabelecimento da cultura em escala comercial. Foi estudada a diversidade, com o intuito de conhecer a variabilidade genética existente e obter parâmetros necessários para a escolha de genótipos superiores. Foram estudadas 12 características relacionadas com os frutos provenientes de 170 genótipos. Foram estimadas as expectativas de ganho por seleção direta e indireta nos caracteres avaliados, visando à seleção dos genótipos superiores. Os parâmetros genéticos como herdabilidade (h^2) e correlação (r) foram estimados como forma para a garantia do aumento de ganho com a seleção das características alvo. Foi possível realizar a identificação dos genótipos superiores, provenientes da região de Minas Gerais, o que contribuirá para a obtenção de cultivares elites.

Palavras-chave: Macaúba. Diversidade genética. Variabilidade genética.

ABSTRACT

SILVA, Pauliana Aparecida, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2020. **Genetic diversity and identification of promising genotypes regarding physical characteristics and oil content of the macaw palm fruit from the state of Minas Gerais.** Advisor: Sérgio Yoshimitsu Motoike. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Kacilda Naomi Kuki.

Macaúba, *Acrocomia aculeata*, is an oily palm tree native to tropical America that has aroused economic interest due to its high productive yield. However, to meet its agricultural potential, domestication must be carried out, which would allow the creation of cultivars that present uniformity and quality in the production of pulp / kernel oils. In this sense, this work aimed to characterize the fruits of macauba matrices that originated the accesses established in the BAG of the company Acrotech SA, in order to collaborate with: (i) the establishment of the macauba breeding program and (ii) select genotypes that bring characteristics that meet the demands of the market and farmers, enabling the establishment of culture on a commercial scale. Diversity was studied, in order to know the existing genetic variability and obtain necessary parameters for choosing superior genotypes. Twelve characteristics related to fruits from 170 genotypes were studied. The expectations of gain by direct and indirect selection in the evaluated characters were estimated, aiming at the selection of superior genotypes. The genetic parameters such as heritability (h^2) and correlation (r) were estimated as a way to guarantee the increase in gain with the selection of the target characteristics. It was possible to identify the superior genotypes, from the region of Minas Gerais, which will contribute to the obtaining superior cultivars.

Keywords: Macaw palm. Genetic diversity. Genetic variability.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	8
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	9
2.2. Recursos genéticos.....	11
2.3. Diversidade e parâmetros genéticos	12
3. OBJETIVOS.....	15
3.1. Objetivo geral.....	15
3.2. Objetivos específicos	15
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
4.1. Análises Estatísticas	20
4.1.1. Correlação genética e herdabilidade	20
4.1.2. Predição dos ganhos por seleção direta e indireta e seleção de genótipos promissores para cruzamento	21
4.1.3. Estudo da diversidade genética	22
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22
5.1. Estudo da diversidade genética e análise de componentes principais	30
6. CONCLUSÕES.....	34
7. REFERÊNCIAS.....	35

1. INTRODUÇÃO

A macaúba (*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. Ex Martius) é uma palmeira arbórea nativa da América tropical e subtropical, que se destaca por seu alto rendimento produtivo, estimado em 25000 kg.ha⁻¹ de frutos os quais, por sua vez, rendem cerca de 5000 L/ha de óleo ao ano. Em virtude desta característica, a macaúba pode ser matéria prima opcional na produção de óleo vegetal para as indústrias alimentícia, farmaco-cosmética e na produção de biocombustível. Seu uso torna-se sustentável pelo fato de que todos os resíduos provenientes do processamento dos frutos geram coprodutos que agregam valor à cultura (Silva *et al.*, 1986; Wandeck e Justo, 1988). Motoike e Kuki (2009) relataram a semelhança do potencial produtivo da palmeira com o Dendê (*Elaeis guineenses*), que está entre as plantas produtoras de óleo mais importante do mundo (FAO, 2013).

A espécie está distribuída em regiões com altitudes entre 150 a 1000 metros e temperaturas entre 15 e 35°C. É a palmeira oleaginosa de maior distribuição no Brasil, ocorrendo naturalmente em quase todo território nacional, povoando formações morfoclimáticas como Cerrado, Caatinga, Mata Atlântica e Campos de Altitude (Bondar, 1964). Minas Gerais está entre os estados com as maiores populações naturais (Motta *et al.*, 2002; Mota *et al.*, 2011), sendo designado como o centro de origem e diversidade da espécie (Lanes *et al.*, 2015). Em decorrência da ampla distribuição geográfica no Brasil, ela apresenta grande diversidade morfológica e de produtividade de fruto e óleo (Wandeck e Justo, 1988). Esta variabilidade representa um dos pilares que darão suporte à domesticação da palmeira.

A macaúba é explorada de forma extrativista (Wandeck e Justo, 1988); com isso, a domesticação e a criação de cultivares desta planta são essenciais para se estabelecer plantios comerciais competitivos com outras oleaginosas. Nesse cenário, o melhoramento de plantas é crucial, uma vez que permite o desenvolvimento de cultivares com características desejáveis que atendam às demandas do mercado e dos agricultores, permitindo estabelecer a cultura em escala comercial.

Por ser uma cultura incipiente, têm-se poucos estudos genéticos à cerca da produção de óleo de seus frutos. Por conta dessa carência de informações, os bancos ativos particulares de germoplasma - como da empresa Acrotech S.A.- tornam-se fundamentais para a consolidação agrícola da espécie, pois além de conservar a diversidade, constituem fonte de material genético para o melhoramento. A caracterização dos acessos conservados permite estimar parâmetros genéticos de interesse, e assim proceder à seleção de genótipos superiores. Farias Neto *et al.* (2013) ressaltam que o melhoramento genético é dependente da correta escolha dos melhores indivíduos que serão utilizados como genitores, sendo a disponibilidade de estimativas genéticas a base indispensável para o sucesso de um programa de melhoramento.

Diante do exposto, estudos da variabilidade genética tornam-se importantes por contribuírem com o desenvolvimento de um programa de melhoramento da macaúba.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1. O estado da arte do pré-melhoramento / melhoramento da macaúba

A cultura da macaúba encontra-se em estágio de domesticação quando se refere a sua potencialidade agrícola e vocação econômica, necessitando assim, de um amplo estudo sobre a cultura. Para que ocorra a domesticação da espécie, o melhoramento genético se torna uma alternativa a fim de possibilitar adaptações às necessidades humanas.

A domesticação da espécie inclui o melhoramento genético e a implantação de tecnologia e manejo da cultura.

É no pré-melhoramento, umas das fases do melhoramento genético, que se desenvolvem as atividades de exploração, coleta, implantação de bancos de germoplasma (BGs) e a caracterização e conhecimento da diversidade existente na espécie. O conhecimento dos centros de origem (local de origem e evolução da espécie) e de diversidade (local com maior variabilidade da espécie) é de fundamental importância (Vavilov, 1926). A coleta segundo Vencovsky (1987) deve ser a etapa que requer planejamento, onde alguns cuidados e procedimentos precisam ser observados para o sucesso na implantação dos BGs.

Uma vez concretizado, o pré-melhoramento revela genótipos promissores, para introdução na etapa posterior de melhoramento *per se*, e identifica por quais mecanismos - estruturais e funcionais – esses genótipos realmente ganham um melhor desempenho em relação aos outros (Silveira *et al.*, 2013). Para isso é preciso conhecer a variabilidade genética da espécie a ser melhorada.

O marco do melhoramento da macaúba foi a solução do problema com a germinação por Motoike *et. al* (2007). A germinação natural pode levar até dois aos para ocorrer e com essa descoberta, sementes pré-germinadas são

obtidas em 32 dias. Essa tecnologia auxilia na obtenção de cultivares comerciais, contribuindo para o melhoramento.

Estudos da variabilidade genética vem sendo realizados com o intuito de contribuir para o desenvolvimento do programa de melhoramento da macaúba. Costa (2016) e Coser (2016) estimaram os parâmetros relacionados ao controle genético dos caracteres físicos dos frutos, do teor e produção de óleo com o intuito de estudar a diversidade genética, realizar agrupamento e proceder à seleção dos acessos de Macaúba. As duas autoras realizaram os seus estudos em frutos de genótipos que já se encontravam instalados no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG- Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa.

Manfio (2010), estudando a variabilidade genética de 145 matrizes de macaúba provindas de seis diferentes estados brasileiros, observou que houve uma elevada variabilidade entre as matrizes avaliadas para maioria das características mensuradas.

Vários outros estudos indicam o positivismo a cerca do desenvolvimento de programas de melhoramento da macaúba, enfatizando o potencial da cultura. Assim estudos como esses devem ser incentivados, visto que a cultura possa vir a contribuir para a economia da nacional.

2.2. Recursos genéticos

Os estudos a cerca dos recursos genéticos representa uma das áreas mais relevantes para a agricultura brasileira, uma vez que contribuiu

significativamente para os ganhos alcançados ao longo das últimas décadas (Gasques *et al.*,2016). A genética disponível, a ser explorada no processo de melhoramento genético, é influenciada pelo acervo de recursos, que estão conservados e caracterizados em bancos de germoplasma, que são essenciais para o desenvolvimento de novas cultivares.

Um Banco de Germoplasma (BG) promove a variabilidade de forma a suprir as necessidades dos programas de melhoramento com o germoplasma necessários para desenvolver nova cultivares, além de conservar o recurso genético para o uso posterior (Silveira *et al.*, 2013) e assim proceder à seleção de genótipos superiores. Segundo Farias Neto *et al.* (2013) o melhoramento genético depende escolha correta dos melhores indivíduos que posteriormente serão utilizados como genitores, sendo a estimação de parâmetros genéticos a base indispensável para o sucesso de um programa.

2.3. Diversidade e parâmetros genéticos

A diversidade genética é essencial para uma produção agrícola, permitindo assim expressar o potencial da população (Ramalho *et al.*,1996). Segundo Carvalho *et al.* (2003), o conhecimento acerca da divergência genética entre um grupo de genitores é importante em um programa de melhoramento, por possibilitar a predição de cruzamentos onde a heterozigosidade seja alta e que tenha um efeito alto.

Com o estudo da diversidade é possível obter suporte na seleção de genótipos para a melhoria na produção de óleo de macaúba. No entanto, além

de serem divergentes, é desejável proceder com o cruzamento entre materiais que apresentem bom desempenho para garantir o sucesso das progênes (Nascimento *et al.*, 2014).

Segundo Svenning (2001), o clima e a umidade influenciam intimamente os padrões de distribuição, abundância, diversidade e ocorrência das palmeiras ao redor do mundo. Lanes *et al.*, 2014 relatam que a ampla distribuição da macaúba relaciona-se à sua diversidade genética e à variabilidade fenotípica, uma vez que as características ambientais contribuem como pressões seletivas para o surgimento de variabilidade genética

O estudo dos parâmetros genéticos também é de grande relevância para orientação dos programas de melhoramento, uma vez que, dependendo das magnitudes da variância genética, variância ambiental e do coeficiente de herdabilidade da característica, será adotada estratégia e decisão adequada para garantir o aumento do ganho com a seleção das características alvo.

A herdabilidade é a fração da variabilidade fenotípica que se espera ser transmitida aos descendentes, ou seja, expressa a proporção da variação total que é atribuída aos efeitos médios dos genes. O coeficiente de herdabilidade (h^2) pode variar de 0 a 1. Quando h^2 se aproxima de 1 significa que as diferenças fenotípicas entre os indivíduos tendem a ser causadas unicamente por diferença genética entre eles. Caracteres que apresentam baixa herdabilidade demandam maiores cuidados, uma vez que exigem métodos de seleção mais elaborados do que aqueles com herdabilidade alta, quando se almeja obter ganhos genéticos satisfatórios (Falconer, 1981).

A correlação genética entre os caracteres mede o grau de associação linear entre os caracteres, ou seja, quantifica o quanto a seleção de um

caractere influencia a expressão de outro caractere (Falconer, 1981; Cruz *et al.*, 2004). Correlação genética alta implica em dizer que, a alteração em um caráter, via seleção, promove alterações significativas em outros correlacionados com ele (Resende, 2002). O estudo da correlação é importante no melhoramento genético, uma vez que, quando se tem uma previa associação entre os caracteres, pode-se fazer possível a seleção indireta de caracteres de difícil mensuração/ baixas herdabilidades, com base em outros de fácil avaliação, pois apresentam alta herdabilidade, proporcionando dessa forma progressos genéticos e estruturais no programa de melhoramento (Resende, 2002).

Esses parâmetros são importantes no melhoramento, desde o planejamento até a execução, para definição dos métodos de melhoramento; na definição de características a serem melhoradas; na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e na predição de ganhos de seleção.

As estimativas de parâmetros genéticos também são essenciais nos procedimentos de predição de valores genéticos e, portanto, na seleção propriamente dita, permitindo conhecer a estrutura genética da população. Esses estudos podem ser indicativos da existência de variabilidade genética presente na população e auxiliar na predição de ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento (Resende, 2002; Cruz e Carneiro, 2003; Schuster e Cruz, 2004).

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Caracterização dos frutos de matrizes de macaúba que originaram os acessos estabelecidos no BAG da empresa Acrotech S.A.

3.2. Objetivos específicos

- Mensurar a herdabilidade dos componentes do fruto;
- Avaliar a correlação entre os caracteres estudados;
- Predizer os ganhos com a seleção direta e indireta;
- Avaliar a diversidade genética do material.

4. MATERIAL E MÉTODOS

O material analisado constitui um grupo de dados pré-existente, referentes aos frutos coletados no período de outubro de 2013 a fevereiro de 2014, pela equipe da Acrotech S.A. em expedição no estado de Minas Gerais (Tabela 1). As plantas-matrizes foram georreferenciadas no momento da coleta dos frutos e as sementes destes deram origem ao banco de germoplasma vivo da empresa. Foram avaliados 170 genótipos, os quais foram dispostos em um delineamento inteiramente casualizado, com variação de 2 a 4 frutos por planta matriz. Em cada fruto foi mensurado as 12 características avaliadas abaixo:

- Teor de óleo da polpa (TOP);
- Teor de óleo da amêndoa (TOA);

- Peso fresco do fruto (PF);
- Diâmetro radial do fruto (DR);
- Diâmetro axial do fruto (DA);
- Primeira espessura do endocarpo (PED);
- Segunda espessura do endocarpo (SED);
- Índice de massa processada (IMP);
- Peso seco do epicarpo (PSE);
- Peso seco da polpa (PSP);
- Peso seco do endocarpo (PSD);
- Peso seco da amêndoa (PSA).

Após a determinação do peso fresco e determinação dos diâmetros axial e radial, os frutos permaneceram armazenados em temperatura ambiente por 30 dias, para acúmulo pós-colheita de óleo na polpa (Goulart, 2014). Ao fim desse período, procedeu-se com a quebra dos frutos para a separação das estruturas em casca (epicarpo), polpa, endocarpo (para obtenção da primeira e da segunda espessura do endocarpo) e amêndoa. Em seguida as partes foram secas em estufa a 105°C/24 horas e pesadas individualmente em balança de precisão para obtenção da massa seca do epicarpo, da polpa, do endocarpo e da amêndoa.

As avaliações referentes ao teor de óleo da polpa e da amêndoa foram realizadas através de espectrometria de infravermelho próximo - NIR (Varian® FT-IR 660), sendo os espectros obtidos na polpa e na amêndoa de cada fruto.

O Índice de Massa Processada (IMP) foi mensurado por meio da equação: $IMP = \text{diâmetro radial do fruto} - 2 \times \text{segunda espessura do endocarpo}$.

O IMP é um índice utilizado para determinar quantitativamente a área processável do fruto, ou seja, refere ao volume de massa da polpa e da amêndoa.

Tabela 1. Local de coleta/origem dos genótipos de Macaúba do estado de Minas Gerais

Planta	Origem	Ponto GPS	Planta	Origem	Ponto GPS	Planta	Origem	Ponto GPS
58	Taquaraçu de Minas	S: 19° 41' 07,1" W: 43° 46' 41,0"	77	Jaboticatubas	S: 19° 32' 23,1" W: 43° 44' 20,4"	96	Luz - MG	S: 19° 47' 02,6" W: 45° 51' 15,3"
59	Taquaraçu de Minas	S: 19° 41' 07,3" W: 43° 46' 41,9"	78	Jaboticatubas	S: 19° 27' 14,5" W: 43° 43' 09,4"	97	Luz - MG	S: 19° 47' 02,0" W: 45° 51' 13,2"
60	Taquaraçu de Minas	S: 19° 41' 05,9" W: 43° 46' 42,6"	79	Jaboticatubas	S: 19° 27' 19,6" W: 43° 43' 07,3"	98	Luz - MG	S: 19° 47' 05,0" W: 45° 51' 13,6"
61	Taquaraçu de Minas	S: 19° 41' 05,1" W: 43° 46' 24,0"	80	Jaboticatubas	S: 19° 29' 53,1" W: 43° 44' 37,5"	99	Luz - MG	S: 19° 46' 56,6" W: 45° 51' 11,7"
62	Taquaraçu de Minas	S: 19° 40' 39,3" W: 43° 44' 55,0"	81	Jequitibá	S: 19° 10' 33,2" W: 43° 00' 24,2"	100	Lassance - MG	S: 17° 55' 03,1" W: 44° 42' 21,8"
63	Taquaraçu de Minas	S: 19° 40' 38,4" W: 43° 44' 54,4"	82	Jequitibá	S: 19° 10' 32,7" W: 44° 00' 17,9"	101	Lassance - MG	S: 17° 55' 14,5" W: 44° 42' 34,0"
64	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 38,6" W: 43° 43' 54,5"	83	Jequitibá	S: 19° 10' 32,6" W: 44° 00' 16,1"	102	Lassance - MG	S: 17° 55' 13,3" W: 44° 42' 32,9"
65	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 36,2" W: 43° 43' 56,6"	84	Jequitibá	S: 19° 10' 32,8" W: 44° 00' 19,6"	103	Lassance - MG	S: 17° 55' 11,0" W: 44° 42' 23,7"
66	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 36,0" W: 43° 43' 56,9"	85	Jequitibá	S: 19° 10' 31,5" W: 44° 00' 24,0"	104	Lassance - MG	S: 17° 55' 11,4" W: 44° 42' 18,8"
67	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 36,1" W: 43° 43' 56,8"	86	Florestal (Juatuba)	S: 19° 57' 25,5" W: 44° 22' 00,6"	105	Lassance - MG	S: 17° 55' 18,3" W: 44° 42' 18,7"
68	Taquaraçu de Minas	S: 19° 40' 00,1" W: 43° 44' 03,3"	87	Florestal (Juatuba)	S: 19° 57' 26,4" W: 44° 21' 59,3"	106	Lassance - MG	S: 17° 55' 01,2" W: 44° 42' 19,4"
69	Taquaraçu de Minas	S: 19° 40' 00,0" W: 43° 44' 02,7"	88	Florestal (Juatuba)	S: 19° 57' 27,1" W: 44° 21' 57,3"	107	Várzea da Palma - MG	S: 17° 34' 53,6" W: 44° 44' 20,8"
70	Taquaraçu de Minas	S: 19° 40' 25,2" W: 43° 44' 22,7"	89	Florestal	S: 19° 52' 22,8" W: 44° 26' 07,0"	108	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 32' 30,3" W: 45° 43' 25,1"
71	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 57,4" W: 43° 44' 32,7"	90	Florestal	S: 19° 52' 16,3" W: 44° 26' 11,6"	109	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 32' 30,6" W: 45° 43' 25,6"
72	Taquaraçu de Minas	S: 19° 39' 59,2" W: 43° 44' 31,9"	91	Luz - MG	S: 19° 47' 07,7" W: 45° 51' 15,3"	110	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 32' 30,8" W: 45° 43' 24,9"
73	Jaboticatubas	S: 19° 33' 52,4" W: 43° 48' 27,1"	92	Luz - MG	S: 19° 47' 09,5" W: 45° 51' 17,6"	111	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 34' 37,5" W: 45° 42' 59,9"
74	Jaboticatubas	S: 19° 32' 28,6" W: 43° 44' 27,5"	93	Luz - MG	S: 19° 47' 09,5" W: 45° 51' 17,5"	112	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 34' 37,4" W: 45° 42' 59,8"
75	Jaboticatubas	S: 19° 32' 29,9" W: 43° 44' 28,3"	94	Luz - MG	S: 19° 47' 09,5" W: 45° 51' 17,6"	113	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19° 34' 38,4" W: 45° 43' 02,1"
76	Jaboticatubas	S: 19° 32' 24,0" W: 43° 44' 20,1"	95	Luz - MG	S: 19° 47' 03,5" W: 45° 51' 16,0"	114	Itumirim - MG	S: 21° 17' 19,7" W: 44° 49' 18,0"
19	Coração de Jesus - MG	S: 16° 34' 36,3" W: 44° 08' 36,8"	38	Mirabela/Brasília de Minas	S: 16° 20' 47,6" W: 44° 17' 55,5"	57	Taquaraçu de Minas	S: 19° 41' 07,5" W: 43° 46' 40,6"

Planta	Origem	Ponto GPS	Planta	Origem	Ponto GPS	Planta	Origem	Ponto GPS
115	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 36' 04,9"	134	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 16,1"	153	Itumirim	S:21º 17' 17,8"
		W: 45º 40' 33,3"			W: 46º 03' 33,6"			W:044º49'26,6"
116	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 35' 10,7"	135	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 14,6"	154	Itumirim	S:21º 17' 18,0"
		W: 45º 43' 01,1"			W: 46º 03' 49,9"			W:044º49'25,0"
117	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	pai claudiomar	136	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 07,9"	155	Itumirim	S:21º 17' 17,8"
					W: 46º 03' 45,5"			W:044º49'26,8"
118	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 35' 9,4"	137	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 10,7"	156	Itumirim	S:21º 17' 18,5"
		W: 45º 42' 59,6"			W: 46º 03' 51,7"			W:044º49'26,4"
119	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 35' 11,0"	138	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 06,9"	157	Itumirim	S:21º 17' 16,0"
		W: 45º 42' 59,7"			W: 46º 04' 06,2"			W:044º49'35,7"
120	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 35' 12,2"	139	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 04,4"	158	Itumirim	S:21º 17' 16,4"
		W: 45º 43' 01,2"			W: 46º 04' 05,8"			W:044º49'35,5"
121	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 34' 39,9"	140	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 51,8"	159	Itumirim	S:21º 17' 16,7"
		W: 45º 42' 59,1"			W: 46º 03' 38,1"			W:044º49'36,0"
122	Dores do Indaiá - MG	S: 19º 34' 40,5"	141	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 44,0"	160	Itumirim	S:21º 17' 16,8"
		W: 45º 42' 59,8"			W: 46º 04' 10,8"			W:044º49'36,5"
123	Dores do Indaiá - MG	S: 19º 28' 07,6"	142	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 35,7"	161	Itumirim	S:21º 17' 18,0"
		W: 45º 35' 49,2"			W: 46º 04' 37,1"			W:044º49'33,9"
124	Dores do Indaiá - MG	S: 19º 28' 07,7"	143	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 40,0"	162	Lavras	S:21º 15' 53,2"
		W: 45º 35' 47,1"			W: 46º 04' 41,2"			W:044º57'37,7"
125	Dores do Indaiá - MG	S: 19º 28' 06,1"	144	Trevo Amarantina (estrada BH/V)	S: 20º 17' 39,4"	163	Lavras	S:21º 15' 49,2"
		W: 45º 35' 44,5"			W: 43º 42' 35,9"			W:044º57'12,5"
126	Dores do Indaiá - MG	S: 19º 31' 33,2"	145	Dores do Indaiá	S: 19º 36' 03,4"	164	Lavras	S:21º 15' 49,9"
		W: 45º 40' 25,0"			W: 045º36'58,8"			W:044º57'04,8"
127	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 31' 59,9"	146	Dores do Indaiá	S:19º 35' 43,2"	165	Lavras	S:21º 15' 49,6"
		W: 45º 41' 26,1"			W:045º37'20,4"			W:044º57'04,4"
128	Dores do Indaiá - MG (Estrela)	S: 19º 33' 45,5"	147	São João Del Rei	S:21º 04' 08,3"	166	Itumirim	S:21º 17' 20,9"
		W: 45º 42' 15,1"			W:044º18'15,4"			W:044º49'09,9"
129	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 24,2"	148	São João Del Rei	S:21º 04' 08,3"	167	Itumirim	S:21º 17' 38,3"
		W: 46º 02' 52,2"			W:044º18'15,5"			W:044º38'04,1"
130	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 25,4"	149	São João Del Rei	S:21º 04' 07,0"	168	Itumirim	S:21º 17' 39,8"
		W: 46º 02' 54,7"			W:044º18'12,0"			W:044º38'04,7"
131	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 26,1"	150	São João Del Rei	S:21º 04' 07,1"	169	São João Del Rei	S: 21º 09' 22,1"
		W: 46º 03' 08,7"			W:044º18'22,9"			W: 044º15'52,7"
132	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 10,5"	151	São João Del Rei	S:21º 04' 09,1"	170	São João Del Rei	S: 21º 08' 45,6"
		W: 46º 03' 25,6"			W:044º18'24,4"			W: 044º13'47,1"
133	Arapuá - MG (Patos de Minas)	S: 19º 03' 17,7"	152	São João Del Rei	S:21º 04' 09,5"			
		W: 46º 03' 40,7"			W:044º18'18,1"			

4.1. Análises Estatísticas

Para testar a hipótese da existência de variância genética entre os genótipos, foi realizada análise de variância de cada característica no software Genes (Cruz, 2013). O modelo utilizado foi:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}$$

em que:

- Y_{ij} : observação referente a i -ésimo genótipo;
- μ : média geral;
- g_i : efeito aleatório da i -ésimo genótipo sob a influência do ambiente; e
- e_{ij} : efeito do ambiente associado ao valor observado Y_{ij} associado à j -ésima medição na i -ésimo genótipo.

4.1.1. Correlação genética e herdabilidade

A fim de investigar as correlações envolvidas entre os caracteres estudados, as estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson foram obtidas mediante análises de covariâncias, combinando caracteres dois a dois (Cruz e Regazzi, 2004). Para diferenciação das grandezas das correlações, utilizou-se a classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2006) sendo: 0.0 a 0.19 – muito fraca; de 0.20 a 0.39 – fraca; de 0.40 a 0.69 – moderada; de 0.70 a 0.89 – forte e de 0.90 a 1.00, muito forte.

A correlação foi calculada segundo a seguinte fórmula:

$$r_s = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{(\sigma_{gx}^2 \cdot \sigma_{gy}^2)}}$$

sendo:

- r_s : correlação genética;
- PMT_{xy} : produtos médios associados aos efeitos de tratamentos em relação às características x e y ; e
- σ_{gx}^2 e σ_{gy}^2 : estimativa das variâncias genotípicas das características x e y , respectivamente.

A herdabilidade de cada característica, foi estimada por meio da equação:

$$h^2 = \sigma_g^2 / \sigma_f^2$$

Onde:

- h^2 = herdabilidade;

- σ_f^2 = componente da variância fenotípica; e

σ_g^2 = componente da variância genotípica.

4.1.2. Predição dos ganhos por seleção direta e indireta e seleção de genótipos promissores para cruzamento

Foram estimados os ganhos por seleções direta e indireta para todas as características avaliadas. Para as características TOP, TOA, PF, DR, DA, IMP, PSP e PSA a seleção foi no sentido de acréscimo e para PED, SED, PSE e PSD, características relacionadas com epicarpo e endocarpo, a seleção foi no sentido de decréscimo.

Para o cálculo do ganho genético utilizou-se o método apresentado por Vencovsky (1987). Para o ganho por seleção direta, o valor do ganho de seleção em termos percentuais da média (G_S %) foi fornecido pela expressão:

$$G_S \% = 100 (D_s \times h^2) / X_o,$$

em que D_s é o diferencial de seleção; h^2 refere-se à herdabilidade; e X_o é a média da população original.

Para o cálculo por seleção indireta foi utilizada a expressão:

$$G_S Y(X)\% = 100 [D_s Y(X) \times h^2(X)] / X_o$$

em que $G_S Y(X)\%$ é o ganho em porcentagem na característica X (característica secundária), com seleção Y (característica principal); $D_s X(Y)$ é o diferencial de seleção indireta na característica X, com a seleção em Y; $h^2(X)$ é a herdabilidade da característica X; e X_o é a média da população original.

Procedeu-se com a seleção de 17 genótipos (10%) promissores em relação á característica teor de óleo da polpa (TOP).

4.1.3. Estudo da diversidade genética

No estudo da diversidade genética, foi realizada uma análise de agrupamento, considerando a Distância Generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade.

Na delimitação dos grupos, foi utilizado o método Tocher identificar grupos de genótipos.

Procedeu com uma análise multivariada por meio de componentes principais para estudar a contribuição de cada característica estudadas em relação á variação total. Esse estudo baseou na metodologia de Cruz (1997), que se baseia em valores de autovetores e no método de Singh (SINGH, 1981).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância revelou a existência de variância genética significativa, a 1% de probabilidade, para as doze características avaliadas, entre os genótipos coletados no estado de Minas Gerais (Tabela 2). Os valores do coeficiente de variação experimental (CV_{ex}) variaram de 1,58% a 12,01% e estão dentro da faixa considerada aceitável para experimentação em culturas perenes (RESENDE, 2002). Esses valores evidenciam a precisão na obtenção e análise dos dados e atribui confiabilidade aos resultados. Santos *et al.* (2008) atestam que a existência de variabilidade é uma condição essencial e deve ser explorada em um programa de melhoramento, por proporcionar facilidade para diferenciação e combinação entres os genótipos.

O peso seco da amêndoa apresentou o maior coeficiente de variação genética (25,61%), isso significa que existe elevada variação genética,

indicando que a população tem grande potencial para a seleção e obtenção de ganho genético. Farias Neto *et al.* (2013) afirmam que o coeficiente de variação genético expressa a magnitude da variação genética em relação à média da característica, possibilitando a constatação e a quantificação da variabilidade genética presente na população.

Conforme Resende (2002), os valores da herdabilidade podem ser classificados, sendo: baixos - menores que 15%; moderados – 15% a 50%; e altos - maiores que 0,50. As herdabilidades encontradas no presente estudo variaram entre 71,81 % a 97,92 % para todas as características avaliadas, e foram classificadas como sendo de alta magnitude, presumindo um alto controle genético dos atributos do fruto (Tabela 2). Da mesma forma, Manfio (2012) atestou que características de crescimento e desenvolvimento vegetativo de plantas de macaúba de diferentes biomas brasileiros, apresentaram herdabilidade de elevada a moderada magnitude e consideráveis ganhos de seleção. Esta congruência entre resultados é indicativo de que na macaúba existe um forte controle genético das características – vegetativa e reprodutiva. Isso indica que avaliação destas características será importante em etapas mais avançadas dos programas de melhoramento da espécie, dada a possibilidade real de obtenção de ganhos por seleção. Segundo Falconer (1981) a herdabilidade é crucial por ter um papel preditivo, pois expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de modo que quanto maior a herdabilidade maior o ganho genético com a seleção.

As herdabilidades, no sentido restrito, encontradas nos trabalhos de Costa (2016) variaram entre 22% a 46% para todas as características avaliadas, e foram classificadas como sendo de média magnitude, presumindo

um considerável controle genético dos caracteres físicos dos frutos, teor e produção de óleo.

Tabela 2: Análise de variância (ANOVA) e estimativas de parâmetros genéticos

Características	QM _r	CV _{ex} (%)	M	CV _g (%)	h ² (%)
TOP	18,60 **	7,15	60,32	13,81	92,19
TOA	1,84 **	2,10	64,73	2,98	86,46
PF	4,37 **	4,84	43,15	18,65	97,91
DR	0,51 **	1,58	45,12	6,10	97,92
DA	0,70 **	1,90	44,11	6,31	97,22
PED	0,38 **	10,78	5,73	9,67	71,81
SED	0,15 **	9,50	4,12	14,60	88,21
IMP	1,21 **	2,99	36,88	7,15	94,76
PSE	0,24 **	7,13	6,97	21,13	96,52
PSP	0,81 **	8,21	10,96	22,19	95,85
PSD	0,56 **	8,43	8,91	21,07	95,18
PSA	0,06 **	12,01	2,09	25,61	93,50

QM_r: quadrado médio do resíduo; M: média geral; CV_{ex}: coeficiente de variação experimental; CV_g: coeficiente de variação genético; h²: herdabilidade. TOP= teor de óleo da polpa; TOA= teor de óleo da amêndoa, PF= peso fresco do fruto; DR= diâmetro radial do fruto; DA= diâmetro axial do fruto; PED= primeira espessura do endocarpo; SED= segunda espessura do endocarpo; IMP= índice de massa processada; PSE= peso seco do epicarpo; PSP= peso seco da polpa; PSD= peso seco do endocarpo; PSA= peso seco da amêndoa. **Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F.

A correlação genética evidenciou que existe relação linear entre as variáveis (Tabela 3). As características que apresentaram valores de correlação iguais ou superiores a 0,70 podem ser usadas em programas de melhoramento quando se almeja obter ganhos em uma característica pela seleção de outra. O sinal das correlações indica a direção das alterações que a seleção em uma característica poderá causar em outra a ela correlacionada. Portanto, ao se fazer a seleção, com o intuito de identificar os genótipos

superiores, em uma dada característica, deve-se ficar atento às mudanças indesejadas que podem ocorrer em outras, devido à existência de correlação desfavorável entre as mesmas.

As correlações da variável PF com DR, DA e IMP, da variável DR com DA, IMP, PSE e PSP, da variável IMP com PSE e PSP, e da variável PSD com PSA, apresentaram valores de correlação considerados satisfatórios para a seleção indireta. O valor da correlação genotípica de maior magnitude observada foi a que envolveu o IMP e DR (0,907), indicando que é possível aumentar o índice de massa processada por intermédio da seleção indireta para o diâmetro radial.

O estudo da correlação genética entre as variáveis denota o grau de associação entre as mesmas (PIRES *et al.*, 2011), possibilitando ao melhorista recorrer à seleção indireta, quando uma característica for de difícil mensuração ou que apresente uma baixa herdabilidade, por meio da seleção de outra (NASCIMENTO *et al.*, 2014). As características que não apresentaram uma correlação significativa ou de estimativas ditas muito fraca ou fraca, evidenciam a independência entre as variáveis. Portanto, em estudos de divergência genética e processos de seleção, essas características devem ser mantidas.

Dessa forma a seleção de genótipos superiores pode se basear em uma única característica ou em um conjunto de características favoráveis para obtenção de um produto final com atributos superiores. A seleção baseada em uma única característica leva a um produto superior com relação a aquela característica, podendo levar a um desempenho não favorável.

Não foi possível observar um conjunto satisfatório em ganhos nas características avaliadas, uma vez que o interesse era obter acréscimos em TOP, TOA, PF, DR, DA, IMP, PSP e PSA (atributos ligados à produtividade), e decréscimos em PED, SED, PSE e PSD (atributos ligados às camadas de

proteção do fruto), considerando-se a seleção em qualquer uma das características referidas (Tabela 4).

De maneira geral, a seleção direta, proporcionou estimativas de ganhos maiores que a seleção indireta (Tabela 4). Pode-se observar que para obter ganhos em PED, SED, PSE e PSD, variáveis objetivando decréscimos, a segunda forma de conseguir esses ganhos, é fazendo a seleção de forma indireta em SED, PED, PSD e PSE, respectivamente.

A seleção dos 17 genótipos promissores, que foram classificados em ordem favorável em relação à característica TOP (Tabela 5), proporcionou um ganho genético de 21,15%, elevando a média de 60,32% para 74,16%. Isso significa que esses genótipos possuem os melhores desempenhos em relação ao teor de óleo da polpa, sendo os mais indicados para a seleção.

A seleção de genótipos de macaúba de alto desempenho e divergência, para inserção em cruzamentos, resultará em indivíduos superiores em relação aos seus genitores (Nascimento *et al.*, 2014).

Tabela 3: Estimativas de correlação genética para 12 caracteres fisiológicos, relacionados aos frutos, dos genótipos de *Acrocomia aculeata*.

Característica	TOP	TOA	PF	DR	DA	PED	SED	IMP	PSE	PSP	PSD	PSA
TOP	1	0,022 ^{ns}	-0,089 ^{ns}	0,051 ^{ns}	0,176*	0,097 ^{ns}	-0,051 ^{ns}	0,075 ^{ns}	-0,014 ^{ns}	0,243**	0,112 ^{ns}	0,106 ^{ns}
TOA		1	-0,116 ^{ns}	-0,068 ^{ns}	-0,065 ^{ns}	-0,187*	-0,053 ^{ns}	-0,047 ^{ns}	-0,173*	-0,037 ^{ns}	-0,001 ^{ns}	0,211**
PF			1	0,866**	0,817**	0,289**	0,358**	0,733**	0,664**	0,669**	0,565**	0,400**
DR				1	0,783**	0,305**	0,275**	0,907**	0,777**	0,782**	0,679**	0,535**
DA					1	0,336**	0,305**	0,671**	0,555**	0,665**	0,543**	0,401**
PED						1	0,487**	0,100 ^{ns}	0,247**	0,225**	0,424**	-0,019 ^{ns}
SED							1	-0,156*	0,168*	0,152*	0,358**	-0,045 ^{ns}
IMP								1	0,725**	0,737**	0,541**	0,570**
PSE									1	0,648**	0,522**	0,395**
PSP										1	0,467**	0,411**
PSD											1	0,700**
PSA												1

TOP: teor de óleo da polpa; TOA: teor de óleo da amêndoa, PF: peso fresco do fruto; DR: diâmetro radial do fruto; DA: diâmetro axial do fruto; PED: primeira espessura do endocarpo; SED: segunda espessura do endocarpo; IMP: índice de massa processada; PSE: peso seco do epicarpo; PSP: peso seco da polpa; PSD: peso seco do endocarpo; PSA: peso seco da amêndoa. ns,** e *: não significativo, significativo a 1 e 5 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste T.

Tabela 4: Respostas esperadas às seleções direta e indireta nos genótipos de *Acrocomia aculeata* tendo como base as características do fruto estudadas.

Característica principal	Ganhos de seleção diretos e indiretos (%)											
	Característica secundária											
	TOP	TOA	PF	DR	DA	PED	SED	IMP	PSE	PSP	PSD	PSA
TOP	21,65 ⁽¹⁾	0,18	0,17	1,78	3,68	0,11	0,61	1,97	2,27	10,43	9,17	6,8
TOA	1,12	4,97 ⁽¹⁾	1,78	2,02	1,28	-2,77	-2,33	2,96	0,07	5,08	2,33	15,31
PF	-8,45	-1,6	38,86 ⁽¹⁾	9,62	9,21	2,21	6,75	9,78	28,58	25,67	16,15	12,93
DR	0,86	-0,66	34,12	11,3 ⁽¹⁾	9,96	4,10	7,92	11,48	26,96	38,66	20,58	20,83
DA	0,56	0,69	30,47	8,94	11,89 ⁽¹⁾	3,55	5,95	9,17	20,21	29,18	16,34	18,75
PED	-4,71	0,41	-3,84	-2,18	-2,51	-12,58 ⁽¹⁾	-10,49	-0,04	-4,53	-6,85	-13,00	0,44
SED	2,67	0,8	-10,6	-2,01	-2,57	-6,81	-16,84 ⁽¹⁾	1,71	7,61	3,62	-9,95	10,66
IMP	2,14	-0,11	27,71	10,58	9,2	0,19	1,88	12,1 ⁽¹⁾	23,55	32,9	16,05	20,38
PSE	0,65	0,13	-17,30	-7,51	-4,93	-1,69	0,13	-8,94	-34,65 ⁽¹⁾	-27,32	-17,21	-21,77
PSP	2,83	-0,72	30,10	9,99	9,44	4,94	7,43	10,05	24,02	44,62 ⁽¹⁾	21,45	21,10
PSD	1,39	0,08	-17,39	-5,78	-5,41	-4,51	-6,30	-5,33	-12,41	-10,42	-28,83 ⁽¹⁾	-23,99
PSA	4,33	0,3	13,79	5,41	4,06	-0,70	-2,96	7,15	15,58	15,18	28,90	48,19 ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Valores representam ganhos com a seleção direta

TOP= teor de óleo da polpa; TOA= teor de óleo da amêndoa, PF= peso fresco do fruto; DR= diâmetro radial do fruto; DA= diâmetro axial do fruto; PED= primeira espessura do endocarpo; SED= segunda espessura do endocarpo; IMP= índice de massa processada; PSE= peso seco do epicarpo; PSP= peso seco da polpa; PSD= peso seco do endocarpo; PSA= peso seco da amêndoa.

Tabela 5: Classificação dos 17 melhores genótipos de Macaúba seguida das novas médias para cada característica estudada resultante da seleção na característica teor de óleo da polpa (TOP)

Ordem	Genótipos	MÉDIAS											
		TOP	TOA	PF	DR	DA	PED	SED	IMP	PSE	PSP	PSD	PSA
1	91	79,36	66,5	41,54	46,12	46,95	6,21	3,62	38,89	7,54	12,59	10,29	2,93
2	98	77,33	67,12	46,42	48,2	49,74	5,76	3,44	41,33	7,34	11,98	12,99	3,5
3	1	76,28	63,49	53,1	49,52	46,51	5,92	4,22	41,09	6,72	15,23	12,19	2,67
4	35	75,71	68,74	46,29	46,49	44,25	5,3	3,91	38,68	8,48	11,87	9,36	2,4
5	143	75,57	59,5	40,49	42,15	46,07	6,74	4,85	32,45	5,37	8,8	8,93	1,63
6	113	75,35	64,74	35,82	40,46	45,4	5,55	4,07	32,33	5,65	10,16	5,53	1,12
7	39	75,12	64,01	35,41	44,58	45,27	5,07	4,11	36,37	5,61	11,41	8,24	2,12
8	120	75,01	63,34	37,06	42,25	45,41	5,63	4,2	33,85	6,33	9,65	8,76	1,89
9	133	74,13	64,63	49,51	46,75	43,35	6,49	5,05	36,65	6,11	13,4	9,52	1,63
10	54	73,51	61,92	36,05	45,18	44,41	5,23	3,8	37,58	9,51	10,59	6,47	1,7
11	134	73,27	65,96	50,12	45,41	45,94	5,09	4,18	37,05	6,67	10,77	12,32	2,68
12	92	73,22	62,65	51,18	51,39	48,7	6,59	4,84	41,71	10,42	17,01	12,59	2,39
13	136	72,85	65,66	43,23	44,38	45,56	6,05	4,98	34,43	5,68	10,00	9,31	1,68
14	97	71,28	67,92	50,18	49,42	48,14	4,82	3,73	41,95	7,31	15,05	7,6	2,66
15	126	71,19	64,85	43,57	44,55	46,72	6,09	4,14	36,27	5,85	11,59	9,12	1,89
16	58	71,18	66,15	48,96	48,12	45,74	5,2	4,11	39,91	7,83	13,33	11,74	2,53
17	16	70,31	63,99	38,72	44,73	43,43	6,21	4,03	36,67	7,14	10,05	9,33	2,01

TOP= teor de óleo da polpa; TOA= teor de óleo da amêndoa, PF= peso fresco do fruto; DR= diâmetro radial do fruto; DA= diâmetro axial do fruto; PED= primeira espessura do endocarpo; SED= segunda espessura do endocarpo; IMP= índice de massa processada; PSE= peso seco do epicarpo; PSP= peso seco da polpa; PSD= peso seco do endocarpo; PSA= peso seco da amêndoa.

5.1. Estudo da diversidade genética e análise de componentes principais

A análise de agrupamentos dos 170 genótipos de macaúba através do método de Tocher resultou na formação de seis grupos distintos (Tabela 6). O primeiro grupo (G1) reuniu, 90,59% dos genótipos. Oito foram agrupados em G2 (4,71%), quatro em G3 (2,35%), dois em G4 (1,18%) e um em G5 e G6 (0,59%). Coser (2016), em seu trabalho com características vegetativas e reprodutivas da macaúba obteve a formação de 4 grupos e observou que, mesmo com a alta similaridade entre os genótipos coletados em Minas Gerais, dois se destacaram, formando um grupo separado. Segundo a autora, tal fato ressalta a existência de subpopulações entre os acessos de Macaúba coletados, reforçando a alta diversidade genética entre os acessos coletados no Estado. Esses resultados evidenciam a existência da grande variabilidade genética presente na cultura da macaúba.

Tabela 6: Análises de agrupamento de 170 genótipos de macaúba estabelecidos pelo método de Tocher com base na Distância Generalizada de Mahalanobis

Grupos	Acessos
G1	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 47 48 49 50 51 52 53 55 56 57 58 59 60 61 62 63 64 65 66 67 68 69 70 71 72 73 74 75 76 77 78 79 80 81 82 83 84 85 86 87 88 90 91 93 94 95 97 98 99 100 101 102 103 104 106 107 108 109 110 111 112 113 115 116 117 118 119 120 121 122 123 126 127 128 129 130 131 132 133 134 135 136 137 138 139 140 141 142 143 145 146 147 148 149 150 153 154 155 156 157 158 159 160 161 162 164 165 166 169
G2	114 125 144 151 152 163 167 168
G3	89 92 96 54
G4	105 170
G5	124
G6	46

A maior distância observada foi de 805,05 entre os genótipos 74 e 163, e a menor foi de 6,59 entre os genótipos 6 e 20. A distância média entre os genótipos foi de 159,47. E, assim como o estudo de Domiciano *et al.*, (2015) que estimou a diversidade genética através de informações morfológicas e fisiológicas, nosso resultado revela que os genótipos de macaúba de Minas Gerais apresentam dissimilaridade. Segundo Cruz *et al.*, (1994) este aspecto representa característica fundamental para a escolha dos genitores a serem utilizados nos cruzamentos, pois é indicativo da expressão heterótica nas progênes, o que aumenta a possibilidade de obtenção de indivíduos superiores.

As análises de componentes principais foram capazes de distinguir a importância de cada variável em relação à variação total (Tabela 7). Com base nos resultados obtidos, os respectivos autovetores e porcentagens da variância explicada por cada um dos componentes estão apresentados na Tabela 6. Os quatro primeiros componentes foram responsáveis por 78,543 % da variação total. O CP1 foi responsável por 46,478% da variação dos dados, CP2 por 14,216%, CP3 por 9,352% e CP4 por 8,497%. O DR foi a característica que mais contribuiu para a discriminação entre os genótipos, apresentando a maior contribuição absoluta para o primeiro componente, seguida pela SED, TOA e TOP, que apresentaram a maior pontuação no segundo, terceiro e quarto componente, respectivamente.

Em outros estudos de divergência genética em macaúba foi observada a tendência de agrupamentos relacionados com a origem genética utilizando tanto variáveis quantitativas (MANFIO *et al.*, 2012) como dados moleculares (BELLON *et al.*, 2009) e esse trabalho comprova que dentro do estado de

Minas Gerais encontrasse uma grande diversidade genética da espécie, como já atestado por Lanes *et al* (2016).

Tabela 7 – Estimativa de autovetores associados aos componentes principais, obtidos pelas correlações genéticas entre 12 caracteres de *Acrocomia aculeata*.

Componentes	TOP	TOA	PF	DR	DA	PED	SED	IMP	PSE	PSP	PSD	PSA	Varição acumulada (%)
CP1	0,077	-0,058	0,373	0,406	0,360	0,141	0,104	0,352	0,332	0,348	0,325	0,257	46,478
CP2	-0,113	-0,287	0,080	-0,023	0,051	0,542	0,618	-0,333	0,032	-0,044	0,052	-0,323	60,694
CP3	0,393	0,616	-0,126	-0,060	0,035	0,157	0,288	-0,204	-0,260	-0,066	0,316	0,352	70,045
CP4	0,844	-0,408	-0,185	-0,065	0,042	0,133	-0,174	0,023	0,006	0,104	-0,071	-0,126	78,543
CP5	-0,158	-0,490	-0,180	-0,091	-0,269	0,116	-0,122	-0,030	-0,001	-0,289	0,489	0,519	84,946
CP6	-0,135	0,275	-0,131	-0,004	-0,086	0,764	-0,475	0,234	0,053	-0,021	-0,046	-0,109	89,534
CP7	0,039	0,166	-0,311	-0,028	-0,501	-0,073	0,155	-0,106	0,695	0,313	0,021	-0,002	93,301
CP8	-0,175	-0,137	-0,105	-0,091	-0,130	0,086	-0,006	-0,088	-0,462	0,799	-0,088	0,199	95,757
CP9	-0,062	-0,032	-0,023	-0,348	0,472	0,116	-0,073	-0,309	0,328	-0,012	-0,446	0,480	97,570
CP10	-0,118	0,050	-0,163	-0,359	0,413	-0,136	-0,262	-0,226	0,109	0,195	0,576	-0,373	99,002
CP11	0,144	0,050	0,787	-0,344	-0,352	0,046	-0,210	-0,237	0,053	0,054	0,081	0,001	100,00
CP12	0,000	0,000	0,000	-0,665	0,000	0,000	0,335	0,668	0,000	0,000	0,000	0,000	100,00

CP= componente principal; TOP= teor de óleo da polpa; TOA= teor de óleo da amêndoa, PF= peso fresco do fruto; DR= diâmetro radial do fruto; DA= diâmetro axial do fruto; PED= primeira espessura do endocarpo; SED= segunda espessura do endocarpo; IMP= índice de massa processada; PSE= peso seco do epicarpo; PSP= peso seco da polpa; PSD= peso seco do endocarpo; PSA= peso seco da amêndoa,

6. CONCLUSÕES

As herdabilidades apresentaram valores de magnitude alta, revelando forte controle genético das características, que pode resultar em sucesso nos programas de melhoramento e transmissão das características desejáveis para as gerações futuras.

A seleção direta proporcionará maiores ganhos que a seleção indireta, visando à seleção de genótipos promissores de macaúba.

Existe variabilidade para as características físicas e de teor de óleo do fruto de macaúba provenientes do estado de Minas Gerais, que pode ser explorada para melhoramento genético da espécie, fato primordial e que permite a continuidade do programa de melhoramento.

O cruzamento entre indivíduos selecionados, quanto ao teor de óleo da polpa (TOP), pertencentes a diferentes grupos, deve ser enfatizado visando aumentar a probabilidade de obtenção de alta capacidade específica de combinação ou heterose.

7. REFERÊNCIAS

- BONDAR, G. **Palmeiras do Brasil**. São Paulo: Instituto de Botânica de São Paulo, 554p,1964.
- CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. **Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão**. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.
- COSER, SM, MOTOIKE SY, CORRÊA TR, PIRES TP, RESENDE MDV. **Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics**. Genetics and Molecular Research 15(4), 2016.
- COSTA, A. M. **Parâmetros genéticos, diversidade genética e seleção dos acessos de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.28p, 2016.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Scientiarum. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, v. 2, 585 p, 2003.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, v.1, 480 p, 2004.
- DOMICIANO, G. P.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S.da. **Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas**. Ciência Rural, Santa Maria, v.45, n.9, p.1599-1605, 2015.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de SILVA, M. A.; SILVA, J. C. Viçosa, MG: UFV, 279 p, 1981.
- FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. FAOSTAT Database. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/home/E>>. Acesso em: 04/2019 .2013

- FARIAS NETO, J. T. de; CLEMENT, C. R.; RESENDE, M. D. V. de. **Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará**, Brasil. *Bragantia*, Campinas, v. 72, n. 2, p.122-126, 2013.
- FEHR, W. P. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 536p, 1987.
- FREITAS, I. L. J. ;AMARAL JUNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. **Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.48, n.11, p.1464-1471, 2013.
- GASQUES, J.G.; BACCHI, M. R. P.; RODRIGUES, L.; BASTOS, E. T.; VALDES, C. **Produtividade da agricultura brasileira: a hipótese da desaceleração**. In: VIEIRA FILHO, J. E. R.; GASQUES, J. G. *Agricultura, transformação produtiva e sustentabilidade*. Brasília: cap. 5, p. 143-164. Ipea, 2016.
- GOULART, S. M. **Amadurecimento pós-colheita de frutos de macaúba e qualidade do óleo para a produção de biodiesel**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG. 66p, 2014.
- LANES, É. C. M.; MOTOIKE, S.Y.; KUKI, K. N.; NICK, C.; FREITAS, R. D.; JONES, F. A. **Molecular characterization and population structure of the Macaw Palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), Ex Situ Germplasm collection using microsatellites markers**. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/jhered/esu073>> Acesso em: 04/2019. *Journal of Heredity*, 106 (1), p.102–112, 2014.
- 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**. *J. Hered.* 1, 1-11, 2015.
- Lanes, É.C., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Resende, M.D., Caixeta, E.T. **Mating system and genetic composition of the macaw palm (*Acrocomia aculeata*): Implications for breeding and genetic conservation programs**. *Journal of Heredity*, esw038, 2016.

- MANFIO, C. E. **Análise genética no melhoramento da macaúba**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós Graduação em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa, 2010.
- MANFIO, C.E., MOTOIKE, S.Y., DEON, M.D.R., SANTOS, C.E.M.D., SATO, A.Y. **Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética**. Brazilian Journal of Forest Research/Pesquisa Florestal Brasileira, 32 (69), 2012.
- MOTA, C. S.; CORRÊA, T. R.; GROSSI, J. A. S.; RIBEIRO, A. S. **Exploração sustentável da macaúba para produção de biodiesel: colheita, pós-colheita e qualidade dos frutos**. Informe Agropecuário, 32 (265), p. 41–51. 2011.
- MOTTA, P.E.; CURI, N.; OLIVEIRA-FILHO, A.T.; GOMES, J.B.V. **Ocorrência de macaúba em Minas Gerais: relação com atributos climáticos, pedológicos e vegetacionais**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, p.1023-1031, 2002.
- MOTOIKE, S.; KUKI K. N. **The potential of macaw palm (*Acrocomia Aculeata*) as source of biodiesel in Brazil**. Int. Rev. Chem. Eng. Rapid Commun 1: p. 632-635, 2009.
- 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, Viçosa, v. 61, n.4, p. 538-543, 2014.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 5.ed. São Paulo: Globo, 1996.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 975 p, 2002.
- RIBEIRO, N. D.; MELLO, R. M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. **Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca**. Revista Brasileira de Agrociência, v. 7, n. 2, p. 93-99, 2001.
- ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; LAVIOLA, B. G.; SILVA, F.

- C. G. da; MILITÃO, J. S. L. T. **Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-manso.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.47, n.1, p.44-50, 2012.
- SANTOS, C. E. M. dos; PISSIONI, L. L. M.; MORGADO, M. A. D.; CRUZ, C. D.; BRUCKNER, C. H. **Estratégias de seleção em progênies de maracuzazeiro- amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose.** Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, n. 30, p, 444-449, 2008.
- SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados.** Viçosa, MG: UFV, 568 p, 2004.
- SHIMAKURA, S.E. & RIBEIRO JÚNIOR, P.J. **Estatística descritiva: interpretação do coeficiente de correlação.** Departamento de Estatística da Universidade Federal do Paraná. Disponível em: <<http://leg.ufpr.br/~paulojus/>> Acesso em junho/2019. 2016.
- SILVA, J. C.; BARRICHELO, L. E. G.; BRITO, J. O. **Endocarpos de babaçu e de macaúba comparados à madeira de *Eucalyptus grandis* para a produção de carvão vegetal.** Revista IPEF, Piracicaba, v. 34, n. 1, p. 31-34, 1986.
- SILVEIRA, G.; MOTOIKE, S. Y.; SOUZA, F. S.; LOPES, F. A.; HENRIQUES, E. **Banco de germoplasma da macaúba: base para o melhoramento genético.** In: I CONGRESSO BRASILEIRO DE MACAÚBA. Patos de Minas, MG. **Anais...** Brasília: MAPA, 2013.
- SVENNING J.C. **On the Role of Microenvironmental Heterogeneity in Ecology and Diversification of Neotropical Rain-forest Palms (Arecaceae).** Botanical Review 67, p.1-53, 2001.
- VAVILOV, N.I. **Studies on the origin of cultivated plants.** Leningrad: Institute of Applied Botany and Plant Breeding, 1926.
- VENCOVSKY, R. **Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas.** Instituto de Pesquisa e estudos Florestais, v.35, p.79-84, 1987.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed). **Melhoramento e produção do milho.** Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214, 1987.
- WANDECK, F.A.; JUSTO, P.G. **A macaúba, fonte energética e insumo industrial: sua significação econômica no Brasil.** In: simpósio sobre o

cerrado, savanas, 6.,1988, Brasília. **Anais...** Planaltina: Embrapa-CPAC, p. 541-577,1988.