

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA A PARTIR DE
CARACTERES
DE PRODUÇÃO E DO FRUTO.**

Pauliana Aparecida da Silva
Doctor Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

PAULIANA APARECIDA DA SILVA

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA A PARTIR DE
CARACTERES
DE PRODUÇÃO E DO FRUTO.**

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

Orientador: Sergio Yoshimitsu Motoike

Coorientadora: Evellyn G. de O. Couto

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2024**

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

T

S586s
2024
Silva, Pauliana Aparecida da, 1994-
Seleção de genótipos promissores de macaúba a partir de
caracteres de produção e de fruto / Pauliana Aparecida da Silva.
– Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (50 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2025.009>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Macaúba - Melhoramento genético. 2. Macaúba -
Variedades. 3. Mapeamento cromossômico. I. Motoike, Sérgio
Yoshimitsu, 1967-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 634.612

PAULIANA APARECIDA DA SILVA

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA A PARTIR DE
CARACTERES
DE PRODUÇÃO E DO FRUTO.**

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

APROVADA: 22 de agosto de 2024.

Assentimento:

Pauliana Aparecida da Silva
Autora

Sergio Yoshimitsu Motoike
Orientador

Essa tese foi assinada digitalmente pela autora em 14/01/2025 às 09:08:09 e pelo orientador em 14/01/2025 às 10:02:43. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **QC5B.GEJ4.5E4D** e clique no botão 'Validar documento'.

Dedico à minha filha, lana, por me mostrar, todos os dias, que os planos de Deus são perfeitos e sempre prevalecem.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela vida e por tudo o que Ele me proporciona.

Gostaria, primeiramente, de expressar minha imensa gratidão à minha família, pelo suporte incondicional em todos os momentos. Agradeço especialmente aos meus pais, Batista e Dorinha, pelos ensinamentos que foram fundamentais na construção do meu caráter. Pai e mãe, vocês são meus maiores exemplos e permanecerão vivos enquanto minha consciência existir.

Quero fazer um agradecimento muito especial ao meu esposo Juliano, que foi um grande companheiro ao longo de toda a minha pós-graduação. Aproveito para registrar aqui minha profunda admiração, respeito e amor por ele e por nossa filha, Lana.

Aos tutores que me acompanharam nessa trajetória, deixo meu sincero agradecimento e admiração. Muito obrigada, professor Sérgio Motoike, por todos os ensinamentos e pela dedicação. Agradeço também à Naomi e à Evellyn por todo o conhecimento compartilhado dentro e fora da academia, além do apoio em momentos de maternidade.

Dedico este trabalho às minhas “manas”: Ana, obrigada pelo empenho em me ajudar na conclusão deste trabalho e pela sinceridade de sempre. Míria, obrigada pelas “brigas dos cafés” e pela amizade. Paloma, agradeço pelos exemplos de *carpe diem* e por me mostrar que abraços realmente curam. AMO VOCÊS, MENINAS!

Aos colegas e amigos da “salinha de estudos” do REMAPE, agradeço pelos ensinamentos e pelos puxões de orelha. Tenho me inspirado em muitos de vocês! Meus sinceros agradecimentos também aos professores e funcionários da UFV que, durante o doutoramento, me estimularam e contribuíram de forma significativa para a minha formação técnica e científica.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Agradeço ao projeto AcroAlliance, financiado pela FINEP/MCTI (Convênio 01.21.0177.00, Ref. Nº 0566/2) pelo apoio financeiro.

RESUMO

SILVA, Pauliana Aparecida da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2024. **SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA A PARTIR DE CARACTERES DE PRODUÇÃO E DO FRUTO..** Orientador: Sergio Yoshimitsu Motoike. Coorientadora: Evellyn Giselly de Oliveira Couto.

Este estudo visou identificar genótipos de macaúba em uma população, que apresentaram a melhor combinação de características de produção e características biométricas dos frutos, com o intuito de estabelecer um pomar de sementes. Os experimentos foram conduzidos na Unidade Experimental de Pesquisa e Extensão-UEPE-Araponga em 1576 genótipos, localizado no Sistema II, provenientes da região de Santa Luzia (MG), composto por dois arranjos espaciais, fileiras simples (FS) com 861 genótipos e fileiras duplas (FD), com 715 genótipos. A partir do estudo da produção de frutos, avaliada de 2020 a 2023, foi feito a estimação de ganhos genéticos utilizando os seguintes critérios: com produção diferente de zero kg/planta, produção igual ou superior a 20 kg/planta, e os três melhores genótipos em FS e FD. A caracterização biométrica foi realizada nos genótipos com produção igual ou superior a 20 kg/planta. Nos frutos foram medidos: o diâmetro longitudinal do fruto (DLF), o diâmetro transversal do fruto (DTF), a primeira e a segunda espessura do endocarpo para obtenção da espessura média (EMD), o peso seco do epicarpo (PSE), o peso seco da polpa (PSP), o peso seco do endocarpo (PSD), o peso seco da amêndoa (PSA), peso seco do fruto (PSF), o teor de óleo da polpa (TOP) e o índice de massa processada (IMP). Os índices de seleção de Smith e Hazel, Williams, e Mulamba e Mock foram aplicados em dois critérios seletivos com três pesos econômicos: coeficiente de variação genético (CVg), a razão entre o coeficiente de variação genético e o experimental (CVg/CVe), e um (1). Os resultados da análise estatística para produção indicaram existir variabilidade significativa ($p = 0,05$) entre os genótipos na população. A seleção de genótipos com produção diferente de zero kg/planta resultou nos menores incrementos na média, 27.35% em FS e 5.11% em FD. Seleção de genótipos com produção igual ou superior a 20 kg/planta resultou em ganhos na FS que foram pouco mais do que o dobro dos ganhos observados em FD. Os três melhores genótipos resultaram em ganhos de 275.92% em FS e de 99.73% em FD. Foram observados valores baixos de coeficientes de variação ambiental, altos valores de herdabilidade e altos coeficientes de variação genética para todas as características biométricas e de teor de óleo. As correlações genéticas mais fortes foram observadas entre IMP e DLF (0.98), PSF e PSP (0.92), DTF e DLF (0.87), e PFS e DTF (0.83). A correlação entre IMP e EMD foi

baixa e não significativa (0.25), sugerindo que variações no índice de maturação de polpa (IMP) não estão diretamente associadas a variações na espessura da polpa (EMD). O menor ganho total foi observado, no critério I, com o índice Mulamba e Mock com peso CVg/CVe e 1 (133.85%), enquanto que no II foi com o índice de Smith e Hazel e no Williams com peso de CVg/CVe (90.28%). O índice Smith e Hazel utilizando o critério e peso econômico CVg proporcionou os maiores ganhos nos genótipos estudados. Os genótipos 576 (FS), 371 (FS) e 521 (FS) são os promissores a serem inseridos em programas de melhoramento.

Palavras-chave: variabilidade genética; diferencial de seleção; parâmetros genéticos; estratégias de seleção

ABSTRACT

SILVA, Pauliana Aparecida da, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2024. **SELECTION OF PROMISING MACAÚBA GENOTYPES BASED ON PRODUCTION AND FRUIT CHARACTERISTICS.** Adviser: Sergio Yoshimitsu Motoike. Co-adviser: Evellyn Giselly de Oliveira Couto.

This study aimed to identify macaúba genotypes in a population that presented the best combination of production characteristics and biometric characteristics of the fruits, with the aim of establishing a seed orchard. The experiments were conducted at the Experimental Research and Extension Unit - UEPE-Araponga in 1576 genotypes, located in System II, from the Santa Luzia region (MG), composed of two spatial arrangements, single rows (FS) with 861 genotypes and double rows (FD), with 715 genotypes. From the study of fruit production, evaluated from 2020 to 2023, the estimation of genetic gains was made using the following criteria: with production other than zero kg/plant, production equal to or greater than 20 kg/plant, and the three best genotypes in FS and FD. Biometric characterization was performed on genotypes with production equal to or greater than 20 kg/plant. The following were measured in the fruits: longitudinal diameter of the fruit (DLF), transverse diameter of the fruit (DTF), first and second thickness of the endocarp to obtain the average thickness (EMD), dry weight of the epicarp (PSE), dry weight of the pulp (PSP), dry weight of the endocarp (PSD), dry weight of the almond (PSA), dry weight of the fruit (PSF), oil content of the pulp (TOP) and processed mass index (IMP). The selection indices of Smith and Hazel, Williams, and Mulamba and Mock were applied in two selective criteria with three economic weights: genetic coefficient of variation (CVg), the ratio between the genetic and experimental coefficient of variation (CVg/CVe), and one (1). The results of the statistical analysis for production indicated significant variability ($p = 0.05$) among the genotypes in the population. The selection of genotypes with production other than zero kg/plant resulted in the smallest increases in the mean, 27.35% in FS and 5.11% in FD. Selection of genotypes with production equal to or greater than 20 kg/plant resulted in gains in FS that were slightly more than double the gains observed in FD. The three best genotypes resulted in gains of 275.92% in FS and 99.73% in FD. Low values of environmental coefficients of variation, high values of heritability and high coefficients of genetic variation were observed for all biometric and oil content traits. The strongest genetic correlations were observed between IMP and DLF (0.98), PSF and PSP (0.92), DTF and DLF (0.87), and PFS and DTF (0.83). The correlation between IMP and EMD was low and not

significant (0.25), suggesting that variations in the pulp maturity index (IMP) are not directly associated with variations in pulp thickness (EMD). The lowest total gain was observed, in criterion I, with the Mulamba and Mock index with weight CVg/CVe and 1 (133.85%), while in II it was with the Smith and Hazel index and in Williams with weight of CVg/CVe (90.28%). The Smith and Hazel index using the criterion and economic weight CVg provided the highest gains in the studied genotypes. The genotypes 576 (FS), 371 (FS) and 521 (FS) are promising to be included in breeding programs.

Keywords: genetic variability; selection differential; genetic parameters; selection strategies

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	10
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	12
CAPÍTULO I.....	13
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA: ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES	13
1. Melhoramento de plantas	13
2. Macaúba e sua importância econômica	14
3. Melhoramento genético da macaúba	16
4. Modelos mistos e índices de seleção no melhoramento genético	17
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	20
CAPÍTULO II.....	23
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA UTILIZANDO MODELOS MISTOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO	23
1. INTRODUÇÃO.....	24
2. MATERIAL E MÉTODOS	26
2.1. Local	26
2.2. Material de estudo, espaçamento e caracterização da produção	27
2.3. Seleção de genótipos e estimativas dos ganhos na produção	27
2.4. Caracterização biométrica e de teor de óleo dos frutos	28
2.5. Índice de seleção	29
2.6. Análise estatísticas dos dados	31
3. RESULTADOS	32
3.1. Caracterização da produção	32
3.2. Seleção de genótipos e estimativas dos ganhos na produção	33
3.3. Caracterização biométrica e de teor de óleo dos frutos	33
3.3.1. Análise de variância e correlação	34
3.3.2. Índice de seleção	37
4. DISCUSSÃO.....	39
4.1. Ganhos genéticos com seleção na produção de frutos em macaúba	39
4.2. Análise de variância e parâmetros genéticos em características biométricas e teor de óleo dos frutos	41
4.3. Índice de seleção	43
5. CONCLUSÕES.....	45
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	46

INTRODUÇÃO GERAL

As palmeiras desempenham um papel vital na agricultura e na economia global, especialmente em regiões tropicais. Entre as várias espécies de palmeiras, a macaúba (*Acrocomia aculeata*) tem se destacado como uma oleaginosa promissora no Brasil, tanto pela sua ampla adaptabilidade a diferentes condições ambientais quanto pelo seu alto potencial produtivo (LANES *et al.*, 2015). A macaúba é uma rica fonte de óleo vegetal, que pode ser utilizado na produção de biocombustíveis, cosméticos, alimentos e outros produtos industriais (MOTOIKE e KUKI, 2009). Além disso, a exploração sustentável da macaúba pode promover o desenvolvimento econômico em áreas rurais, contribuindo para a geração de empregos e a diversificação da renda agrícola. Sua versatilidade e potencial de cultivo em solos marginais tornam uma cultura estratégica para a expansão agrícola sustentável e a redução da dependência de culturas tradicionais, como a soja e o dendê.

O melhoramento genético de palmeiras, incluindo a macaúba, enfrenta uma série de desafios que dificultam a obtenção de genótipos superiores. Um dos principais desafios é o longo ciclo de vida das palmeiras, o que prolonga os programas de melhoramento e retarda a liberação de novas cultivares. Além disso, as características de interesse econômico, como rendimento de óleo, tamanho dos frutos e resistência a pragas, são geralmente de natureza quantitativa e altamente influenciadas pelo ambiente (CRUZ *et al.*, 2004). Esse comportamento complexo dos caracteres quantitativos torna a seleção de progênies superiores um processo difícil e suscetível a interações genótipo-ambiente. Outro desafio significativo para a macaúba é seu baixa nível de domesticação, que ainda se encontra em estágio inicial em comparação com outras culturas oleaginosas (WANDECK e JUSTO, 1988). Isso requer um maior investimento em pesquisa para caracterização genética, desenvolvimento de bancos de germoplasma e implementação de tecnologias de melhoramento avançadas.

Os índices de seleção são ferramentas estatísticas essenciais no melhoramento genético de culturas, especialmente para espécies com características quantitativas complexas, como a macaúba (CRUZ *et al.*, 2004).

Um índice de seleção combina múltiplos caracteres de interesse em uma única métrica, permitindo que os melhoristas façam seleções baseadas em vários atributos simultaneamente (Smith, 1986). Isso é particularmente importante no melhoramento de palmeiras, onde características como produção, rendimento de óleo, resistência a doenças e adaptação a diferentes condições ambientais devem ser melhoradas de forma conjunta para maximizar o valor econômico da cultura. O uso de índices de seleção facilita a identificação de genótipos que oferecem um equilíbrio entre múltiplas características desejáveis, acelerando o progresso genético e aumentando a eficiência dos programas de melhoramento. (CRUZ *et al.*, 2012). Além disso, ao integrar informações genéticas e fenotípicas, os índices de seleção permitem previsões mais precisas dos ganhos genéticos e ajudam a reduzir o tempo necessário para a liberação de novas cultivares.

Este estudo busca fornecer informações valiosas para o desenvolvimento de programas de melhoramento mais eficientes, que possam acelerar o processo de domesticação da macaúba e aumentar sua contribuição para a agricultura e economia do Brasil. A seleção eficiente de genótipos superiores não apenas impulsionará a produção por safra, mas também promoverá a sustentabilidade agrícola e a valorização dos recursos naturais do país.

O objetivo central deste estudo foi avaliar a eficácia de diferentes índices de seleção no melhoramento da macaúba, visando a seleção de genótipos promissores para otimizar a produção e a qualidade dos frutos. Através da comparação de diversos métodos de índices de seleção, pretendeu-se identificar quais abordagens são mais eficazes para selecionar genótipos que atendam às necessidades econômicas e agrônômicas, como alta produtividade e qualidade do óleo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa: UFV, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2012.

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.

MOTOIKE, S., KUKI, K. The potential of macaw palm (*Acrocomia Aculeata*) as source of biodiesel in Brazil. Int. Rev. Chem. Eng.-Rapid Commun. 1, 632–635, 2009.

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.

CAPÍTULO I

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA: ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES

1. Melhoramento de plantas

O melhoramento de plantas é uma prática tão antiga quanto a agricultura em si, remontando a mais de 10 mil anos, quando os primeiros agricultores começaram a selecionar e cultivar as plantas mais produtivas e resistentes (BRAIDWOOD, 1960). A domesticação das plantas foi um processo gradual, impulsionado pela necessidade de aumentar a eficiência na produção de alimentos, fibras e medicamentos (HAYDEN, 1998). Os primeiros agricultores utilizavam métodos rudimentares de seleção, escolhendo sementes das plantas que apresentavam características desejáveis, como maior produtividade, sabor, resistência a pragas e doenças, e melhor adaptabilidade ao ambiente local.

Com o tempo, essas práticas intuitivas de seleção deram origem a uma agricultura mais sofisticada, na qual técnicas de hibridação e cruzamento começaram a ser desenvolvidas e aplicadas. Durante a maior parte da história, o melhoramento de plantas foi um processo empírico, baseado em observações diretas dos agricultores e na experimentação prática (ALLARD, 1999). Entretanto, o advento da genética como ciência, no início do século XX, revolucionou o campo do melhoramento de plantas.

Gregor Mendel, considerado o pai da genética, foi pioneiro ao estabelecer as leis da hereditariedade através de seus experimentos com ervilhas no século XIX. Seus trabalhos demonstraram como as características são passadas de uma geração para outra, o que proporcionou uma base científica sólida para o melhoramento genético. Com a redescoberta dos princípios de Mendel no início do século XX, a seleção genética passou a ser aplicada de forma sistemática, permitindo que os melhoristas desenvolvessem novas variedades com características específicas de maneira mais eficiente.

Durante o século XX, várias técnicas de melhoramento de plantas foram desenvolvidas e aprimoradas, muitas das quais ainda são utilizadas atualmente. Entre os métodos tem-se a seleção massal, que é um dos métodos mais antigos e simples, em que plantas com características desejáveis são selecionadas e

suas sementes são usadas para a próxima geração (OLIVEIRA *et al.*, 2008). Este método é eficaz para populações heterogêneas e é amplamente utilizado em culturas autógamas e alógamas.

O desenvolvimento de híbridos, a criação de plantas produtivas, resistentes a pragas e doenças, e a introdução de características como tolerância à seca e maior eficiência no uso de nutrientes são apenas alguns dos avanços resultantes do melhoramento genético ao longo das últimas décadas (MORAES e MORI, 2011).

Atualmente, o melhoramento de plantas continua a evoluir, integrando conhecimentos de genética, biotecnologia e análise de dados para enfrentar os desafios da agricultura moderna, como as mudanças climáticas, a necessidade de sustentabilidade e a crescente demanda por alimentos.

2. Macaúba e sua importância econômica

A macaúba, é uma palmácea da família: Arecaceae; gênero: *Acrocomia* e espécie: *Acrocomia aculeata*. A taxonomia da macaúba (*Acrocomia aculeata*) foi descrita inicialmente em 1763 por Jacquin, como *Cocos aculeatus* Jacq. Em 1824, a espécie foi inserida no gênero *Acrocomia*, nomeada como *Acrocomia sclerocarpa*. Apenas em 1845, Loddiges a designa como *Acrocomia aculeata*. A família Arecaceae a qual a macaúba pertence, têm representantes importantes, entre eles está o dendê (*Elaeis guineenses*), espécie com grande potencial oleífero, possuindo a maior produção de óleo por hectare. O coqueiro (*Cocos nucifera*), dada sua utilidade no setor alimentício. A pupunha (*Bactris gasipaes*), o açaí (*Euterpe oleracea*) e o babaçu (*Orbignya* spp.) entre outros (LORENZI *et al.*, 2010).

A macaúba é uma palmeira de porte arbóreo e sua estirpe pode atingir até 15 m de altura e 30 cm de diâmetro. Sua estirpe é coberta por de espinhos, que podem chegar até 10 cm. Em média têm 24 folhas pinadas dispostas em diferentes planos que dá um aspecto de coroa. Suas inflorescências são amarelas, com flores unissexuais (masculinas e femininas) agrupadas em cachos e protegidas pela esparta. Os frutos são globosos e ligeiramente achatados, quando maduros adquirem uma coloração marrom-amarelada que

rompem facilmente (LORENZI E NEGRELLE, 2006; NUCCI, 2007; NOBRE *et al.*, 2015)

A espécie está amplamente distribuída na América tropical e subtropical, desde o Sul do México e Antilhas até a região Sul, que inclui o Brasil, Argentina e Paraguai. Essa ampla distribuição demonstra sua extensa adaptação a condições endofoclimáticas (SCARIOT e LLERAS, 1991; HENDERSON *et al.*, 1995). No Brasil, ocorre grande dispersão natural, que faz com que a espécie seja encontrada em quase todo o território, com maior concentração em Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, estando largamente distribuída no Cerrado (HENDERSON *et al.*, 1995).

A macaúba é uma planta rústica com grande potencial produtivo, além de ser uma opção propícia de óleo para empresas de combustíveis. Da polpa e da amêndoa dos frutos se extrai óleos que podem ser utilizados na indústria farmacológica, nutracêutico, artesanal e alimentício, ou seja, gera co-produtos de valor agregado (LORENZI, 2006). Outra vantagem da cultura é sua utilização em serviços ambientais através da recuperação de pastagens degradadas e consórcio no sistema agrossilvipastoris (CARNING *et al.*, 2008).

A macaúba possui uma extraordinária importância socioeconômica. Isso se deve ao fato de ela ser uma planta com vasta aplicabilidade. Vários autores como Lorenzi (2006); Fruits (2005); Salis e Juracy (2005) e Miranda *et al.*, (2001), catalogaram suas várias formas de utilização dos produtos e coprodutos, dentre os quais vale ressaltar: o estirpe para a produção de palmito; madeira empregada para fazer mourões e estacas para construções; folhas podem servir para o preparo de forragem e produção linhas de pesca; e frutos que podem ser consumidos in natura, extração óleo para fins alimentício e estéticos, além da geração de energia (BEHRING *et al.*, 2010; TOLEDO, 2010; CICONINI *et al.*, 2013).

No norte de minas, especificamente na região de Montes Claros, a macaúba já faz parte do comércio, sendo comercializado em forma de produtos manufaturados como sabão em barra, óleo da amêndoa, da polpa e cosméticos. Os principais fornecedores são famílias extrativistas da região que contam com o apoio da Companhia de Desenvolvimento dos Vales do São Francisco e do Parnaíba (CODEVASF), essa iniciativa gera renda aos produtores e movimentam a cadeia produtiva da cultura (CARDOSO *et al.*, 2020).

3. Melhoramento genético da macaúba

A cultura da macaúba ainda se encontra em um estágio inicial de domesticação, especialmente em relação ao seu potencial agrícola e econômico, o que evidencia a necessidade de estudos aprofundados sobre essa planta (WANDECK e JUSTO, 1988). O melhoramento genético surge como uma ferramenta crucial para desenvolvimento de cultivares com características agronômicas desejáveis e, assim, avançar no processo de domesticação da espécie. Esse processo abrange não apenas o melhoramento genético, mas também a implementação de tecnologias e práticas de manejo voltadas para a cultura.

Uma das etapas iniciais do melhoramento genético é o pré-melhoramento, que envolve atividades essenciais como exploração, coleta, estabelecimento de bancos de germoplasma (BGs), além da caracterização e entendimento da diversidade genética existente na espécie. A compreensão dos centros de origem (locais onde a espécie se originou e evoluiu) e dos centros de diversidade (locais com maior variabilidade genética da espécie) é de extrema importância, conforme enfatizado por Vavilov (1926). As atividades de coleta, segundo Vencovsky (1987), é uma etapa que exige um planejamento cuidadoso, com procedimentos específicos para garantir o sucesso na implantação dos BGs.

Após o pré-melhoramento, genótipos promissores são identificados e introduzidos na fase subsequente de melhoramento genético, onde se investiga os mecanismos estruturais e funcionais que conferem a esses genótipos um desempenho superior em comparação aos outros (SILVEIRA *et al.*, 2013). Para isso, é essencial conhecer a variabilidade genética da espécie em questão.

Um marco significativo no melhoramento da macaúba foi a solução para o problema de germinação, desenvolvida por Motoike *et al.*, (2007). Enquanto a germinação natural das sementes de macaúba pode levar até dois anos, essa descoberta permitiu a obtenção de sementes pré-germinadas em apenas 32 dias. Essa tecnologia é fundamental para a replicação de indivíduos oriundos de cruzamentos, por exemplo, e será de suma importância no desenvolvimento futuro de cultivares comerciais, impulsionando o processo de melhoramento.

Estudos sobre a variabilidade genética da macaúba têm sido conduzidos com o objetivo de contribuir para o desenvolvimento de programas de

melhoramento. Pesquisas realizadas por Costa (2018) e Coser (2016) estimaram parâmetros relacionados ao controle genético de características físicas dos frutos, teor e produção de óleo, visando entender a diversidade genética, realizar agrupamentos e selecionar acessos promissores de macaúba. Esses estudos foram conduzidos com frutos de genótipos já estabelecidos no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa. Manfio (2012), ao estudar a variabilidade genética de 145 matrizes de macaúba provenientes de seis estados brasileiros, observou uma elevada variabilidade entre as matrizes avaliadas para a maioria das características mensuradas.

Diversos estudos reforçam o otimismo quanto ao desenvolvimento de programas de melhoramento da macaúba, destacando o grande potencial dessa cultura. Para avançar nos estudos de melhoramento genético da macaúba, é crucial a presença de variabilidade genética, pois isso possibilita avaliar o potencial da população segregante para a seleção. Um dos principais desafios enfrentados pelos melhoristas é que as características agronômicas da macaúba são geralmente determinadas por herança quantitativa. Isso demanda estratégias de desenvolvimento que possam lidar com a complexidade da herdabilidade dos caracteres quantitativos (RAMALHO *et al.*, 2012; AKRAM *et al.*, 2016; ZEFFA *et al.*, 2019).

Diversas abordagens têm sido empregadas para obter genótipos de macaúba com características agronômicas superiores (HAMAWAKI *et al.*, 2012). Nesse contexto, a estimativa de parâmetros genéticos, bem como as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres e os ganhos de seleção, pode contribuir para um processo de seleção mais eficiente, visando a obtenção de genótipos promissores a partir de populações segregantes (HAMAWAKI *et al.*, 2012; FARIAS NETO *et al.*, 2013; SILVA *et al.*, 2014).

4. Modelos mistos e índices de seleção no melhoramento genético

No melhoramento das palmáceas, a estratégia de melhoramento e os métodos de seleção são cruciais para desenvolver cultivares que atendam a demandas agrícolas, econômicas e ambientais.

Os modelos mistos são amplamente aceitos como uma abordagem eficaz para a seleção de genótipos em programas de melhoramento genético. Esses modelos permitem a combinação da estimação dos componentes de variância por meio da máxima verossimilhança restrita (REML) com a predição dos valores genotípicos utilizando a melhor predição linear não- viciada (BLUP). Essa combinação de técnicas resulta em um processo de seleção mais preciso e eficiente (RESENDE, 2002; ALVES e RESENDE, 2008).

Segundo Resende (2002), a utilização de técnicas de avaliação genética baseadas em modelos mistos, como REML/BLUP, tende a otimizar os ganhos genéticos, especialmente em situações em que os dados são desbalanceados. O uso dessa metodologia tem se tornado cada vez mais frequente, especialmente no melhoramento de plantas perenes. Exemplos de sua aplicação é em pupunha, em que o objetivo foi estudar a variabilidade genética e estimar o valor genético individual para seleção adotando estratégia a longo e a curto; e o açaí, onde o objetivo foi avaliar e selecionar genótipos de progênies de polinização aberta utilizando dados desbalanceados (FARIAS NETO *et al.*, 2012)

Um modelo misto é caracterizado pela presença de efeitos fixos, além da média geral, e de efeitos aleatórios, além do erro experimental. Esse tipo de modelo permite a estimação simultânea dos efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios (CANDIDO, 2009). Devido a essa capacidade e à necessidade de realizar inferências em nível genético, e não apenas fenotípico, o REML/BLUP é considerado a melhor opção para a avaliação genotípica. Além disso, esses métodos lidam naturalmente com o desbalanceamento dos dados, proporcionando estimativas mais precisas de parâmetros genéticos e predições mais confiáveis de valores genéticos. O BLUP, em particular, maximiza a acurácia seletiva, sendo, portanto, superior ou, no mínimo, equivalente a qualquer outro método (RESENDE, 2002).

A aplicação de modelos mistos é particularmente relevante em programas de melhoramento que envolvem experimentos de múltiplos ambientes, nos quais os genótipos são avaliados em diferentes locais e/ou anos. Nessas situações, os modelos mistos permitem não apenas a estimação dos efeitos principais, mas também das interações genótipo x ambiente, que são cruciais para identificar genótipos estáveis e adaptados a diferentes condições ambientais. (HENDERSON, 1984).

A seleção de progênies superiores em programas de melhoramento é um desafio, dado que as características de maior relevância possuem comportamento complexo, são fortemente influenciados pelo ambiente e frequentemente estão inter-relacionados, de modo que a seleção de um caráter pode resultar em alterações em outro (CRUZ, 2006). Dessa forma, o uso de índices de seleção passa a ser uma estratégia poderosa para avaliar e selecionar genótipos com base em múltiplos critérios, otimizar a eficiência da seleção e maximizar o progresso genético

Os índices de seleção são fórmulas matemáticas que combinam várias características em um único valor, baseado em suas respectivas ponderações econômicas ou biológicas. Eles são ferramentas poderosas do melhorista genético, permitindo a otimização da resposta seletiva através da consideração simultânea de múltiplas características (CRUZ *et al.*, 2012). Isso é particularmente relevante quando diferentes características têm pesos econômicos ou agrônômicos distintos, e quando há correlações genéticas entre essas características.

Embora apresentem desafios em termos de complexidade e necessidade de dados detalhados, suas vantagens em termos de eficiência e objetividade os tornam indispensáveis para programas de melhoramento moderno. Em geral, um índice de seleção deve permitir a correta classificação dos genótipos, considerando múltiplas características ao mesmo tempo. Atualmente, diversas metodologias para a aplicação desses índices estão descritas na literatura, cada uma com diferentes propósitos. É fundamental que essas metodologias sejam avaliadas e selecionadas conforme os objetivos específicos do melhorista (VASCONCELOS *et al.*, 2010; TEIXEIRA *et al.*, 2012)

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. Principles of Plant Breeding, John Wiley and Sons Inc, New York, USA, 1999.

ALVES, F.M., 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, 30:696-701, 2008.

BHERING, L. L.; VILELA, M. F.; AQUINO, F. G.; LAVIOLA, B. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; CARGNIN, A. Mapeamento de maciços naturais de ocorrência de macaúba (*Acrocomia aculeata*) visando à exploração sustentável. Disponível em:< <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/18285/1/BID-03.pdf>>. Acesso em: 18 jul. 2022.

BRAIDWOOD, R.J. The agricultural revolution. Scientific American 203: 131-148, 1960.

CANDIDO, L.S. Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas. Tese (Doutorado em Agronomia), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, 93p, 2009.

CARDOSO A N.; SANTOS G S.; FAVARO S P.; DINIZ C B; SOUSA H U. Extrativismo da macaúba na região do Cariri Cearense: comercialização e oportunidades. Brazilian. Journal. of Develop, v. 6, n.5, p.25261-25279, 2020.

CARNING, A.; JUNQUEIRA, N. T. V; FOGAÇA, C. M. Potencial de macaubeira como fonte de matéria-prima para a produção de biodiesel. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 16p, 2008.

CICONINI, G., FAVARO, S. P., ROSCOE, R., MIRANDA, C. H. B., TAPETI, 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. Ind Crop Prod. 45, 208–214, 2013

CRUZ, C. D. Programa genes: biometria. Viçosa: UFV. v. 1, p. 382, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2012.

FARIAS NETO, J.T. de; RESENDE, M.D.V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FARIAS NETO, J.T.; OLIVEIRA, M.S.P.; RESENDE, M.D.V.; RODRIGUES, J.C. Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênes de *Euterpe oleracea* na fase juvenil. Cerne, Lavras, v. 18, n. 3, p.515-521, 2012.

FRUITS FROM AMERICA: AN ETHNOBOTANICAL INVENTORY ACROCOMIA ACULEATA. Disponível: < https://ciat.cgiar.org/ipgri/fruits_from_americas/ > I em: Acesso em: 8 jun. 2023.

HAYDEN, B. Practical and prestige technologies: The evolution of material systems. *Journal of Archaeological Method and Theory* 5(1): 1-55, 1998.

HENDERSON, C.R. Aplications of linear models in animal breeding. Guelph: University of Guelph, 462 p, 1984.

HENDERSON, A.; GALEANO, G.; BERNAL, R. Field Guide to the Palms of the Americas New Jersey: Princeton University, 502p., 1995.

LORENZI, G. M. A. C; NEGRELLE, R. R. B. *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lood. ex. Mart.: aspectos ecológicos, usos e potencialidades. *Visão Acadêmica*, v.7, p. 1-12, 2006.

LORENZI, H.; NOBLICK, L.; KAHN, F.; FERREIRA, E., *Flora Brasileira: Arecaceae (Palmeiras)*. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, 384 p., 2010.

MORAES, C. B.; MORI, E. S. Polinização Controlada no Melhoramento Genético Florestal. Anais Curso “Avanços tecnológicos na silvicultura”, semana de estudos agropecuários e florestais de Botucatu, 25, 2011.

MIRANDA, I. P. A.; RABELO, A.; BUENO, C. R.; BARBOSA, E. M.; RIBEIRO, M. N. S. Frutos de Palmeiras da Amazônia. Manaus: MCT INPA, s/v, s/n, p. 7-10, 2001.

NOBRE, D. A. C.; DAVID, A. M. S. S.; MAIA, V. M.; RESENDE, J. C. F & NOBRE, E. C. Caracterização morfométrica de uma população natural de macaúba no norte de minas gerais. *Engenharia Agrícola*, v. 30, n.3, p. 290-293, 2015.

NUCCI, S. M. Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba. 2007. 84 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Instituto Agrônômico de Campinas, São Paulo, 2007.

OLIVEIRA, M. do S.P. de; FARIAS NETO, J.T. de. Seleção massal em açazeiros para a produção de frutos. *Revista de Ciências Agrárias*, n.49, p.145-156, 2008.

RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p, 2002.

SALIS, S. M.; JUARACY, A. R. da M. A utilização da bocaiuva no Pantanal. Disponível em: < <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=BR20051812638> >. Acesso em: 16 jun. 2023.

SCARIOT, A. O.; LLERAS, E. Reproductive biology of the palm *Acrocomia aculeata* in Central Brazil. *Biotropica*, v.23, s/n, p.12-22, 1991.

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.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. *Ann Eugen* 7, 240–250, 1936.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. D. S. P. D.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. *Pesqui. Agropecu. Sutiãs*. 47 (2), 237–243, 2012.

TOLÊDO, D. P. Análise técnica, econômica e ambiental de macaúba e de pinhão-manso como alternativas de agregação de renda na cadeia produtiva de biodiesel. 2010. 105 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. *Revista Ceres*, 57: 205-210, 2010.

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

CAPÍTULO II

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE MACAÚBA UTILIZANDO MODELOS MISTOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO

1. INTRODUÇÃO

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma espécie que está amplamente distribuída na América tropical e subtropical, desde o Sul do México e Antilhas até a região Sul, que inclui o Brasil, Argentina e Paraguai. Essa ampla distribuição demonstra sua extensa adaptação a condições endofoclimáticas (SCARIOT *et al.*, 1991; HENDERSON *et al.*, 1995). No Brasil, ocorre grande dispersão natural, que faz com que a espécie seja encontrada em quase todo o território, com maior concentração em Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, estando largamente distribuída no Cerrado (HENDERSON *et al.*, 1995).

A macaúba é uma palmeira rústica com grande potencial produtivo, sendo uma opção propícia de fonte de óleo para empresas do setor alimentício, farmacêutico e energético. A cultura pode ser utilizada na recuperação de pastagens degradadas e consórcio no sistema agrossilvipastoris, o que garante um baixo impacto no uso da terra (CARNING *et al.*, 2008).

O espaçamento entre plantas de macaúba é um fator agrônômico crucial, uma vez que configura ambientes distintos, que pode afetar significativamente o desempenho dos genótipos em termos de crescimento, desenvolvimento e produtividade. Esta influência, ocorre devido a competição por recursos entre plantas, determinada pela intensidade da competição por luz, água e nutrientes. Espaçamentos mais estreitos podem aumentar a competição, o que pode afetar negativamente o desempenho de genótipos menos competitivos. Por outro lado, espaçamentos mais amplos podem reduzir a competição, permitindo que cada planta tenha acesso a mais recursos (DIETRICH *et al.*, 2017).

Em programas de melhoramento da macaúba sua domesticação é almejada com o intuito de possibilitar ganhos no rendimento das plantas e estabelecer uma cadeia de produção eficiente (CARVALHO *et al.*, 2013). A fase de pré-melhoramento, a qual a macaúba se encontra, envolve atividades iniciais, para estabelecimento de uma base genética adequada para futuros esforços de melhoramento, permitindo o desenvolvimento de cultivares que atendam às demandas agrícolas e ambientais atuais e futuras (MAFIO, 2012; LANES *et al.*, 2016 e COSTA *et al.*, 2018).

Os principais fatores que determinam o sucesso do programa de melhoramento são: (i) uma estratégia de melhoramento bem definida; (ii) eficiência no processo de seleção; e (iii) ciclos de melhoramento curtos (RESENDE *et al.*, 2005). A seleção consiste na identificação de genótipos com características desejáveis para serem utilizados em programas de cruzamento e melhoramento. Para alcançar esse objetivo é necessário a formação de um pomar de semente para fornecimento de mudas de qualidade, visto que, atualmente, são utilizadas sementes provindas de populações nativas, resultantes de polinização aberta que afetam a qualidade e a uniformidade dos plantios. Dessa forma, a eficiência do processo seletivo depende principalmente de uma abordagem conceitual adequada, que deve ser aplicada na avaliação genética dos candidatos à seleção. Atualmente, a abordagem ótima e padrão é a metodologia de modelos mistos com o procedimento REML/BLUP para a estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos (RESENDE, 2000). Esse procedimento proporciona a máxima acurácia seletiva e promove o máximo ganho genético, reduzindo a influência de fatores ambientais e proporcionando estimativas mais confiáveis e aplicáveis para a seleção e o melhoramento genético, visto que permite uma estimação precisa dos componentes de variância e prediz valores genéticos de forma não enviesada (Henderson, 1984).

Smith (1936) sugeriu o uso de índice de seleção no melhoramento genético para selecionar genótipos com base em múltiplas características desejáveis. Cada característica incluída no índice pode receber um peso ou importância relativa, refletindo sua contribuição para o valor total do índice, garantindo que as características mais importantes ou desejáveis tenham um impacto maior na seleção.

No contexto da macaúba, o uso dos índices pode ser aplicado para selecionar genótipos que apresentem não apenas alta produção de frutos por planta, mas também alto teor e produção de óleo, entre outras características desejáveis, almejando a formação de um pomar de sementes. Isso permite aos melhoristas focarem em genótipos que atendam a múltiplos critérios de seleção de forma eficiente e eficaz.

O objetivo do presente trabalho foi identificar genótipos de macaúba, dentro de uma população com arranjos espaciais distintos, que apresentam a

melhor combinação para características de produção, teor de óleo e biometria de frutos, por meio da metodologia de modelos mistos e de índice de seleção, em diferentes critérios de seleção objetivando um pomar de sementes.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local

O estudo ocorreu na área nomeada Sistema II, que se encontra na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento Genético e Sistemas de Produção de Palmáceas e outras Oleaginosas – UEPE MGPO – Araponga, Minas Gerais, pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) (Figura 1). A estação de Araponga está localizada na região Zona da Mata de Minas Gerais – Brasil latitude 20° 40' 01"S; longitude 42° 31'15 "W. O clima da região é classificado como Cwb (subtropical de altitude), segundo classificação de Köppen.

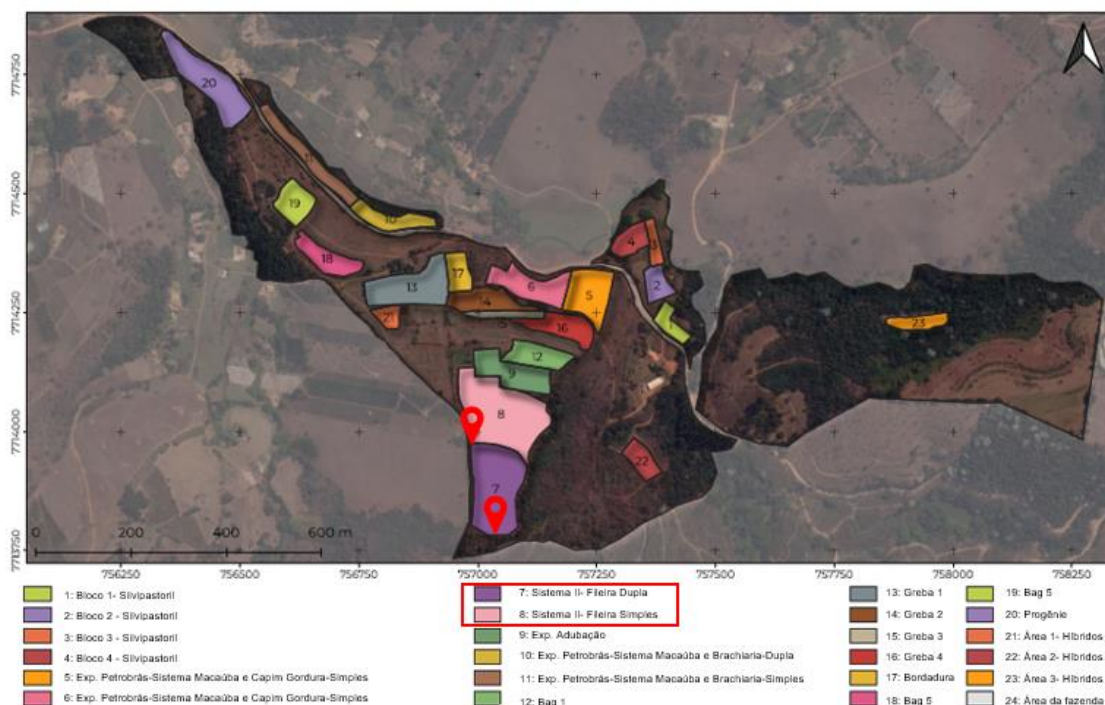


Figura 1- Mapa da Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão em Melhoramento Genético e Sistemas de Produção de Palmáceas e outras Oleaginosas – UEPE MGPO – Araponga, Minas Gerais. 7- Sistema II com arranjo espacial em fileira dupla; 8- Sistema II com arranjo espacial em fileira simples.

2.2. Material de estudo, espaçamento e caracterização da produção

Foram avaliados 1576 genótipos, provenientes da região de Santa Luzia, município da região central de Minas Gerais. O plantio da área ocorreu em 2013. O plantio do sistema foi composto por dois arranjos espaciais, denominados fileiras simples (FS), com espaçamento de 7x3,5 metros e 861 genótipos, em fileiras duplas (FD), com espaçamento de 4x4x8 metros e 715 genótipos. O início da produção se deu em 2019, sendo avaliado a produção de quatros anos de safra (2019/20, 2020/21, 2021/22 e 2022/23). Em todas as quatros safras, foram coletados e anotados os valores de produção de cada planta em ambos os arranjos.

2.3. Seleção de genótipos e estimativas dos ganhos na produção

Para estimar os ganhos com a seleção, a partir do estudo da produção de frutos, foi feita a seleção utilizando os critérios de seleção dos genótipos avaliados em ambos os arranjos dos Sistema II, produção i) diferente de zero kg/planta, ii) igual ou maior que 20 kg/planta e iii) os três genótipos mais produtivos entre os 1576 avaliados.

Para a obtenção do ganho de seleção (GS) foram calculados os diferenciais de seleção (DS) para os três critérios, onde DS representa as diferenças de produção entre as médias dos genótipos selecionados e a média da população base. O DS e o GS foram obtidos pelas seguintes expressões:

$$D_s = X_s - X_0, G_s = h^2 * D_s \text{ ou } G_s (\%) = \frac{G_s}{X_0} * 100$$

onde:

X_s : média dos genótipos selecionados;

X_0 : média da população original; e

h^2 : herdabilidade no sentido restrito, calculada pela expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_g + \frac{\sigma^2_e}{r}}$$

onde:

σ^2_g : variância genotípica;

σ^2_e : variância residual; e

r é o número de repetição.

A média predita da nova população após a seleção (X_n) foi calculada somando o ganho genético esperado à média da população original:

$$X_n = X_0 + G_s$$

2.4. Caracterização biométrica e de teor de óleo dos frutos

Para a caracterização biométrica, foram selecionados genótipos, entre os 1576 avaliados, com produção igual ou superior a 20 kg por planta, totalizando 33 genótipos. Na safra 2022/2023 coletamos aleatoriamente 10 frutos nos cachos maduros de 32 genótipos, uma vez que um dos genótipos apresentou falha na produção, e os mesmos foram armazenados em freezer a -20 °C para análises posteriores. Os procedimentos de análises do fruto foram realizados no Laboratório de Pós-Colheita localizado no setor de fruticultura da UFV.

Uma subamostra aleatória de quatro frutos foi utilizada para a caracterização biométrica. As características mensuradas foram: o diâmetro longitudinal do fruto (DLF), o diâmetro transversal do fruto (DTF), a primeira e a segunda espessura do endocarpo para obtenção da espessura média (EMD), o peso seco do epicarpo (PSE), o peso seco da polpa (PSP), o peso seco do endocarpo (PSD), o peso seco da amêndoa (PSA), peso seco do fruto (PSF), o teor de óleo da polpa (TOP) e o índice de massa processada (IMP). O índice de massa processável é um índice que expressa a proporção da massa total do fruto que é aproveitável para a extração de óleo e foi calculado conforme Manfio (2012), utilizando a equação:

$$IMP = DLF - (2x SED)$$

Após a obtenção do DTF e DLF, os frutos foram descascados, despulpados manualmente e as amêndoas extraídas do endocarpo com o auxílio de um torno mecânico. Após a separação e pesagem das estruturas do fruto (casca, polpa, endocarpo e amêndoa), obtivemos as espessuras do endocarpo, que foi medida com o uso do paquímetro digital em duas porções: a primeira é aquela onde se observa visualmente a maior espessura do endocarpo (PED) e a segunda a menor espessura (SED).

Em seguida as partes foram secas em estufa a 65 °C/ 24h e pesadas individualmente em balança de precisão para obtenção da massa seca da casca, da polpa, do endocarpo e da amêndoa. O peso seco do fruto (PSF) foi obtido pelo somatório das estruturas secas do fruto.

As avaliações referentes ao teor de óleo da polpa (TOP) foram realizadas nos mesmos frutos onde realizou-se as medições de biometria. A polpa foi seca em estufa com circulação e renovação de ar a uma temperatura de 65 °C por 72h, e após a secagem, foi retirada uma amostra do material desidratado para realizar a extração direta em “Soxhlet”, pelo método adaptado 032/IV, estabelecida pelo Instituto Adolf Lutz (IAL, 2008), usando o n-hexano como solvente orgânico.

2.5. Índice de seleção

Foi feita a determinação do ganho de seleção para as características adotando três estratégias de índice de seleção. As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas a por meio dos índices:

I) Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) – IC

Este índice combina múltiplas características ponderadas por seus valores econômicos ou importâncias relativas. Os pesos b são geralmente derivados das variâncias e covariâncias das características e de suas importâncias econômicas. É amplamente utilizado por sua capacidade de maximizar a resposta à seleção, considerando a correlação entre as características. Obtido pelo estimador:

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

onde:

I : índice de seleção;

b_1, b_2, \dots, b_n : pesos atribuídos a cada característica; e

X_1, X_2, \dots, X_n : valores fenotípicos das características.

II) Índice base de Williams (1962) – IB

O índice base de Williams é uma variação do índice clássico, em que o valor fenotípico de cada característica é ajustado subtraindo-se a média da população base. Isso permite a seleção baseada na superioridade dos genótipos

em relação à média da população, o que é útil quando se deseja identificar indivíduos que se destacam acima do padrão médio. Obtido pelo estimador:

$$I = \sum_{i=1}^n b_i (X_i - M_i)$$

onde:

I: índice de seleção;

b_i: pesos atribuídos a cada característica;

X_i: valores fenotípicos das características;

M_i: médias fenotípicas das características na população base.

III) Índice da soma de ranks de Mulamba & Mock (1978) – ISR

Este índice é baseado na classificação dos genótipos para cada característica. Obtido pelo estimador:

$$I = \sum_{i=1}^n r_i$$

onde:

I: índice de seleção;

r_i: classificação do genótipo para a característica i.

Nas análises de ganhos com a seleção via índices foram realizados dois critérios, onde determinou-se as características principais e as secundárias na análise: I- todas as dez características como principais e II- as características TOP e IMP eram as principais. Essa classificação nos permitiu observar o ganho genético quando fazemos a seleção de determinado conjunto de características e o resultado dessa seleção nas demais.

Conforme as recomendações de Cruz (1990), os pesos econômicos e os ganhos desejados foram estabelecidos com base nos dados experimentais. Para os três índices os pesos econômicos utilizados foram: o coeficiente de variação genético (CVg), a razão entre o coeficiente de variação genético e o experimental (CVg/CVe) e valor 1 (um). Para os cálculos de predição dos ganhos, foi selecionado um total de 9.38 % dos genótipos em todos os índices, totalizando

3 genótipos. Para cada característica, foi estimada a resposta à seleção pelos índices, de acordo com Cruz & Carneiro (2006).

2.6. Análise estatísticas dos dados

Para a caracterização da produção de frutos utilizou-se o modelo linear misto apresentado abaixo. Para isso, foram realizadas duas análises. A primeira, em que foi analisada a produção de frutos em cada fileira separadamente (I); e a segunda, em que foi realizada uma análise conjunta (II), isto é, considerando os dados das duas fileiras no modelo.

$$(I) \quad Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + G_k + \varepsilon_{ijk}$$

$$(II) \quad Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + G_k + \varepsilon_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} : observação da produção;

μ : média geral;

α_i : efeito fixo do i-ésimo ano;

β_j : efeito fixo da j-ésima fileira;

G_k : efeito aleatório do k-ésimo genótipo; e

ε_{ijk} : erro residual.

Para as características de biometria e teor de óleo dos frutos utilizou-se o modelo linear abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + b_j + G_i + \varepsilon_{ij}$$

onde:

Y_{ijk} : característica avaliada;

μ : média geral;

b_j : efeito da repetição j, com j igual a 4;

G_i : efeito fixo do i-ésimo genótipo; e

ε_{ij} : erro residual associado à observação.

Com base nos quadrados médios foram estimados os componentes de variância para cada característica: variância genotípica (σ^2_g), variância ambiental (σ^2_a), variância fenotípica (σ^2_f), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias (h^2), e o coeficiente de variação genético (CV_g), e as correlações genéticas entre as características. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos

lineares mistos, procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) /BLUP (melhor predição linear não viesada) no pacote ASReml, no software R (version 4.2.3).

A análise de correlação de Person foi realizada no software R.

O estudo de índice de seleção foi realizado no software GENES (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS

3.1. Caracterização da produção

Os resultados para os componentes de variância e outros parâmetros genéticos para os tipos de arranjos (FS e FD), para produção, apresentaram diferenças significativa, indicando existir variabilidade significativa entre os genótipos na população (Tabela 1). Fileira simples e fileira dupla apresentaram estimativas de herdabilidade moderadas, de 0.51 e 0.31, respectivamente. O coeficiente de variação genética da FS foi maior que FD em mais de duas vezes. A média de produção nos quatros anos de avaliação foi de 4.90 kg e 5.15 kg de frutos por genótipo nas FS e FD, respectivamente.

Tabela 1. Estimativas dos coeficientes de variância e parâmetros genéticos. Variância genotípica (σ^2_g), variância residual (σ^2_e), variância fenotípica (σ^2_f), herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de variação genética (CV_g %), coeficiente de variação experimental (CV_e %), desvio-padrão dos valores genotípicos (σ_g), desvio-padrão residual (σ_e) e média geral (média), para a característica de produção de frutos em genótipos de macaúba plantados em fileira simples (FS) e em fileira dupla (FD).

Estimativa ¹	FS	FD
σ^2_g	14.57	6.51
σ^2_e	56.02	58.07
σ^2_f	70.59	64.58
h^2	0.51	0.31
CV_g (%)	89.25	49.42
σ_g	3.82	2.55
σ_e	7.48	7.62
Acurácia	0.45	0.32
CV_e (%)	174.77	147.67
Média (kg)	4.28	5.15

3.2. Seleção de genótipos e estimativas dos ganhos na produção

A Tabela 2 apresenta os resultados das estimativas de ganhos genéticos alcançados por meio da aplicação dos diferentes critérios de seleção (diferente de zero kg/ planta, igual ou maior que 20 kg/ planta e três melhores genótipos). Os resultados indicam que os três critérios proporcionaram ganhos positivos para a produção. A porcentagem de plantas produtivas, ou seja, com produção diferente de zero, na FS foi de 65.04 %, enquanto que na FD essa porcentagem foi de 85.59 %.

A seleção de plantas produtivas acarreta em ganhos na produção de 1.34 kg (27.35 %) na FS e 0.26 kg (5.11 %) na FD. Já a seleção de genótipos com produção média maior que 20 kg/ planta acarretou em aumento de três vezes na média da FS e em duas vezes na FD.

Os três genótipos mais produtivos em FS foram 713, 718 e 827 e na FD foram 318, 331 e 355, resultando em ganhos de 13.52 kg e em 5.15 kg, respectivamente. Na FD os três mais produtivos foram os que também apresentaram produção média igual ou maior que 20 kg/ planta, o que acarretou em ganhos iguais nesses dois critérios de seleção.

Tabela 2. Estimativas de ganhos genéticos (GS) na produção de frutos obtidos com os critérios de seleção em 861 genótipos em fileira simples e 715 genótipos em fileira dupla.

Critério ¹	Fileira simples			Fileira dupla				
	n	Xs	Gs (Gs%)	Xn	n	Xs	Gs (Gs%)	Xn
≠ 0 kg	560	7.53	1.34 (27.35)	6.24	612	6.01	0.26 (5.11)	5.42
≥ 20 kg	30	24.97	10.24 (208.98)	15.14	3	21.76	5.15 (99.73)	10.31
3 superiores	3	31.41	13.52 (275.92)	18.42	3	21.76	5.15 (99.73)	10.31
X ₀			4.90				5.16	

¹ ≠ 0 kg- seleção dos genótipos com produção diferente de zero kg/ planta; ≥ 20 kg- seleção dos genótipos com produção igual ou maior que 20 kg/ planta; 3 superiores- três melhores genótipos em relação à produção. n- número de indivíduos selecionados; Xs- média dos indivíduos selecionados; Gs- ganho com a seleção; Xn- média predita da nova população após a seleção; X₀- média da população inicial.

3.3. Caracterização biométrica e de teor de óleo dos frutos

3.3.1. Análise de variância e correlação

Para as características avaliadas foram observadas diferenças significativas entre os genótipos (Tabela 3). O menor erro efetivo foi observado para PSA e o maior em TOP, com valores de 0.12 a 8.83, respectivamente. O C_{Ve} apresentou valores abaixo de 20% para todas as características.

Os maiores valores de variância genotípica foram observados para as características TOP e PSF, 34.65% e 22.45 g, respectivamente (Tabela 4). Para a variância fenotípica, os maiores valores foram de 36.86% para TOP e 23.76 cm para PSF. Para a variância ambiental, espaçamento, o maior valor foi observado para TOP (2.21). Para as estimativas de herdabilidade, os valores ficaram acima de 75%.

A Tabela 5 apresenta como as características fenotípicas estão relacionadas entre si. As correlações genéticas foram classificadas como baixas (0 a 0.39), médias (0.4 a 0.69) e altas (0.7 a 1). As correlações fenotípicas de maiores magnitudes foram observadas entre IMP e DLF (0.98), PSF e PSP (0.92), DTF e DLF (0.87), e PFS e DTF (0.83). A correlação entre o IMP e a EMD é baixa e não significativa (0.25^{ns}), indicando que, nesses dados, o IMP e a EMD não exercem influência significativa uma sobre a outra, ou seja, variações no IMP não estão diretamente associadas a variações na espessura da polpa, e vice-versa. O TOP apresentou baixa correlação com todas as características avaliadas

Tabela 3. Resumo da análise de variância para dez características em frutos de macaúba: diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF), espessura média do endocarpo (EMD), peso seco do epicarpo (PSE), peso seco da polpa (PSP), peso seco do endocarpo (PSD), peso seco da amêndoa (PSA), peso seco do fruto (PSF), teor de óleo na polpa (TOP) e índice de massa processável (IMP).

FV	DLF	DTF	EMD	PSE	PSP	PSD	PSA	PSF	TOP	IMP
QM	80.09**	41.16**	0.73**	4.63**	32.80**	8.90**	1.23**	95.02**	147.45**	71.09**
Erro efetivo	2.70	1.62	0.17	0.23	1.39	0.82	0.12	5.22	8.83	5.20
CVe (%)	3.69	2.93	8.35	9.36	10.66	10.23	15.58	8.36	5.45	5.43
Média	44.53	43.40	4.89	5.17	11.05	8.86	2.25	27.33	54.50	35.65

¹ QM- quadrado médio; Cve- coeficiente de variação experimental

** - Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste F

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância para as características: diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF), espessura média do endocarpo (EMD), peso seco do epicarpo (PSE), peso seco da polpa (PSP), peso seco do endocarpo (PSD), peso seco da amêndoa (PSA), peso seco do fruto (PSF), teor de óleo na polpa (TOP) e índice de massa processável (IMP).

Parâmetros genéticos ¹	DLF	DTF	EMD	PSE	PSP	PSD	PSA	PSF	TOP	IMP
σ_g^2	19.35	9.89	0.14	1.10	7.85	2.02	0.28	22.45	34.65	16.84
σ_e^2	0.68	0.40	0.04	0.06	0.35	0.21	0.03	1.30	2.21	0.94
σ_f^2	20.02	10.29	0.18	1.01	8.20	2.22	0.31	23.76	36.86	17.77
h^2 (%)	96.63	96.07	77.31	94.93	95.77	90.77	90.04	94.51	94.01	94.74
CVg (%)	9.88	7.24	7.71	20.26	25.37	16.04	23.41	17.34	10.80	11.51
CVg/CVe	2.68	2.47	0.92	2.16	2.38	1.57	1.50	2.07	2.98	2.12

¹ σ_g^2 - variância genética; σ_e^2 - variância ambiental; σ_f^2 - variância fenotípica; h^2 , herdabilidade no sentido restrito para média; CVg, coeficiente de variação genético; e CVg/CVe- razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental.

Tabela 5. Estimativas das correlações genéticas entre dez características relativos à biometria e teor de óleo em frutos de macaúba.

Característica ¹	DLF	DTF	EMD	PSE	PSP	PSD	PSA	PSF	TOP	IMP
DLF	1									
DTF	0.87**	1								
EMD	0.39**	0.33 ^{ns}	1							
PSE	0.53**	0.59**	0.17 ^{ns}	1						
PSP	0.66**	0.71**	0.41*	0.58**	1					
PSD	0.67**	0.73**	0.54**	0.58**	0.57**	1				
PSA	0.48**	0.58**	0.03 ^{ns}	0.34 ^{ns}	0.26 ^{ns}	0.69**	1			
PSF	0.76**	0.83**	0.45**	0.70**	0.92**	0.79**	0.55**	1		
TOP	0.42*	0.41*	0.15 ^{ns}	0.35*	0.33 ^{ns}	0.15 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	0.30 ^{ns}	1	
IMP	0.98**	0.85**	0.25 ^{ns}	0.53**	0.61**	0.59**	0.50**	0.72**	0.40*	1

¹ DLF- diâmetro longitudinal do fruto; DTF- diâmetro transversal do fruto; EMD- espessura média do endocarpo; PSE- peso seco do epicarpo; PSP- peso seco da polpa; PSD- peso seco do endocarpo; PSA- peso seco da amêndoa; PSF- peso seco do fruto; TOP- teor de óleo na polpa; e IMP- índice de massa processável.

** * - Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t de Student

3.3.2. Índice de seleção

Em relação ao IC, no critério I, não foram observadas diferenças significativas entre os pesos econômicos CVg/CVe e 1 aplicados, e esse índice resultou em ganhos negativos para a característica PSA com peso igual ao CVg (Tabela 6). No critério II, os pesos econômicos CVg e 1 também não apresentaram diferenças, proporcionando uma pequena vantagem para as características DLF, EMD, PSE, PSP, PSA, PSF e IMP, aumentando o ganho total em relação ao peso econômico CVg/CVe.

No critério I, o IB, independentemente dos pesos econômicos aplicados, gerou ganho total menor (Tabela 6). Esses valores coincidiram com os obtidos pelo IC para os pesos CVg/CVe e 1. Já no critério II, quando aplicado o peso econômico CVg/ CVe, o ganho total foi menor (90.28%), porém o ganho em TOP (18.93%) foi o maior em comparação aos outros pesos econômicos.

O ISR, no critério I, apresentou valores de ganhos totais menores em comparação aos demais índices, porém apresentou os maiores ganhos na característica TOP (13.19%) com CVg e 1 (Tabela 6). No critério II, utilizando CVg e 1 como pesos, o índice resultou no maior ganho total entre todos os índices, alcançando 133.85%. No entanto, o ganho específico para a característica TOP foi de 13.19%, o que é inferior aos melhores resultados obtidos para essa característica nesse critério.

No critério I a característica EMD obteve os menores ganhos em ISR com peso econômico de CVg/ CVe e 1. No critério II a mesma característica resultou em ganhos negativos em todos os índices.

Os genótipos selecionados para cada índice de seleção estão apresentados na tabela 6. O genótipo 576 (FS) está presente em todos os índices de seleção, enquanto que o 371(FS) e o 521 (FS) estão presentes em 55.56% e 50%, respectivamente.

Tabela 6. Estimativas de ganhos genéticos (GS%), com uso de diferentes pesos econômicos aplicados (CVG, CVg/ CVe e 1) na seleção simultânea de características, pelo método de seleção por índices, para as características biométricas e de teor de óleo de macaúba no critério de seleção I- todas as dez características como principais e II- as características TOP e IMP eram as principais.

Característica ¹	IC			IB			ISR		
	CVg	CVg/CVe	1	CVg	CVg/CVe	1	CVg	CVg/CVe	1
Critério I									
DLF	15.07	14.93	14.93	14.93	14.93	14.93	14.61	13.87	13.87
DTF	8.28	9.27	9.27	9.27	9.27	9.27	8.82	8.06	8.06
EMD	5.33	3.86	3.86	3.86	3.86	3.86	0.49	-2.2	-2.2
PSE	27.26	11.17	11.17	11.17	11.17	11.17	22.78	19.89	19.89
PSP	33.37	30.67	30.67	30.67	30.67	30.67	32.66	23.13	23.13
PSD	10.59	16.29	16.29	16.29	16.29	16.29	4.74	8.15	8.15
PSA	-0.86	8.94	8.94	8.94	8.94	8.94	13.27	14.63	14.63
PSF	21.95	20.61	20.61	20.61	20.61	20.61	20.06	16.99	16.99
TOP	6.33	10.17	10.17	10.17	10.17	10.17	6.9	13.19	13.19
IMP	16.72	17.38	17.38	17.38	17.38	17.38	17.13	17.14	17.14
Total	144.04	143.29	143.29	143.29	143.29	143.29	141.46	133.85	133.85
GENÓTIPOS	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	371(FS)	371(FS)	371(FS)
SELECIONADOS	318(FD)	318(FD)	318(FD)	318(FD)	318(FD)	318(FD)	839(FS)	576(FS)	576(FS)
	839(FS)	371(FS)	371(FS)	371(FS)	371(FS)	371(FS)	576(FS)	521(FS)	521(FS)
Critério II									
DLF	11.69	9.04	11.69	11.69	11.69	9.04	13.87	11.69	13.87
DTF	6.23	7.39	6.23	6.23	6.23	7.39	8.06	6.23	8.06
EMD	-2.61	-1.18	-2.61	-2.61	-2.61	-2.61	-2.2	-2.61	-2.2
PSE	24.05	15.71	24.05	24.05	15.71	24.05	19.89	24.05	19.89
PSP	15.53	13.30	15.53	15.53	13.30	15.53	23.13	15.53	23.13
PSD	4.35	5.58	4.35	4.35	5.58	4.35	8.15	4.35	8.15
PSA	8.24	0.3	8.24	8.24	0.3	8.24	14.63	8.24	14.63
PSF	12.91	10.18	12.91	12.91	10.18	12.91	16.99	12.91	16.99
TOP	16.81	18.93	16.81	16.81	18.93	16.81	13.19	16.81	13.19
IMP	14.74	11.03	14.74	14.74	11.03	14.74	17.14	14.74	17.14
Total	111.94	90.28	111.94	111.94	90.28	111.94	133.85	91.14	133.85
GENÓTIPOS	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)	576(FS)
SELECIONADOS	521(FS)	430(FS)	430(FS)	521(FS)	378(FS)	430(FS)	521(FS)	521(FS)	521(FS)
	430(FS)	378(FS)	521(FS)	430(FS)	430(FS)	521(FS)	371(FS)	430(FS)	371(FS)

¹ DLF- diâmetro longitudinal do fruto; DTF- diâmetro transversal do fruto; EMD- espessura média do endocarpo; PSE- peso seco do epicarpo; PSP- peso seco da polpa; PSD- peso seco do endocarpo; PSA- peso seco da amêndoa; PSF- peso seco do fruto; TOP- teor de óleo na polpa; e IMP- índice de massa processável. CVg, coeficiente de variação genético; e CVg/CVe- razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental. IC- Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943); IB- Índice base de Williams (1962); e ISR- Índice da soma de ranks de Mulamba & Mock (1978). FS- Fileira simples; FD- Fileira dupla.

4. DISCUSSÃO

4.1. Ganhos genéticos com seleção na produção de frutos em macaúba

As estimativas dos coeficientes de variação genética são de grande importância, pois valores mais altos indicam maior heterogeneidade entre os genótipos avaliados. Os coeficientes de variação genética estão em conformidade com os obtidos por Farias Neto *et al.*, (2013) e sugerem a presença de material genético superior devido à variabilidade genética existente, além de indicarem ganhos genéticos esperados com a aplicação de estratégias de seleção adequadas. Isso é corroborado pela ampla faixa de variação na produção de frutos por genótipo, que variou de 0 a 33.48 kg e de 0 a 22.05 kg de frutos em FS e FD, respectivamente.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade foi moderada para os dois arranjos de fileiras, conforme a classificação de Resende (2002). De acordo com Vencovsky (1987) e Resende (2002) a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica apresenta herdabilidade individual em torno de 20%, o que foi confirmado neste estudo para a característica de produção de frutos nos dois arranjos de fileira. Trabalhos anteriores como o de Mafio (2012) reportaram valores de moderados a alto para herdabilidade em características vegetativas e reprodutivas, podendo indicar que a macaúba apresenta um forte controle genético dessas características. De acordo com Moreira *et al.*, (2014), esse controle é de grande importância para a predição do ganho genético através da seleção, pois sugere uma baixa influência do ambiente na variação fenotípica.

Vários são os aspectos biológicos que diferenciam o melhoramento genético de espécies anuais de perenes, o que exige dos melhoristas a utilização de métodos mais rigorosos e precisos na seleção (VILELA, 2001). O ciclo de melhoramento de plantas perenes é geralmente mais longo em comparação com o de plantas anuais (ALLARD, 1999). Plantas anuais demonstram um aumento mais rápido no ganho genético ao longo dos anos devido a ciclos de seleção mais curtos, enquanto que perenes apresentam um ganho genético mais gradual, refletindo os ciclos de vida mais longos e os períodos prolongados necessários para a avaliação e seleção.

A seleção dos genótipos produtivos em macaúba, produção diferente de zero, quando comparada com a seleção de genótipos com produção igual ou maior a 20kg/ planta, tem uma pressão seletiva menor, o que tende a conservar mais variância genética na população, permitindo que a variabilidade genética se mantenha por mais tempo. Isso significa que a população preserva maior diversidade genética, pois uma maior proporção de indivíduos contribui para a próxima geração. Essa diversidade é benéfica quando se pensa em banco de germoplasma, onde, a longo prazo, se torna vantajoso para a adaptação contínua e a sustentabilidade da população, permitindo que ela responda melhor a novas pressões seletivas ou a mudanças ambientais (LANES *et al.*, 2016).

Quando se faz uma seleção mais intensa, seleção dos três genótipos mais produtivos, resulta em maiores ganhos genéticos por geração, já que a diferença da média entre os indivíduos selecionados e a média da população original é maior. Para a produção de um pomar de sementes reduzir a variância genética, seleção mais rigorosa, pode ser desejável pois resulta em uniformidade em características específicas, como produção frutos, algo importante para a comercialização. Porém, uma seleção intensa com redução da variância genética pode aumentar a probabilidade de endogamia, o que pode resultar em depressão endogâmica e uma diminuição na aptidão geral da população (WRIGHT, 1978; CRUZ *et al.*, 2011).

Para que ocorram programas de melhoramento sustentáveis há a necessidade de balancear as metodologias usadas. Para ganhos imediatos, uma seleção mais intensa pode ser benéfica, mas deve ser equilibrada com estratégias para manter a variabilidade genética suficiente para a adaptação futura. Métodos como a seleção recorrente podem ajudar a captar ganhos genéticos na produção enquanto mantêm a variabilidade genética. Esse método consiste em cruzamentos direcionados e controlados entre genótipos com alta produção de frutos (ALLARD, 1999).

Além da estratégia de melhoramento, os ganhos genéticos variam conforme a característica e o local de avaliação dos experimentos (MARTINS *et al.*, 2005). Segundo Hammond (1967), os maiores ganhos com a seleção seriam alcançados em condições ambientais ótimas para maximizar a expressão dos genes favoráveis. Contudo, a produção de frutos é um caráter complexo, fortemente influenciado pelo ambiente, e sua expressão fenotípica é resultado

da interação de várias outras variáveis (componentes de produção) que devem ser levadas em consideração. Dessa forma, é necessário a avaliação em ambientes diferentes, uma vez que produção depende fortemente das condições ambientais.

4.2. Análise de variância e parâmetros genéticos em características biométricas e teor de óleo dos frutos

O total de 32 genótipos selecionados, baseando-se na produção de frutos igual ou superior a 20 kg/planta, apresentam composição média do fruto, em peso, na base seca de: 19.12% de epicarpo, 38.98% de mesocarpo, 34.00% de endocarpo e 7.78% amêndoa. Esses resultados caracterizam frutos da espécie *A. aculeata* como descrito por Vianna *et al.* (2017).

Ao estimar os parâmetros genéticos podemos quantificar a magnitude da variabilidade e a extensão da herança de características desejáveis, permitindo o planejamento eficaz de um programa de melhoramento genético eficiente (RESENDE, 2002; CRUZ e CARNEIRO, 2003; SCHUSTER e CRUZ, 2004).

De modo geral, o experimento apresentou precisão experimental adequada, indicado pelos baixos valores de CVe que aumenta a confiabilidade das informações relativas à identificação da variabilidade genética dos genótipos de macaúba estudados. Ao se realizar a seleção dos genótipos com produção igual ou superior a 20 kg/planta, observa-se que a variação na produção passa a não ser significativa, porém ocorre uma variabilidade nas características biométricas e de teor de óleo nos frutos. O CVg permite determinar essa magnitude da variabilidade genética entre os genótipos avaliados e em diferentes características (RESENDE e ALVES, 2020). Todas as características, exceto EMD, apresentaram CVg superiores ao coeficiente de variação ambiental (CVe), apresentando um potencial maior para ganhos genéticos, sendo, portanto, mais favoráveis ao melhoramento.

Os valores do coeficiente CVg/CVe foram, de modo geral, elevados, superiores a 1 para todos os caracteres, exceto para EMD, indicando que a variação genética (associada a diferenças hereditárias) é maior do que a variação ambiental (associada a fatores não genéticos), sugerindo uma condição favorável para a seleção das características de maior interesse agrônomo

(VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Isso significa que as diferenças observadas na EMD entre os genótipos são, em grande parte, devidas a variações ambientais, e não a diferenças herdáveis. Portanto, a seleção baseada nessa característica teria menor impacto na geração de ganhos genéticos.

A estimativa de h^2 no sentido restrito foi alta para todas as características, indicando uma baixa influência do ambiente e um alto controle genético nas características biométricas e de teor de óleo dos frutos de macaúba. A herdabilidade no trabalho de Manfio, (2012) foi considerada de alta magnitude (>50%) enquanto que as herdabilidades, no sentido restrito, encontradas nos trabalhos de Costa (2018), referentes a biometria de frutos de macaúba, variaram entre 22% a 46% para todas as características avaliadas, e foram classificadas como sendo de média magnitude. A diferença nas estimativas de herdabilidade encontradas para os diferentes estudos reflete as diferentes condições genéticas e ambientais sob as quais os genótipos foram avaliados. A uniformidade genética e a adaptação ambiental nesse trabalho resultaram em herdabilidades mais altas, enquanto a diversidade genética e a variação ambiental no estudo de Costa (2018), genótipos de regiões diferentes, resultaram em herdabilidades de média magnitude.

Na interpretação das correlações, devem-se considerar três aspectos: a magnitude, a direção e a significância. Um coeficiente de correlação positivo indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, enquanto correlações negativas indicam a tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA *et al.*, 2012). Dessa forma, O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população. Segundo Vencovsky (1978), quando há correlações genéticas positivas e de alta magnitude entre dois caracteres, estes podem ser considerados como um único na seleção, sem grandes prejuízos para qualquer um deles, e a seleção em um não afetará o outro.

O DLF, DTF, e IMP apresentam correlações fortes entre si e com outras características, indicando que essas três são fortemente interligadas e podem ser importantes em programas de melhoramento genético. PSF também tem correlações fortes com várias características, especialmente PSP e PSD, sugerindo sua relevância na seleção.

Na cultura da macaúba, além da seleção para alta produtividade de frutos, há interesse por frutos com altos teores de óleos, uma vez que genótipos superiores para estas características, resulta em maior produção de óleo por genótipo. O TOP é uma característica de difícil avaliação por conta dos altos custos e demanda alta de tempo na sua mensuração via Soxlet. TOP e EMD têm correlações mais fracas com outras características, o que indica que elas podem ser influenciadas de forma mais independente das demais variáveis.

As altas correlações podem indicar a presença de pleiotropia (FALCONER e MACKAY, 1996). Em programas de melhoramento a pleiotropia pode ser usada de forma vantajosa. Se um gene afeta positivamente várias características desejáveis, a seleção para esse gene pode melhorar várias características ao mesmo tempo. No entanto, se o gene tem efeitos antagônicos, o melhoramento pode ser mais complexo. Entender a pleiotropia é crucial para a manipulação genética e o melhoramento de espécies, pois saber como um gene pleiotrópico afeta múltiplas características pode ajudar na predição dos resultados de cruzamentos, bem como a desenvolver estratégias mais eficazes para melhorar múltiplas características simultaneamente.

4.3. Índice de seleção

De modo geral, o IC apresentou um ganho maior no critério onde foram selecionadas todas as características como principais. O índice de Smith e Hazel também foi considerado eficaz no melhoramento de múltiplas características em espécies florestais e no cafeeiro, apresentando resultados superiores em comparação com outros critérios de seleção (PAULA *et al.*, 2002; FERREIRA *et al.*, 2005).

No critério onde selecionamos IMP e TOP, os maiores ganhos foram observados no índice baseado no ISR. A característica TOP tornou-se crucial no melhoramento genético da macaúba, pois é uma cultura com alto potencial para a produção de biodiesel no Brasil (CICONINI *et al.*, 2013). O IMP também é importante na seleção, pois orienta os programas de melhoramento genético com o propósito de aumentar tanto a produtividade quanto a qualidade do óleo extraído. Assim, a seleção dessas características, permite a identificação e o desenvolvimento de genótipos superiores que apresentam melhores

rendimentos e maior qualidade do fruto. Isso é fundamental para o avanço das técnicas de melhoramento genético e para atender às demandas do mercado.

Em relação ao TOP, o critério II proporcionou os maiores ganhos, com peso CVg/ CVe, nos índices IC e IB indicando eficiência dos índices no presente estudo. A pequena diferença observada entre os índices de IC e o IB é explicada pela similaridade dos estimadores dos índices (Smith e Hazel, 1943).

O critério I que proporcionou os menores valores para TOP, apresentou uma melhor distribuição dos ganhos para as demais características. Observa-se que os ganhos de seleção variaram entre os diferentes índices utilizados, indicando a necessidade de avaliar qual índice é mais adequado para os objetivos específicos do programa de melhoramento e da população em questão. Na população avaliada os maiores ganhos foram alcançados com os índices de Smith e Hazel (1943) e Mulamba e Mock (1978), de seleção aplicada no critério I e II, respectivamente.

Os genótipos 576 (FS), 371(FS) e 521 (FS) estão presentes em pelo menos 50% das seleções. Esses genótipos tem potencial para seguirem no programa de melhoramento de macaúba para obtenção de cruzamentos com o intuito de obter progênies produtivas e de qualidade.

Os resultados desse estudo permitem fazer a classificação dos frutos com base em características biométricas, como o tamanho, espessura e teor de óleo da polpa. Dessa forma é possível padronizar genótipos para uso em produção de mudas e para extração de óleo. Para uso de propagação pode-se padronizar em relação às sementes com melhores condições fisiológicas, maior percentual de germinação e vigor, resultando em embriões bem formados e com maiores quantidades de reservas, para isso há a necessidade de realização de testes de germinação e vigor de semente nos genótipos selecionados (BERTON, 2014). Quando à extração de óleo pode-se fazer o uso de genótipos que reúnam características a serem incorporadas ao ideótipo final, como altos teores de óleo e com qualidade.

5. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética na população avaliada para a característica de produção e para as de biometria e teor de óleo nos frutos, permitindo a seleção de genótipos.

Seleção na fileira simples é mais eficiente, resultando em maiores ganhos genéticos por apresentar maior variância genética e maior herdabilidade

A seleção dos três melhores genótipos para produção (713, 718 e 827 da FS e 318, 331 e 355 da FD), apesar de ser rigorosa, resulta em um ganho genético superior. Dessa forma, esses genótipos são indicados para cruzamentos posteriores objetivando indivíduos altamente produtivos e com características que atendam ao mercado.

A permanência de apenas genótipos estudados com produção igual ou maior que 20 kg/plantas, podem ser convertidos em um pomar de sementes para produção de mudas.

Foi possível observar variações entre os índices estudados para os diferentes pesos econômicos e critérios avaliados, indicando a eficácia dos parâmetros.

O índice clássico e índice base foram os que proporcionaram os maiores ganhos para TOP e ganhos médios para IMP no critério onde elas eram as principais utilizando o peso econômico CV_g/CV_e .

Os genótipos 576 (FS), 371(FS) e 521 (FS) são promissores para cruzamentos em programas de melhoramento.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. Principles of Plant Breeding, John Wiley and Sons Inc, New York, USA, 1999.

ARBOLES. Del área del canal de Panamá *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. Disponível em: <http://www.ctfs.si.edu/webatlas/spanish/acropa.html>. Acesso em: 18 jul. 2020.

BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. Stemma Press. Woodbury, MN; 4 ed, 2020.

BERTON, L. H. C., DE AZEVEDO FILHO, J. A., SIQUEIRA, W. J., & COLOMBO, C. A. Seed germination and estimates of genetic parameters of promising macaw palm (*Acrocomia aculeata*) progenies for biofuel production. *Industrial Crops and Products*, 51, 258-266, 2014.

BHERING, L. L.; VILELA, M. F.; AQUINO, F. G.; LAVIOLA, B. G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; CARGNIN, A. Mapeamento de maciços naturais de ocorrência de macaúba (*Acrocomia aculeata*) visando à exploração sustentável. Disponível em: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/18285/1/BID-03.pdf>>. Acesso em: 18 jul. 2022.

CARDOSO A. N.; SANTOS G. S.; FAVARO S. P.; DINIZ C. B.; SOUSA H. U. Extrativismo da macaúba na região do Cariri Cearense: comercialização e oportunidades. *Brazilian Journal of Develop*, v. 6, n.5, p.25261-25279, 2020.

CARNING, A.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FOGAÇA, C. M. Potencial de macaubeira como fonte de matéria-prima para a produção de biodiesel. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 16p, 2008.

CICONINI, G., FAVARO, S. P., ROSCOE, R., MIRANDA, C. H. B., TAPETI, 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. *Ind Crop Prod*. 45, 208–214, 2013.

COSER, S. M. Breeding *Acrocomia aculeata* for vegetative, phenological, reproductive and productive traits. Tese. Viçosa MG. 2016.

COSTA, A. M., MOTOIKE, S. Y., CORRÊA, T. R., SILVA, T. C., COSER, S. M., DE RESENDE, M.D.V., TEÓFILO, R. F. Genetic parameters and selection of macaw palm (*Acrocomia aculeata*) accessions: an alternative crop for biofuels. *Crop Breed Appl Biotechnol* 18:259–266, 2018.

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., FERREIRA, F. M., PESSONI, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. 1a ed. Visconde do Rio Branco-MG: Suprema. 620 p, 2011.

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.

DIETRICH, O. H. S.; CAETANO, L.; SANTOS M. A. C.; SALLA, P. H. H.; BIESDORF, E. M.; PIMENTEL, L. D. INFLUÊNCIA DO ESPAÇAMENTO DE PLANTIO NA PRODUTIVIDADE DE MACAÚBA EM SISTEMA AGROFLORESTAL COM CAFEEIRO. XI workshop de Agroenergia. Ribeirão Preto, SP. 2017.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. Longman Group Limited. 1996.

FARIAS NETO, J. T.; CLEMENT, C. R.; RESENDE, M. D. V. 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.

FERREIRA, A.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D.; FERRÃO, R. G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF, v. 40, n. 12, p. 1189- 1195, 2005.

Fruits from America: an ethnobotanical inventory *Acrocomia aculeata*. Disponível:< https://ciat.cgiar.org/ipgri/fruits_from_americas/>I em: Acesso em: 8 jun. 2023.

HAMMOND, J. Animal breeding in relation to nutrition and environmental conditions. Biological Review, v. 22, p. 195-213, 1967.

HENDERSON, A.; GALEANO, G.; BERNAL, R. Field Guide to the Palms of the Americas New Jersey: Princetpon University, 502p., 1995.

LANES, É. C. M.; ALMEIDA, C. P. M.; MOTOIKE, S. Y. Alternative fuels: Brazil promotes aviation biofuels, Nature, v. 511, s/n, p. 31 2014.

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.

LORENZI, G. M. A. C.; NEGRELLE, R. R. B. *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lood. ex. Mart.: aspectos ecológicos, usos e potencialidades. Visão Acadêmica, v.7, p. 1-12, 2006.

LORENZI, H.; NOBLICK, L.; KAHN, F.; FERREIRA, E., Flora Brasileira: Arecaceae (Palmeiras). Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, 384 p., 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.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. das G. de B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. *Cerne*, v.11, n.1, p. 16-24, jan./mar. 2005.

MIRANDA, C. H. B., TAPETI, 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. *Ind Crops Prod.* 45, 208–214, 2013.

MIRANDA, I. P. A.; RABELO, A.; BUENO, C. R.; BARBOSA, E. M.; RIBEIRO, M. N. S. Frutos de Palmeiras da Amazônia. Manaus: MCT INPA, s/v, s/n, p. 7-10, 2001.

MOREIRA, J. P.; SHIMIZU, J. Y.; SOUSA, V. A.; MORAES, M. L. T.; MOURA, N. F.; AGUIAR, A. V. Ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus elliottii* var. em idade precoce para produção de madeira. *Pesquisa Florestal Brasileira*, Colombo, v. 34, n. 78, p. 99-109, 2014.

NOBRE, D. A. C.; DAVID, A. M. S. S.; MAIA, V. M.; RESENDE, J. C. F.; NOBRE, E. C. Caracterização morfométrica de uma população natural de macaúba no norte de minas gerais. *Engenharia Agrícola*, v. 30, n.3, p. 290-293, 2015.

NUCCI, S. M. Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba. 2007. 84 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Instituto Agronômico de Campinas, São Paulo, 2007.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 28, n. 6, p.877-888, nov./dez. 2012.

OLIVEIRA, M. do S. P. de; FARIAS NETO, J. T. de. Seleção massal em açazeiros para a produção de frutos. *Revista de Ciências Agrárias*, n.49, p.145-156, 2008.

PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

RESENDE, M. D. V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47), 2000.

RESENDE, M. D. V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 975 p, 2002.

RESENDE, V. D. M.; ALVES, S. R. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. *Functional plant Breeding Journal*. vol.2, n. 2, 31 p, 2020.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)*, 2007.

SALIS, S. M.; JUARACY, A. R. da M. A utilização da bocaiuva no Pantanal. Disponível em: < <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=BR20051812638>>. Acesso em: 16 jun. 2023.

SILVA, T. C. Cruzamentos dirigidos e caracterização de F1 de plantas de macaúbas. Tese. Viçosa, MG. 2019.

SCARIOT, A. O.; LLERAS, E. Reproductive biology of the palm *Acrocomia aculeata* in Central Brazil. *Biotropica*, v.23, s/n, p.12-22, 1991.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados. Viçosa, MG: UFV, 568 p, 2004.

TOLÊDO, D. de P. Análise técnica, econômica e ambiental de macaúba e de pinhão-manso como alternativas de agregação de renda na cadeia produtiva de biodiesel. 2010. 105 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

VAVILOV, N.I. Studies on the origin of cultivated plants. Leningrad: Institute of Applied Botany and Plant Breeding, 1926

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (ed). Melhoramento e produção do milho. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214, 1987.

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

VIANNA, S. A., BERTON, L. H. C., POTT, A., CARMELLO GUERREIRO, S. M.; COLOMBO, C. A. Biometric characterization of fruits and morphoanatomy of the mesocarp of *Acrocomia* species (Arecaceae). *International Journal of Biology*, 9(3), 78-92, 2017.

VILELA, M. Melhoramento de espécies perenes. In: Recursos Genéticos e Melhoramento- Plantas. Rondonópolis, MT: Fundação MT. Cap 14, p. 357-421, 2001.

WRIGHT, S. Variability within and among natural populations. Vol. 4, The University of Chicago Press, Chicago, 580p, 1978.