

SÍLVIA FERREIRA DE SÁ

**SELEÇÃO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE MACAÚBA PARA
CARACTERES FÍSICO-QUÍMICOS RELACIONADOS À AMÊNDOA**

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

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2022**

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

T

S111s
2022

Sá, Sílvia Ferreira de, 1996-
Seleção e divergência genética em acessos de macaúba para
caracteres físico-químicos relacionados à amêndoa / Sílvia Ferreira de
Sá. - Viçosa, MG, 2022.
1 dissertação eletrônica (49 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 41-49.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.648>

Modo de acesso: World Wide Web.

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

CDD 22. ed. 631.52

Bibliotecário(a) responsável: Euzébio Luiz Pinto CRB-6/3317


SÍLVIA FERREIRA DE SÁ

**SELEÇÃO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE MACAÚBA PARA
CARACTERES FÍSICO-QUÍMICOS RELACIONADOS À AMÊNDOA**


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

APROVADA: 24 de junho de 2022.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 SILVIA FERREIRA DE SA
Data: 28/06/2023 12:04:49-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Sílvia Ferreira de Sá
Autora

Documento assinado digitalmente
 SERGIO YOSHIMITSU MOTOIKE
Data: 28/06/2023 06:06:31-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Sérgio Yoshimitsu Motoike
Orientador

Dedico

*A minha mãe Maria Inês Ferreira de Sá e
Meu pai Silvano Barboza de Sá.*

Ofereço

*Aos meus irmãos Silvanei, Silvana, Silmara
Ao meu sobrinho João Victor e minha tia Joana.*

*“Até aqui nos ajudou o senhor”
1 Samuel 7:12*

AGRADECIMENTOS

A Deus porque até aqui tem me ajudado e sustentado.

Aos meus pais Maria Inês Ferreira, Silvano Barboza pelo amor, ensinamentos, por todo o apoio e carinho que me deram durante esta caminhada.

Aos meus irmãos Silvanei Ferreira, Silvana Ferreira, Silmara Ferreira e minha tia Joana Ferreira que sempre me apoiaram e me encorajaram a lutar pelos meus sonhos. Ao meu sobrinho João Victor e a todos os meus familiares que sempre me incentivarão.

Meus agradecimentos ao meu orientador Sérgio Motoike pela orientação acadêmica, por todos os ensinamentos, pelo apoio e pela oportunidade.

À pesquisadora Kacilda Naomi Kuki pela disposição em ajudar e pelas sugestões muito obrigada.

A minha coorientadora Simone Palma Favaro pelos ensinamentos e pela grande oportunidade que me concedeu de realizar meu trabalho na Embrapa Agroenergia.

Ao meu Coorientador Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição que desde da graduação tem me acompanhado minha trajetória. Muito obrigada pelos incentivos, ensinamentos e paciência.

Às amigas: Maria Eduarda, Géis Ferreira, Lavinia Barbosa, Neide Rodrigues, Wallison Ataides, Bruna Lopes, Wassali, Dwilliam e Luísa Cristina. Obrigada pelo apoio, pelo carinho e por estarem sempre ao meu lado me incentivado.

À Maria Antonia pela disposição em ajudar e pelas sugestões muito obrigada.

Ao meu pastor Fonseca e minha pastora Fernanda e a todos os membros da IEADE Recanto das Emas, Brasília - DF. Obrigada por todas as orações e apoio.

Agradeço à Embrapa Agroenergia pela oportunidade e aos analistas Wesley Gabriel de Oliveira Leal e Diogo Keiji Nakai pelos ensinamentos e suporte prestado.

À todos os funcionários e colegas do setor de Fruticultura do Departamento de Agronomia da UFV.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade e por todo aprendizado.

À Embrapa Agroenergia pela oportunidade, colaboração prestada e por todo aprendizado adquirido.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) e CNPq. Meu muito obrigada!

RESUMO

SÁ, Sílvia Ferreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2022. **Seleção e divergência genética em acessos de macaúba para caracteres físico-químicos relacionados à amêndoa.** Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma palmeira nativa do Brasil reconhecida atualmente como uma espécie oleaginosa promissora. Destaca-se pela potencial utilização econômica, em termos energéticos, com o uso do óleo da polpa para produção de biodiesel. Já o óleo das amêndoas possui maior valor de mercado por sua ampla aplicação na indústria de alimentos e cosméticos. Assim, o objetivo deste trabalho foi quantificar e selecionar estudo da divergência genética em acessos de macaúba da Coleção Biológica da UFV para caracteres físico-químicos relacionados à amêndoa. Foram avaliadas amêndoas de frutos de 55 acessos de famílias de meios-irmãos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba) oriundos de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo, Pará, Pernambuco e Paraíba. Foram analisados os seguintes caracteres relacionados à amêndoa: massa seca de amêndoa (g), teor de proteína (%), massa de proteína (g/fruto), teor de óleo (%) massa de óleo (g/fruto), diâmetro longitudinal (mm) diâmetro horizontal (mm) e volume (cm³); além do perfil de ácidos graxos. Modelos mistos (REML-BLUP) foram empregados para estimar os parâmetros genéticos e valores genéticos preditos. A análise de divergência foi realizada via Distância Euclidiana e Componentes Principais por meio dos valores genéticos preditos para caracteres da amêndoa e perfil de ácidos graxos. Com base em matrizes de distância foram contruídos dendogramas pelo método de agrupamento UPGMA. Na análise de componentes principais foram gerados gráficos bidimensionais com base nos escores obtidos a partir dos dois primeiros componentes principais. Para o ranqueamento das famílias e estimativas de ganhos de seleção foram empregados os índices Aditivo, Mulamba-Rank e Multiplicativo. O dendrograma baseado em caracteres da amêndoa mostrou a formação de quatro grupos e a dispersão gráfica dos escores dos acessos plotados em espaço bidimensional apresentou padrão correlato ao agrupamento observado no dendrograma. Os dois primeiros componentes principais CP1 e CP2 explicaram 84,1% da divergência total. Os caracteres mais importantes associados ao CP1 e CP2, foram massa seca de amêndoa e massa de óleo, respectivamente. O segundo dendrograma baseado apenas no perfil de ácidos graxos mostrou a formação de seis grupos. A dispersão gráfica dos escores dos acessos plotados em espaço bidimensional apresentou padrão correlato ao

agrupamento observado no dendrograma. Os dois primeiros componentes principais CP1 e CP2 explicaram 75,6% da divergência total. Os caracteres mais importantes associados ao CP1 e CP2, foram ácidos graxo láurico e o total de ácidos graxos saturados. O índice de seleção Mulamba-Rank mostrou-se mais eficiente em ganhos simultâneos para as características de massa seca da amêndoa (11,14%), teor de proteína (0,59%) e teor de óleo (0,69%). O emprego de Modelos Mistos foi efetivo na caracterização da variabilidade e estruturação do germoplasma. Os caracteres relacionados à amêndoa (massa seca, teor de proteína e teor de óleo) foram os que contribuíram com o objetivo para o melhoramento. Há variabilidade no perfil de ácidos graxos entre os 55 genótipos estudados. Cruzamentos entre genótipos superiores e distantes geneticamente poderão ser promissores visando à obtenção de genótipos recombinantes com desempenhos superiores.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*. Modelos mistos. Parâmetros genéticos. Índice de seleção.

ABSTRACT

SÁ, Sílvia Ferreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, June 2022. **Selection and genetic divergence in macaúba accessions for physicochemical characters related to almond.** Advisor: Sérgio Yoshimitsu Motoike.

Macaúba (*Acrocomia aculeata*) is a palm tree native to Brazil currently recognized as a promising oilseed species. It stands out for its potential economic use, in terms of energy, with the use of pulp oil to produce biodiesel. Almond oil, on the other hand, has a higher market value due to its wide application in the food and cosmetics industry. Thus, the objective of this work was to quantify and select the study of genetic divergence in macaúba accessions from the UFV Biological Collection for physicochemical characters related to almond. Fruit kernels from 55 accessions of half-sib families of the Active Germplasm Bank of Macaúba (BAG-Macaúba) from Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo, Pará, Pernambuco and Paraíba were evaluated. The following almond-related characters were analyzed: protein dry mass (g), protein content (%), protein mass (g/fruit), oil content (%) oil mass (g/fruit), longitudinal diameter (mm) horizontal diameter (mm) and volume (cm³); in addition to the fatty acid profile. Based on distance matrices, dendograms were constructed using the UPGMA clustering method. In the principal components analysis, two-dimensional graphs were generated based on the scores obtained from the first two principal components. For the ranking of families and estimates of selection gains, the Additive, Mulamba-Rank and Multiplicative indices were used. The dendrogram based on almond characters showed the formation of four groups and the graphic dispersion of the scores of the accessions plotted in two-dimensional space showed a pattern correlated to the grouping observed in the dendrogram. The first two principal components CP1 and CP2 explained 84.1% of the total divergence. The most important characters associated with CP1 and CP2 were almond mass and oil mass, respectively. The second dendrogram based only on the fatty acid profile showed the formation of six groups. The graphic dispersion of the scores of the accessions plotted in two-dimensional space showed a pattern correlated with the grouping observed in the dendrogram. The first two principal components CP1 and CP2 explained 75.6% of the total divergence. The most important characters associated with CP1 and CP2 were lauric fatty acids and total saturated fatty acids. The Mulamba-Rank selection index proved to be more efficient in simultaneous gains for the characteristics of almond dry mass (11.14%), protein content (0.59%) and oil content (0.69%).

The use of Mixed Models was effective in characterizing the variability and structuring of the germplasm. The almond-related characters (weight, protein content and oil content) were the ones that contributed to the objective for the improvement. There is variability in the fatty acid profile among the 55 genotypes studied. Crosses between superior and genetically distant genotypes may be promising in order to obtain recombinant genotypes with superior performances.

Keywords: *Acrocomia aculeate*. Mixed models. Genetic parameters. Selection index.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	10
2. REVISÃO BIBLIOGRAFICA.....	12
2.1 Macaúba.....	12
2.2 Frutos: Usos e Redimentos.....	13
2.3 Características Físico-químicas do Óleo na Amêndoa.....	15
2.4 Diversidade Genética	16
2.4.1 Estudos Genéticos em Macaúba.....	16
2.4.2 Metodologias dos Modelos Mistos e Índices de Seleção.....	18
3. OBJETIVO GERAL.....	20
3.1 Objetivos específicos.....	20
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
4.1 Parâmetros Biometricos.....	23
4.2 Determinação do óleo e do perfil de ácidos graxos.....	23
4.2.1 Preparo de Amostra.....	23
4.2.2 Derivatização das Amostras.....	23
4.2.3 Análise Cromatográfica.....	24
4.3 Determinação do teor de óleo e da massa de óleo por amêndoa.....	25
4.4 Determinação do teor de proteína e da massa de proteína por amêndoa.....	25
4.5 Análise Estatística.....	25
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
5.1 Parâmetros genéticos e ganho de seleção.....	26
5.2 Análise de divergência genética para caracteres relacionados à amêndoa.....	31
5.3 Análise de divergência genética com base no perfil de ácidos graxos do óleo da amêndoa.....	35
6. CONCLUSÃO.....	40
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	41

1. INTRODUÇÃO

Os óleos vegetais produzidos no mundo são representados em grande parte pelas culturas oleaginosas da palma e da soja. Segundo o departamento de agricultura dos Estados Unidos (United States, 2020), a produção global de oleaginosas deve crescer 5% em 2021 enquanto o consumo é previsto para aumentar 2%. O Brasil ocupa a 7ª posição na produção de óleos vegetais, com uma produção de 9,85 milhões de toneladas anuais (United States, 2020). Esta demanda se deve, sobretudo para o segmento de alimentação, puxada pelo mercado chinês e pelo aumento constante da população mundial (SANTOS et al., 2012; VALIM, 2017). Também a aplicação para biocombustíveis, em especial, o biodiesel, tem alavancado os aumentos progressivos, principalmente em países asiáticos, de acordo com British Petroleum - BP (2020).

Além desta crescente demanda, existe uma mudança no perfil de produto dentro do setor oleoquímico. A demanda por óleos já fracionados tem aumentado e gera produtos de maior valor agregado. Este tipo de insumo possui diversas aplicações e podem atender os mercados da indústria alimentícia, cosméticos, domissanitários, tintas, plásticos, borrachas, lubrificantes entre outros (FAIRBANKS, 2003). Os ácidos graxos, por serem biodegradáveis e oriundos de matérias primas renováveis, vai de encontro com a crescente demanda mundial por produtos ecologicamente corretos, o que os tornam produtos valiosos para o processamento e industrialização (MEDEIROS, 2013). O óleo natural, pode não atender as necessidades do mercado, contudo, pode ser modificado pelo uso de diversas tecnologias. Por outro lado, a introdução de novas fontes oleaginosas também pode ser uma alternativa na busca por óleos com características diferenciadas sem modificações tecnológicas (KAWAZOE, 2014).

O Brasil é um país de clima tipicamente tropical, e por isso apresenta uma considerável diversidade de espécies oleaginosas. A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é um desses exemplos, planta nativa do cerrado e em outros territórios do país, no entanto, sua exploração comercial ainda é diminuta (COSTA et al., 2014). A palmeira macaúba se assemelha à espécie oleífera mais produtiva, a palma de óleo (*Elaeis guineensis*), devido ao seu potencial em produtividade e qualidade de óleo (MOTOIKE & KUKI; 2009; PIRES et al, 2012; MAPA, 2015). A macaúba se destaca pela produção de dois tipos de óleo, o do mesocarpo e o da amêndoa, que podem ser destinados para diversos fins nas indústrias alimentícias, oleoquímicas e de biodiesel (CESAR et al., 2015; CARDOSO et al., 2017). Além disso, os resíduos sólidos do fruto podem gerar coprodutos de valor mercadológico (PADILHA et al., 2015).

A amêndoa deste fruto tem despertado grande interesse sócio-econômico e é referenciada como fonte de ácidos graxos, tais como o oléico, láurico e palmítico (NUCCI, 2007). Mudanças na composição de ácidos graxos através do melhoramento convencional são possíveis de acordo com Fehr (2007), e tem sido bem sucedida na cultura da soja para atender o mercado consumidor. Além de lipídios há outros nutrientes de destaque na composição química da amêndoa de macaúba: proteínas, fibras e minerais, tais como o cálcio, fósforo e manganês (HIANE, 2005). Assim, informações sobre características biométricas e nutricionais do fruto da amêndoa, bem como sua correlação, podem fornecer subsídios para seleção de amêndoa, aproveitamento das partes comestíveis e estudos de viabilidade econômica dos seus frutos, visando subsidiar o uso sustentável dessa espécie (CHUBA et. al., 2008).

Os bancos ativos de germoplasma são fundamentais em um programa de melhoramento, pois, além de conservar a diversidade, constituem fonte de material genético para o melhoramento e por meio da seleção de plantas com características desejáveis para a amêndoa. Segundo Farias Neto et al. (2013) o melhoramento genético depende da correta escolha dos melhores indivíduos que serão utilizados como genitores, sendo a estimação de parâmetros genéticos dos caracteres de interesse e diversidade genética a base indispensável para o sucesso do programa.

Para realização de tais estudos genéticos a metodologia REML/BLUP, baseada na estimação de componentes de variância via máxima verossimilhança residual (REML), e predição de valores genéticos e a seleção via melhor predição linear não viesada (BLUP), têm substituído o método ANOVA na análise de experimentos e apresenta ampla aplicação em espécies vegetais perenes como fruteiras e frutíferas agroindustriais (VIANA & RESENDE, 2014). O uso de modelos mistos com efeitos aleatórios de tratamentos permite a simultânea correção dos efeitos ambientais e conduz à minimização dos erros de predição e predição não viciada dos valores genéticos (RESENDE, 2004).

No entanto, além de serem divergentes, é desejável proceder o cruzamento entre materiais que apresentem bom desempenho para garantir o sucesso das progênies (NASCIMENTO et al., 2014). Para selecionar genótipos, considerando uma combinação de características desejáveis, pode-se utilizar um índice de seleção que permite avaliar um agregado genotípico (FREITAS et al., 2013). Ao empregar os índices de seleção, estima-se um valor numérico denominado valor genotípico agregado de cada progênie. Este funciona como carácter adicional (super carácter) que é resultante da combinação de determinadas características selecionadas (SMITH, 1936). Os vários índices permitem adquirir resultados precisos, rápidos e com maior acurácia para o melhoramento da população. Dentre os índices

avaliados, tem-se destacado a soma de ranks de MULAMBA & MOCK (1978), clássico de SMITH (1936) e HAZEL (1943) e o índice multiplicativo em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres (ELSTON, 1963). Desse modo, é de extrema importância a realização de estudos afim de empregar estes índices na avaliação e seleção de acessos de macaúba e, assim, tornar os programas de melhoramento desta espécie mais eficiente com ganhos genéticos simultâneos para características de interesse.

A disponibilização de materiais genéticos para propagação com maior potencial produtivo é um fator essencial para o estabelecimento sustentável da cadeia produtiva da macaúba. Neste sentido, a caracterização físico-química de amêndoas de acessos de diversos biomas do Brasil irá colaborar para o avanço do melhoramento da macaúba, além de auxiliar no direcionamento do produto para aplicações industriais. Diante disto, esse trabalho tem como objetivo a seleção e divergência genética em acessos de macaúba da Coleção Biológica da UFV para caracteres físico-químicos relacionados à amêndoa.

2. REVISÃO BIBLIOGRAFICA

2.1 Macaúba

A macaúba, *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. Ex Mart., é conhecida popularmente como: macaúba, macaíba, macaiúva, mocajá, mocujá, mucajá, bacaiúva, bocaiuva, coco-de-ctarro ou coco-de-espinho, imbocaiá, umbocaiuva (LORENZI & MATOS, 2002). É apontada como a mais promissora entre as espécies nativas na busca por oleaginosas alternativas (CONCEIÇÃO et al., 2015). É considerada no Brasil a palmeira de maior dispersão, com ocorrência em maços naturais em quase todo o território nacional. Suas maiores concentrações estão localizadas principalmente nos Estados de Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás, São Paulo, Minas Gerais e Tocantins, sendo amplamente disseminada pelas áreas do Cerrado e Pantanal (RATTER, BRIDGEWATER & RIBEIRO, 2003).

É uma palmeira monoica; o seu estipe pode atingir mais de 15 m de altura com 20 a 30 cm de diâmetro, constantemente, coberto pelas bases das bainhas, que se conservam no caule por muitos anos. O estipe é coberto de espinhos escuros, pontiagudos com cerca de 10 cm de comprimento. As folhas verdes, ordenadas em diferentes planos, são pinadas com comprimento variando de 4 a 5 m, apresentando aproximadamente 130 folíolos de cada lado e espinhos na região central (LORENZI et al., 1996). As inflorescências são amareladas e agrupadas em cachos pendentes com comprimento de 50 a 80 cm protegidas por uma espata de até 2 m de

comprimento. A floração ocorre entre setembro a fevereiro, variando entre as regiões. As flores são de cor amarelo-clara, são unissexuais e ambos os sexos aparecem numa mesma inflorescência, cujas flores femininas nascem na base da inflorescência e as masculinas no topo (COSTA, 2009).

Sendo uma espécie supra-anual, a frutificação ocorre durante todo o ano, com sobreposição de safras, e os frutos amadurecem principalmente entre os meses de setembro e janeiro (FARIA, 2010; LORENZI, 2006; CETEC, 1983; NUCCI, 2007). Os frutos são esféricos com diâmetro variando de 2,5 a 5,0 cm, sendo dispostos em cachos. O epicarpo (casca) apresenta cor marrom-amarelada e se rompe facilmente quando maduro. O mesocarpo (polpa) é comestível, fibroso, de sabor adocicado, de cor amarela ou esbranquiçada. O endocarpo é fortemente aderido à polpa, sendo muito rígido e de cor negra. Os frutos apresentam amêndoas (semente) oleaginosas comestíveis que permanecem envolvidas pelo endocarpo.

2.2 Frutos: Usos e Redimentos

Diversos estudos mostram a qualidade nutricional da polpa (RAMOS et al., 2008) e da amêndoa da macaúba (HIANE et al., 2006) e a superioridade em macro e micronutrientes do fruto comparado a outras fruteiras tropicais do Brasil (OLIVEIRA et al., 2006). Dos frutos de macaúba pode-se extrair óleo tanto da polpa quanto da amêndoa. Estes óleos apresentam composições diferenciadas (tabela 1). O óleo extraído da polpa, rico em ácido oleico, pode ser utilizado em indústrias alimentícia e de biocombustíveis, enquanto que o óleo da amêndoa, rico em ácido láurico, apresenta qualidade nutricional para o consumo humano (HIANE et al., 2005), potencial de utilização na indústria de fármacos (LESCANO et al., 2015) e de cosméticos (CALLEGARI et al., 2014)

Após a extração dos óleos, os resíduos podem ter destinos nobres, dando origem a coprodutos de valor agregado. A torta da polpa e da amêndoa apresenta potencial de utilização na alimentação humana e em ração animal como, por exemplo, para caprinos (RUFINO et al., 2011) e ovinos (AZEVEDO et al., 2012; FONSECA et al., 2012). O endocarpo e a casca constituem matéria-prima para biomassa, destinada à produção de energia calorífica, além disso, o endocarpo também pode ser transformado em carvão ativado.

O potencial produtivo da macaúba foi estimado em vários estudos realizados em populações naturais de diversas regiões do País (BERTON et al., 2012; CICONINI et al., 2013;

CONCEIÇÃO et al., 2015; EVARISTO et al., 2016; JUNQUEIRA et al., 2019). Berton et al. (2012) estimaram produções acima de 10 toneladas/ha de óleo em plantas superiores de populações de São Paulo e Minas Gerais. Evaristo et al. (2016) em estudo realizado com plantas da região de Montes Claros, Minas Gerais, verificaram produções acima de 6,7 toneladas/ha de óleo considerando a seleção dos dez genótipos mais produtivos. Na região do Estado de Mato Grosso do Sul, valores estimados com base em observações de genótipos de macaúba de Campo Grande chegaram a 1.049 kg/ha de rendimento de óleo na polpa e 420 kg/ha de rendimento de óleo na amêndoa, considerando a mesma densidade de 400 plantas/ha e eficiência de extração de 70% (CICONINI et al., 2013).

Em estudo com cinco populações abrangendo Minas Gerais, Goiás e Distrito Federal (JUNQUEIRA et al., 2019), maciços observados na região do Alto Paranaíba-MG, as melhores plantas alcançaram estimativas de 6,9 toneladas ha⁻¹ de óleo de polpa, 1,2 toneladas ha⁻¹ de óleo de amêndoa, 19,3 toneladas ha⁻¹ de endocarpo, o qual é utilizado como matéria-prima para produção de carvão vegetal, e 24,5 toneladas ha⁻¹ de resíduo de polpa e da amêndoa, que constituem a torta, podendo ser utilizada para a produção de ração ou farelo para alimentação animal. Com uma produção geral de 114,1 kg/planta/ano, considerando as melhores plantas de todas as regiões avaliadas, a produtividade esperada é de pelo menos 45,6 toneladas ha⁻¹ de cachos para uma densidade de cultivo de 400 plantas ha⁻¹. Considerando uma eficiência de 70% da extração, o rendimento bruto de óleo por prensagem do fruto fresco poderá atingir 4,0 toneladas ha⁻¹ de óleo da polpa e 0,8 toneladas ha⁻¹ de óleo da amêndoa (JUNQUEIRA et al., 2019) (Figura 3).

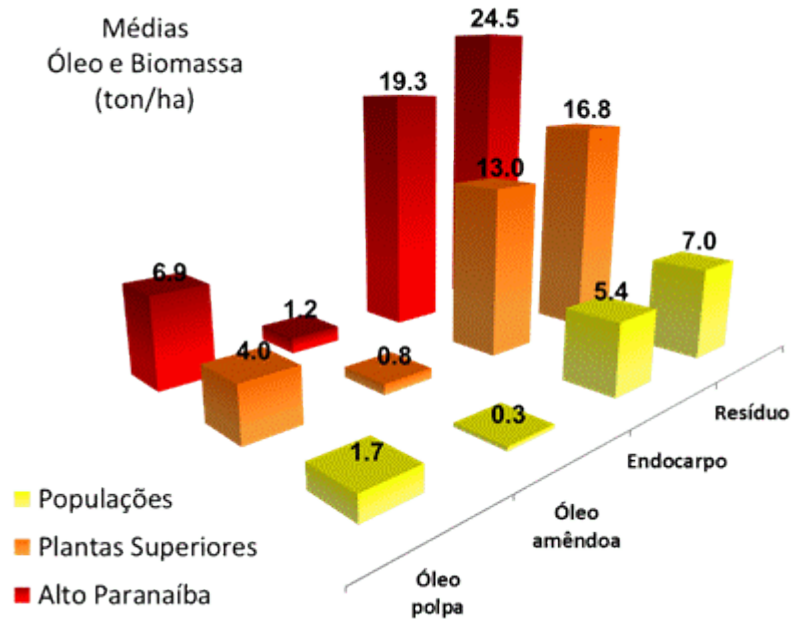


Figura 1. Estimativa de potencial produtivo de óleo e biomassa com base em avaliações de cinco populações naturais de macaúba (Alto Paranaíba, Montes Claros, Lavras, Distrito Federal, Formosa e Combinado). Média das cinco populações avaliadas (Populações), média das plantas superiores/população (Plantas Superiores) e média das superiores da melhor população (Alto Paranaíba). (Fonte: CONCEIÇÃO et al., 2015; JUNQUEIRA et al., 2019).

Assim, como já mencionado, há inúmeras possibilidades de uso deste recurso genético da biodiversidade para nutrição humana, ração animal, energia e produção de óleo para múltiplas finalidades como cosméticos, fármacos e biocombustíveis, remetendo a uma abordagem de biorrefinaria como proposta por Favaro & Miranda (2013), visando o aproveitamento total da matéria prima.

No entanto, estes autores mencionam que para o aproveitamento de espécies, como a macaúba, neste contexto será necessário romper desafios, entre os quais, destacam-se desenvolvimento de sistemas racionais de produção e melhor caracterização quanto aos possíveis produtos de alto valor agregado.

2.3 Características Físico-químicas do Óleo na Amêndoa

O óleo extraído das amêndoas é de cor amarela clara, possui um aroma característico e se solidifica a temperaturas inferiores a 20 °C. A amêndoa não se deteriora facilmente como a polpa da macaúba, podendo ser armazenada por longos períodos, desde que mantida em local adequado e com baixa umidade (RETTORE & MARTINS, 1983; CLEMENT et al., 2005). Destacam-se em sua composição os ácidos graxos saturados, láurico, mirístico e palmítico, além do ácido oleico que é monoinsaturado (NUCCI, 2007) (Tabela 1). Essa composição tem influência direta no destino econômico dos óleos. Ressalta-se que, além dos lipídios citados, há outros nutrientes de destaque na composição química da amêndoa de macaúba: proteínas, fibras e minerais, tais como o cálcio, fósforo e manganês (HIANE et al., 2005). Dessa forma, o valor nutricional oferecido por esta parte do fruto pode trazer benefícios à saúde humana (HIANE et al., 2006).

Tabela 1. Composição de ácidos graxos na amêndoa da Macaúba.

Ácido Graxo			
Nome Usual	Símbolo	Amêndoa	
Caprílico (%)	C8:0	4,4	
Cáprico (%)	C10:0	--	
Laúrico (%)	C12:0	38,0	
Mirístico (%)	C14:0	9,2	
Palmítico (%)	C16:0	7,8	
Palmitoleico (%)	C16:1	--	
Esteárico (%)	C18:0	--	
Oléico (%)	C18:1	28,7	
Linoléico (%)	C18:2	4,3	
Linolênico (%)	C18:3	--	

Fonte: JUNQUEIRA, 2019.

2.4 Diversidade Genética

2.4.1 Estudos Genéticos em Macaúba

A diversidade genética é de grande importância para o melhoramento, visto que uma vez explorada adequadamente, pode reduzir vulnerabilidade da cultura a doenças e, ao mesmo tempo, acelerar o progresso genético para determinados caracteres (CUI et al., 2001). Dessa forma, a conservação de recursos genéticos é garantia de genes para a sustentabilidade dos trabalhos de melhoramento de plantas (WETZEL, 2006).

Os recursos genéticos vegetais são de fundamental importância para o agronegócio do Brasil e do mundo. Neste sentido, a pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal é uma das principais atividades para a inovação com resultados significativos de ganhos pela agricultura brasileira nas últimas décadas. O processo de melhoramento é altamente dependente da base genética existente, evidenciando a necessidade da coleta, caracterização e conservação deste recurso em banco de germoplasma, servindo de insumo para o desenvolvimento de cultivares (QUEIROZ & LOPES, 2007). Entretanto, um dos pontos críticos para que o melhorista possa utilizar novos acessos de um banco de germoplasma é a carência de informação (TOMBOLATO et al., 2004).

Atualmente o maior Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba), Registro nº 084 - 2013/CGEN/MMA, da Rede Macaúba de Pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (REMAPE/UFV), destaca-se como um dos mais importantes bancos de acessos de *A. aculeata* do mundo. Implantado em 2009 na Fazenda Experimental de Araponga/MG (20°40'1"S, 42°31'15"W), a coleção possui atualmente 253 famílias maternas, composto aproximadamente por 1500 acessos representativos de quase todas as regiões brasileiras (SILVEIRA et al., 2013).

O conjunto de acessos da coleção viva do BAG-Macaúba possui uma ampla variabilidade fenotípica, e constitui um importante recurso para se iniciar os esforços de melhoramento genético, e conseqüentemente, a domesticação da espécie (MANFIO, 2010; MANFIO et al., 2012). Neste contexto, a intensificação das atividades relacionadas com o pré-melhoramento é fundamental para os propósitos de programas de melhoramento, visando avanços na seleção de genótipos potenciais para a produção de óleo e biomassa.

O BAG-Macaúba tem proporcionado a geração de importantes informações por meio de diversos estudos já realizados, como citados a seguir:

- LOPES (2013) protocolo de implantação do banco de germoplasma de macaúba da Universidade Federal de Viçosa (BAG - MACAÚBA).

- RUEDA (2014) sobre avaliação de germoplasma para o melhoramento e a conservação da macaúba.
- NASCIMENTO (2015): avaliação dos efeitos da variação da umidade e temperatura em grãos de pólen armazenados e adaptação de metodologia de polinização controlada, através do uso de diferentes doses de pólen e do agente dispersor (talco).
- COSTA (2016): parâmetros genéticos, diversidade genética e seleção dos acessos de macaúba (*acrocomia aculeata*).
- PIRES (2017): diversidade morfofisiológica, anatômica e genética entre populações de macaúba procedentes de diferentes biomas.
- NASCIMENTO (2018): estabelecimento de um protocolo, para obtenção de clones, de calogênese *in vitro* a partir de folíolos imaturos de plantas adultas de macaúba.
- SILVA (2019): Cruzamentos dirigidos e caracterização de híbridos F1 de plantas de macaúbas.

2.4.2 Metodologias dos Modelos Mistos e Índices de Seleção

As metodologias dos modelos mistos são utilizadas como um procedimento ótimo para seleção. Envolve a estimação dos componentes de variância pelo método de máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não-viciada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP). Como resultado tem-se um processo de seleção mais acurado (RESENDE, 2002; ALVES e RESENDE, 2008).

Segundo RESENDE (2002) o uso de técnicas de avaliação genética, com base em modelos mistos tipo REML/BLUP, tende a maximizar os ganhos genéticos obtidos, por se tratar de um procedimento estimativo, especialmente para dados desbalanceados. A utilização da metodologia REML/BLUP tem-se tornado cada vez mais comum no melhoramento de plantas, especialmente de plantas perenes. Os procedimentos analíticos dos modelos mistos têm ganhado grande aplicação no melhoramento de plantas, sobretudo em espécies florestais. Para essas espécies, tem-se o relato de trabalhos com o eucalipto, visando à estimação dos valores genéticos e seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos (ROCHA et al., 2006); com

seringueira para a seleção simultânea de porte baixo e alta produção de látex (COSTA et al., 2008;); com pinhão-manso para seleção de indivíduos entre e dentro de famílias de meios-irmãos (LAVIOLA et al., 2010). Em fruteiras, citam-se estudos recentes com mamão visando estimar parâmetros genéticos e valores genotípicos em duas populações segregantes (Calimosa-F2 e Tainung-F2) (OLIVEIRA et al., 2012); e açaí, objetivando a avaliação e seleção genotípica de progênies de polinização aberta utilizando dados desbalanceados (FARIAS NETO et al., 2012). Além destes, há relatos de trabalhos com acerola (PAIVA et al., 2002) e cupuaçu (ALVES et al., 2008).

Um modelo é considerado misto quando possui um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. Tal modelo possibilita adaptar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios. Assim, é possível obter estimativas para os efeitos fixos e predições para os efeitos aleatórios (CANDIDO, 2009). Em função disso e da necessidade de inferências em nível genético e não fenotípico, o procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não-viciada). Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento, conduzindo a estimações e predições de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente. O procedimento BLUP maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior ou, pelo menos, igual a qualquer outro método (RESENDE, 2002; FARIAS NETO et al., 2009).

As principais vantagens práticas da metodologia REML/BLUP na estimação simultânea de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos são: permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações e anos) e espaço (locais e blocos); não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação; permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados; permite utilizar simultaneamente grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais concisas (HENDERSON, 1984; RESENDE, 2002).

Uma maneira de aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres utilizando o índice de seleção (CRUZ et al., 2004). A utilização de um índice de seleção permite combinar as informações obtidas nas parcelas, de modo a possibilitar a seleção com base em um conjunto de variáveis que reúnam os atributos de interesse (CRUZ & REGAZZI, 1994). Assim, a seleção simultânea de um

conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento.

Existem vários tipos de índices de seleção, e entre os mais utilizados encontram-se: (a) índice aditivo, ou índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), em que são fornecidos as importâncias econômicas relativas ou pesos dos caracteres; (b) índice multiplicativo em que o agregado genotípico refere-se ao produto dos caracteres (ELSTON, 1963); (c) índice de rank médio, adaptado de Mulamba & Mock (1978), em que os valores genotípicos são classificados para cada caráter e a média dos rankings de cada genótipo para todos os caracteres é apresentada como resultado final.

Dessa forma, o índice de seleção constitui-se em um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea (CRUZ et al., 2004).

3. OBJETIVO GERAL

Caracterização e seleção de acessos do Banco de Germoplasma-Macaúba (BAG-Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa com base em caracteres físico-químicos relacionados à amêndoa do fruto de macaúba com emprego de modelos mistos.

3.1 Objetivos específicos

1. Caracterizar parâmetros biométricos e composição química dos acessos de macaúba;
2. Estimar o ganho genético nos caracteres da amêndoa por meio do emprego de índice de seleção;
3. Estimar parâmetros genéticos com base em modelos mistos;
4. Caracterizar a variabilidade genética em germoplasma de macaúba com base nos caracteres da amêndoa e do perfil de ácidos graxos;

4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas amêndoas de frutos de 189 indivíduos entre os 55 acessos formado por progênies de meios-irmãos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba), da Rede Macaúba de Pesquisa da Universidade Federal de Viçosa (REMAPE/UFV), localizado na fazenda experimental em Araponga – MG (20°40'1”S, 42°31'15”W, 1000 m de altitude) os genótipos avaliados são de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, São Paulo, Pará, Pernambuco e Paraíba conforme descrito na (Tabela 2).

Tabela 2. Identificação dos acessos de macaúba do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG-Macaúba) e respectivos locais e regiões geográficas de origem.

Mesorregião	Número de Genótipos	Acesso (Código BAG)	Local de Coleta
Metropolitana BH	2	BGP4	Sete Lagoas - MG
	5	BGP7	Betim - MG
	7	BGP8	Lafaiete - MG
	5	BGP36	Brumadinho - MG
	3	BGP38	Esmeralda - MG
	4	BGP 48	Santa Luzia - MG
	4	BGP52	Avinópolis - MG
	8	BGP65	Belo Horizonte - MG
	4	BGP69	Pitangui - MG
	4	BGP81	Pitangui - MG
Campos das Vertentes	2	BGP83	Pitangui - MG
	3	BGP6	São João Del Rei - MG
	1	BGP14	São João Del Rei - MG
	4	BGP53	São João Del Rei - MG
	7	BGP70	São João Del Rei - MG
Centro Oeste do Brasil	7	BGP15	Barroso - MG
	3	BGP43	Barroso - MG
	2	BGP92	Mato Grosso do Sul - MS
	1	BGP94	Mato Grosso do Sul - MS
	1	BGP93	Mato Grosso do Sul - MS
	1	BGP100	Mato Grosso do Sul - MS
	3	BGP101	Mato Grosso do Sul - MS

	1	BGP102	Mato Grosso do Sul - MS
	4	BGP104	Mato Grosso do Sul - MS
	2	BGP105	Mato Grosso do Sul - MS
	2	BGP106	Mato Grosso do Sul - MS
	2	BGP114	Mato Grosso do Sul - MS
	4	BGP119	Mato Grosso do Sul - MS
	1	BGP120	Mato Grosso do Sul - MS
Norte do Brasil	2	BGP133	Curionópolis - PA
	1	BGP99	Curionópolis - PA
Nordeste do Brasil	1	BGP123	Paraíba - PB
	7	BGP82	Pernambuco - PE
	5	BGP55	Patrocínio - MG
	1	BGP33	Patrocínio - MG
	2	BGP88	Patrocínio - MG
	4	BGP134	Patrocínio - MG
Triângulo Mineiro e Alto Paranaíba	2	BGP80	Santa Rosa da Serra - MG
	7	BGP12	Ibiá - MG
	3	BGP64	Ibiá - MG
	3	BGP132	Lagoa Formosa - MG
	4	BGP137	Lagoa Formosa - MG
	1	BGP56	Lagoa Formosa - MG
Central de Minas	3	BGP20	Martinho Campos - MG
	3	BGP37	Martinho Campos MG
	5	BGP50	Abaeté - MG
	2	BGP75	Bom Despacho - MG
Noroeste de Minas	4	BGP74	Maribela - MG
Norte de Minas	1	BGP67	Bocaiúva - MG
Sudeste do Brasil	2	BGP35	Mirandópolis - SP
	3	BGP47	Paraguaçu Paulista - SP
Oeste de Minas	7	BGP26	Itaúna - MG
	9	BGP136	São Roque de Minas - MG
Zona da Mata de Minas	5	BGP9	Piranga - MG

Não Identificado

5

BGP58

Não Identificado

Os frutos maduros foram coletados e encaminhados para laboratório de pós-colheita localizado no setor de Fruticultura pertencente ao departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, onde foram lavados e sanitizados. As amêndoas foram retiradas do fruto manualmente, com o auxílio de um torno mecânico.

4.1 Parâmetros Biométricos

Foram selecionadas seis amêndoas *in natura* de cada genótipo no Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal da Universidade Federal de Viçosa. As amêndoas foram avaliadas com relação aos seguintes caracteres biométricos:

1. Massa seca (MS, g) determinada a partir da massa úmida multiplicada pelo valor de porcentagem de matéria seca.
2. Diâmetro longitudinal (DL, mm) e diâmetro transversal (DT, mm) - medidos com paquímetro digital.
3. Volume (V, cm³) - medido com uma proveta de 100 ml.

4.2 Determinação do teor de óleo e do perfil de ácidos graxos

As amêndoas foram levadas para o laboratório de processos químicos (LQB) em Brasília – DF na Embrapa Agroenergia, onde foram realizadas as determinações do perfil de ácidos graxos num mesmo procedimento, baseando-se na extração e derivatização direta dos ácidos graxos na matriz da amostra.

4.2.1 Preparo de Amostra

A homogeneização das amostras foi realizada por meio de moagem criogênica. Neste processo as amêndoas foram adicionadas de nitrogênio líquido e moídas em moinho Analítico A 11 Basic - Ika Specials FG. A seguir procedeu-se a liofilização das amostras por 42 horas

(liofilizador modelo K120, LIOTOP). As amostras assim preparadas foram mantidas a $-18\text{ }^{\circ}\text{C}$ para posteriores análises.

4.2.2 Derivatização das Amostras

Alíquotas de 200 mg de amostras liofilizadas foram transferidas para tubos de ensaio e secas em estufa a $105\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 1 hora. Adicionaram-se-se 4 mL de heptano (Sigma-Aldrich). Com os tubos fechados, a mistura foi mantida em banho-maria a $90\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 1,5 hora. Ao final foram, os tubos foram agitados em vórtex seis vezes. Resfriou e adicionaram-se 3,2 mL de metanol (Sigma-Aldrich) e 0,92 mL de metóxido de sódio (Sigma-Aldrich). Novamente foi mantido em banho maria a $90\text{ }^{\circ}\text{C}$ por 15 minutos, agitando-se de 5 em 5 minutos. Após o resfriamento, adicionaram-se 4 mL de H_2SO_4 1,5 M em metanol, levando-se novamente ao banho maria por 15 minutos e agita-se de 5 em 5 minutos. Uma vez resfriado, adicionaram-se 8 mL de solução saturada de NaCl e 1 mL de padrão interno. O conteúdo foi homogeneizado e transferido para o tubo falcon de 50 mL e centrifugado 5000rpm por 5 minutos. A fase orgânica foi transferida para um vial de 1 mL. A metilação dos ésteres e posterior análise do perfil de ácidos graxos foram realizadas em uma repetição.

4.2.3 Análise Cromatográfica

O perfil de ácidos graxos foi determinado pelo método direto em Cromatógrafo a Gás com Detector Fid e Injetor HEADSPACE/SPME, modelo GC-2010 PLUS AF (SHIMADZU/Kyoto, Japão) equipado com injetor SPLIT, coluna capilar SP-2560 (75 m de comprimento x 18 mm, e diâmetro de $14\text{ }\mu\text{m}$) e detector de ionização de chama (FID). A temperatura de trabalho do detector e do injetor foi $240\text{ }^{\circ}\text{C}$ e a razão de split de 1:50. A temperatura inicial da coluna foi $150\text{ }^{\circ}\text{C}$, mantida por 5 min, elevada posteriormente à $180\text{ }^{\circ}\text{C}$ a uma taxa de $2\text{ }^{\circ}\text{C}$ por minuto e mantida em isoterma por 12 minutos. Por fim, a temperatura foi elevada a $220\text{ }^{\circ}\text{C}$ a uma taxa de $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ por minuto sendo então mantida em isoterma por 9 min. Utilizou-se como padrão uma mistura composta de 189 ésteres metílicos de ácidos graxos (Supelco, EUA), de C13:0. Os ácidos graxos foram identificados de acordo com os tempos de retenção e a quantificação foi feita por normalização da área (%).

4.3 Determinação do teor de óleo e da massa de óleo por amêndoa

O teor de óleo (%) foi estimado aplicando-se o fator de conversão 0,956 ao total da massa de ácidos graxos obtida por meio da cromatografia gasosa.

A massa de óleo (g) por amêndoa foi determinada a partir do teor de óleo em base seca.

4.4 Determinação do teor de proteína e da massa de proteína por amêndoa

O teor de proteína foi determinado pelo método de Dumas em analisador elementar CHNS/O, modelo PE2400 serie II (Perkin Elmer/Elemental microanalysis) e ultramicrobalança Perkin-Elmer AD-6. O teor de proteína foi obtido por meio da multiplicação do teor de nitrogênio pelo fator empírico 6,25 (INSTITUTO ADOLFO LUTZ, 2005).

A massa de proteína (g) por amêndoa foi determinada a partir do teor de proteína em base seca.

4.5 Análise Estatística

O delineamento empregado foi inteiramente casualizado (DIC), com número de repetições variando entre um e nove por progênie, de acordo com a disponibilidade de plantas para cada acesso que comõe o banco de germoplasma. Os dados foram analisados por meio de metodologia de modelos mistos, com o auxílio do software Selegen, procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita) / BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada) (RESENDE, 2007). A análise seguiu o modelo estatístico: $y = Xu + Zg + e$ (Modelo 83, Selegen REML/BLUP), em que “y” é o vetor de dados, “u” é o escalar referente à média geral (assumido como fixo) “g” é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML Individual): Vg, variância genotípica; Ve, variância residual; Vf, variância fenotípica individual; h²g, herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo; CV_{gi}%, coeficiente de

variação genotípica; $CVe\%$, coeficiente de variação experimental; CVr (razão CVg/CVe) coeficiente de variação relativa e média geral do experimento. Com base nos componentes da média (BLUP), e de variância (REML) obtidos pelo modelo, foram estimados “u + g” os valores genéticos preditos. Utilizou-se a análise multivariada, a Matriz de Distância genética foi obtida pela Distância Euclidiana Média (Selegen, Modelo 104), com base nas médias genéticas preditas estimadas dos caracteres. Para obtenção da Matriz cofenética e construção do dendograma foi utilizado o método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com auxílio do software NTSYS (ROHLF, 2000). Foi aplicado o teste de Mantel, baseado em 1000 reamostragens, para análise da correlação entre a matriz de distâncias originais e a matriz gráfica a fim de inferir sobre a consistência do agrupamento e sua representação gráfica em dendrograma.

A análise de componentes principais (Selegen, Modelo 103), foi aplicada considerando apenas as matrizes de valores genotípicos aditivos preditos e as correlações entre as variáveis. Foi gerado um gráfico bidimensional com base nos escores obtidos a partir dos dois primeiros componentes principais com auxílio do software PAST versão 3.26 (HAMMER et al., 2001). Para o ranqueamento das famílias foram empregados os índices de seleção Aditivo no qual a massa foi igual para os três caracteres (massa da amêndoa, óleo e proteína) de 33%, índice Mulamba-Rank e o índice Multiplicativo com base nos valores genéticos preditos (Selegen, Modelo 101).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Valores genéticos preditos, parâmetros genéticos e ganho de seleção

A variabilidade entre os acessos pode ser verificada pelos desvios padrão e amplitudes observadas (valores máximos e mínimos) para os caracteres de maior interesse massa seca (MS), teor de proteína (PROT%), massa de proteína (PROTg), teor de óleo (OLEO%), massa de óleo (OLEOg), diâmetro longitudinal (DL), diâmetro horizontal (DH) e volume (VOL). Entre os valores observados destacam-se os acessos BGP-119, BGP-81 com maior percentual de óleo (55,31 %) e maior massa de amêndoa (2,50 g), BGP-53 para massa de proteína (0,37 g) e volume (2,35 cm³), BGP-8 para diâmetro longitudinal (18,99 mm) e o acesso BGP-47 apresentando maior teor de proteína com 16,35%. Já o acesso BGP-114 apresentou menor valor para os caracteres (óleo, diâmetro longitudinal, diâmetro horizontal e volume) (Tabela 3).

Tabela 3. Valores genotípicos preditos dos acessos, valores mínimos, valores máximos, média, variância e desvios padrão para os caracteres de massa seca (g), teor de proteína (%), massa de proteína (g), teor de óleo (%) massa de óleo (g), diâmetro longitudinal (mm) diâmetro horizontal (mm) e volume (cm³).

Acessos	MS (g)	Teor Proteína (%)	Massa proteína (g)	Teor de óleo (%)	Massa óleo (g)	DL (mm)	DH (mm)	VOL (cm ³)
BGP-48	2.09	15.93	0.33	52.95	1.11	19.22	16.34	2.05
BGP-26	1.70	15.92	0.28	52.21	0.88	17.56	15.56	1.65
BGP-15	1.74	15.78	0.28	51.91	0.91	18.04	15.96	1.71
BGP-120	1.59	15.84	0.27	53.23	0.88	15.82	15.27	1.64
BGP-104	1.45	15.99	0.25	51.32	0.74	14.57	14.06	1.54
BGP-7	1.80	15.69	0.27	52.07	0.93	18.62	16.23	1.78
BGP-92	1.41	16.11	0.26	53.59	0.79	14.43	12.99	1.48
BGP-114	1.28	15.99	0.23	51.80	0.68	13.40	12.10	1.35
BGP-119	1.65	15.84	0.27	55.31	0.96	16.10	15.58	1.76
BGP-35	2.03	15.86	0.31	52.64	1.06	19.98	17.77	2.00
BGP-37	2.15	16.27	0.37	52.22	1.09	18.36	17.19	2.13
BGP-36	1.80	16.06	0.30	53.02	0.97	19.11	17.55	1.82
BGP-9	1.71	15.91	0.28	51.99	0.88	18.34	16.47	1.64
BGP-52	2.32	15.78	0.35	50.99	1.13	19.63	17.65	2.16
BGP-50	1.76	15.68	0.28	52.62	0.91	17.36	15.91	1.89
BGP-8	2.17	15.62	0.32	52.78	1.14	20.93	18.99	2.34
BGP-20	1.99	15.87	0.31	52.53	1.03	19.62	17.33	1.97
BGP-100	1.67	15.73	0.26	53.00	0.91	16.53	15.46	1.73
BGP-99	2.03	15.98	0.33	52.86	1.08	18.16	16.83	1.99
BGP-53	2.34	16.00	0.37	52.48	1.20	19.87	17.87	2.35
BGP-47	1.46	16.35	0.27	52.31	0.77	15.77	14.53	1.61
BGP-12	2.08	15.69	0.31	52.56	1.09	19.27	17.43	1.96
BGP-137	1.87	16.06	0.31	53.00	0.99	18.76	16.81	1.80
BGP-38	1.75	15.97	0.29	53.15	0.94	18.81	16.74	1.74
BGP-123	1.61	15.81	0.27	53.13	0.88	16.98	15.82	1.74
BGP-134	1.74	15.74	0.27	52.92	0.93	17.21	16.03	1.75
BGP-106	1.73	15.95	0.29	53.88	0.97	16.70	15.55	1.72
BGP-101	1.34	15.88	0.23	53.82	0.75	14.10	13.44	1.43
BGP-105	1.47	16.06	0.26	53.27	0.81	14.60	14.04	1.54
BGP-6	1.73	15.84	0.28	53.41	0.93	17.30	15.51	1.77
BGP-93	1.63	15.97	0.28	53.23	0.89	17.06	15.40	1.66
BGP-88	1.74	15.94	0.29	52.34	0.91	17.45	16.38	1.76
BGP-102	2.15	15.85	0.32	53.78	1.20	19.82	17.85	1.93
BGP-64	1.76	15.96	0.29	51.73	0.89	17.54	16.42	1.75
BGP-65	2.27	15.95	0.36	52.15	1.18	20.50	18.23	2.09
BGP-69	2.24	16.00	0.36	52.26	1.16	20.42	18.03	1.96
BGP-81	2.50	15.74	0.36	51.43	1.24	20.64	19.07	2.14
BGP-74	1.96	15.95	0.31	52.83	1.04	18.54	16.80	1.77

BGP-75	1.73	15.76	0.27	52.32	0.90	17.50	16.28	1.74
BGP-83	1.93	15.95	0.31	53.56	1.06	18.28	16.89	1.80
BGP-82	1.96	15.84	0.31	51.71	1.00	18.40	17.28	1.73
BGP-43	1.92	15.91	0.31	52.98	1.02	17.93	16.40	1.93
BGP-4	1.88	16.09	0.32	52.17	0.96	18.41	17.02	1.77
BGP-67	1.91	15.81	0.29	52.59	1.00	18.49	16.77	1.84
BGP-33	1.91	15.87	0.30	52.62	1.00	18.16	16.69	1.70
BGP-70	2.39	15.69	0.36	53.89	1.30	20.60	18.79	2.24
BGP-55	2.28	15.70	0.33	53.39	1.23	19.82	18.48	2.21
BGP-136	1.84	15.95	0.30	52.90	0.97	17.58	16.30	1.74
BGP-58	2.12	15.60	0.31	53.37	1.14	19.21	17.19	1.99
BGP-133	2.26	15.99	0.36	52.52	1.16	20.17	18.44	2.22
BGP-132	2.07	15.93	0.33	52.09	1.06	18.51	17.15	2.04
BGP-14	2.12	16.04	0.35	52.75	1.11	19.23	17.39	2.08
BGP-80	1.97	15.81	0.30	52.80	1.04	18.52	16.81	1.90
BGP-56	1.97	15.90	0.31	53.23	1.07	18.41	17.06	1.86
BGP-94	2.00	16.00	0.33	53.99	1.13	18.29	16.41	1.86
Média	1.89	15.90	0.30	52.76	1.00	18.08	16.52	1.85
Variância	0.077	0.021	0.001	0.583	0.018	3.023	2.043	0.048
Desvio Padrão	0.28	0.15	0.03	0.76	0.14	1.74	1.43	0.22
Valor Máximo	2.50	16.35	0.37	55.31	1.30	20.93	19.07	2.35
Valor Mínimo	1.28	15.60	0.23	50.99	0.68	13.40	12.10	1.35

A herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada pela próxima geração e no melhoramento vegetal ela permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção (RAMALHO et al., 2008). Neste trabalho, os valores estimados para herdabilidade individual no sentido amplo (h^2g) variaram de 0,67 a 0,04. Os maiores valores foram obtidos para os caracteres diâmetro longitudinal, diâmetro horizontal e massa seca (0,67; 0,54 e 0,43) (Tabela 4). Para estes valores as herdabilidades individuais no sentido amplo foram consideradas de moderada a alta com base na classificação proposta por Resende (2002). Os valores de herdabilidade para os caracteres relacionados à óleo e proteína foram baixos variando de (0,04 à 0,38).

As estimativas de coeficientes de variação relativa ($CVr = CVg/CVe$) variaram de 1,4 a 0,2. Os maiores valores foram obtidos para diâmetro longitudinal, diâmetro horizontal e massa seca (1,4, 1,1 e 0,9, respectivamente) (Tabela 4). Segundo Vencovsky & Barriga (1992) valores acima da unidade para coeficiente de variação relativa indicam maiores chances de ganhos com a aplicação de seleção entre populações. Resende & Alves (2020) consideram a existência de coeficiente de variação genotípica e valores de CVr acima de um (1) como requisito para o

melhoramento genético. Logo, para esses caracteres existe maior possibilidade de sucesso ao praticar seleção nesta população. Entretanto, houve dificuldade na seleção dos caracteres relacionados à óleo e proteína, o CVr variou de (0,2 à 0,8).

Os valores de coeficiente de variação experimental (CVe%) variaram de 26,57% a 7,12% (Tabela 4). De acordo com os critérios de classificação de Pimentel-Gomes (2000), os coeficientes de variação experimental, que dão uma idéia da precisão do experimento, quando encontrados em ensaios realizados no campo, podem ser considerados baixos quando inferiores a 10%, médios quando de 10% a 20%, altos de 20% a 30% e muito altos quando superior a 30%. Portanto esses resultados indicam precisão adequada na obtenção das análises de dados considerando a maioria dos caracteres.

Tabela 4. Estimativa de parâmetros genéticos para as características: massa seca (MS), teor de proteína (PROT%), massa de proteína (PROTg), teor de óleo (OLEO%), massa de óleo (OLEOg), diâmetro logitudinal (DL), diâmetro horizontal (DH) e volume (VOL), avaliadas em 55 acessos do banco ativo de germoplasma de macaúba, UFV, Viçosa/MG.

Parâmetros Genéticos	MS	Teor de Proteína	Proteína	Teor de Óleo	Óleo	DL	DH	VOL
Vg	0.117	0.168	0.002	1.958	0.030	3.645	2.731	0.094
Ve	0.158	3.692	0.006	14.099	0.049	1.833	2.334	0.241
Vf	0.276	3.860	0.008	16.058	0.079	5.478	5.065	0.335
h ² g	0.43	0.04	0.28	0.12	0.38	0.67	0.54	0.28
CVg%	18.11	2.58	15.92	2.65	17.35	10.56	10.00	16.53
CVe%	21.05	12.09	25.34	7.12	22.20	7.49	9.25	26.57
CVr	0.9	0.2	0.6	0.4	0.8	1.4	1.1	0.6
Média Geral	1.89 g	15.90%	0.30g	52.76%	1.00g	18.08mm	16.52mm	1.85cm ³

Vg: variância genotípica; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica; h²g: herdabilidade individual no sentido amplo; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual ou experimental; CVr= CVg/CVe: coeficientes de variação relativa.

A seleção dos ganhos simultâneos baseado nos índices de seleção (índice Aditivo, índice Mulamba-Rank e o índice Multiplicativo) permitiu estimar os ganhos de seleção para as três características avaliadas. O ganho baseado no índice multiplicativo obteve ganho negativo para o caráter teor de óleo (Tabela 5). O objetivo é obter ganhos positivos em todos os caracteres, incluindo o caráter teor de óleo, pois é um componente importante na seleção de genótipos. Contudo valores em ganhos substanciais para teor de óleo e proteína não foram alcançados

em nenhum dos índices empregados. Por outro lado, mesmo que não tenha obtido ganho em proteína e o ganho para teor de óleo tenha sido negativo, para o índice multiplicativo, o ganho para massa seca foi o dobro comparado aos demais índices. Com isso, ao comparar com os demais acessos de maior teor de óleo, mas com massa de amêndoa inferior, mesmo que apresente menor teor de óleo, os acessos selecionados ao produzirem uma quantidade superior em massa produzirão maior massa de óleo (pois teor de óleo é expresso em percentual).

Nos caracteres massa seca, teor de proteína e teor de óleo os ganhos foram positivos, tanto para o índice Aditivo, quanto para o índice Mulamba-Rank (Tabela 5). Os caracteres massa seca e teor de proteína obtiveram maior ganho genéticos no índice Mulamba-Rank, já a teor de óleo obteve um maior ganho genético no índice Aditivo. O índice Mulamba-Rank mostrou um pouco mais de eficiência em relação aos outros índices na seleção simultânea dos caracteres avaliados.

Tabela 5. Ganho genético simultâneos, relativo à média geral, nos caracteres avaliados pelo emprego de índice de seleção Aditivo, Mulamba-Rank e Multiplicativo.

Índice de Seleção	Massa Seca	Teor de Proteína	Teor de Óleo
Aditivo			
<i>Ganho</i>	0.20	0.07	0.59
<i>Nova Média</i>	2.09	15.97	53.35
<i>Ganho %</i>	10.32	0.44	1.12
Mulamba-Rank			
<i>Ganho</i>	0.21	0.09	0.36
<i>Nova Média</i>	2.10	15.99	53.12
<i>Ganho %</i>	11.14	0.59	0.69
Multiplicativo			
<i>Ganho</i>	0.40	0.00	-0.255
<i>Nova Média</i>	2.29	15.90	52.51
<i>Ganho %</i>	21.15	-0.01	-0.47

Na seleção das 10 progênes superiores com base no índice Aditivo, índice Mulamba-Rank e índice Multiplicativo, pode-se observar uma semelhança entre os três índices de seleção e os genótipos selecionados. (Tabela 6). O índice de seleção Aditivo e Mulamba-Rank apresentou coincidência entre as nove das dez progênes selecionadas: BGP-37, BGP-94, BGP-53, BGP-102, BGP-70, BGP-14, BGP-133, BGP-83 e BGP-137 (Tabela 6). Já o índice

Multiplicativo apresentou semelhaça entre o índice Aditivo e índice Mulamba-Rank, entre as cinco progênes selecionadas: BGP-70, BGP-53, BGP-133, BGP-102 e BGP-37. Nota-se que o índice de Aditivo e índice de Mulamba-Rank apresentou maior semelhaça entre as progênes selecionadas com base nos ganhos genéticos.

Tabela 6. Ranqueamento de 10 progênes baseado nos ganhos genéticos esperados pelos índices Aditivo, Mulamba-Rank e Multiplicativo.

Ordem	Aditivo	Mulamba-Rank	Multiplicativo
1	BGP37	BGP94	BGP81
2	BGP94	BGP53	BGP70
3	BGP119	BGP14	BGP53
4	BGP53	BGP102	BGP55
5	BGP102	BGP37	BGP133
6	BGP70	BGP36	BGP65
7	BGP14	BGP83	BGP69
8	BGP133	BGP133	BGP52
9	BGP83	BGP70	BGP102
10	BGP137	BGP137	BGP37

5.2 Análise de divergência genética para caracteres relacionados à amêndoa

O dendrograma gerado a partir dos caracteres da amêndoa mostrou a formação de quatro grupos, utilizando como critério de ponto de corte análise visual das ramificações do dendrograma (Figura 4). Observa-se uma tendência de agrupamento dos genótipos de acordo com a origem geográfica e ao mesmo tempo, genótipos de mesma origem distribuíram-se entre os grupos, o que denota a variabilidade existente, considerando todos os caracteres utilizados na análise.

O grupo 1, o maior grupo, foi composto pela maioria dos genótipos de Minas Gerais sendo oito acessos da mesorregião do Triângulo Mineiro e Alto Paranaíba (BGP-132, BGP-137, BGP-56, BGP-80, BGP-88, BGP-64, BGP-134 e BGP-33) seis da região metropolitana de BH (BGP-48, BGP-36, BGP-38, BGP-4, BGP-83 e BGP-7), quatro de Campos das Vertentes (BGP-14, BGP-43, BGP-15 e BGP-6), três acessos da Central de Minas (BGP-20, BGP-50 e BGP-75), dois do Oeste de Minas (BGP-136 e BGP-26), um do Norte de Minas (BGP-67), um do Noroeste de Minas (BGP-74) e um da Zona da Mata Mineira (BGP-9). Juntamente com seis

genótipos do Mato Grosso do Sul: BGP-102, BGP-94, BGP-100, BGP-120, BGP-106, BGP-93, um genótipo de São Paulo: BGP-35, um genótipo do Pará: BGP-99, um do Pernambuco: BGP-82 e um da Paraíba: BGP-123.

O grupo 2, segundo maior grupo, encontra-se o restante dos genótipos de Minas Gerais com cinco acessos da mesorregião Metropolitana de BH (Avinópolis: BGP-52, Pitangui: BGP-81 e BGP-69, Belo Horizonte: BGP-65, Lafaiete: BGP-8), dois acessos Campo das Vertentes (São João do Rei: BGP-53 e BGP-70) e dois Triângulo Mineiro e Alto Paranaíba (Patrocínio: BGP-55, Ibiá: BGP-12), somente um genótipo do Pará: (BGP-133) e um genótipo não indentificado: (BGP-58).

O grupo 3 foi formado apenas pelo genótipo do Mato Grosso do Sul (BGP-119). Apresentou maior valor de percentual de óleo com 55,31%. O grupo 4 está presente a maioria dos genótipos do Mato Grosso do Sul: (BGP-104, BGP-114, BGP-101, BGP-92, BGP-92, BGP-105) e apenas um de São Paulo: (BGP-47) apresentou ser o grupo mais divergente

Diversos estudos de diversidade genética em macaúba baseados em variáveis quantitativas ou moleculares têm apresentado esta tendência de agrupamento de acordo com a origem geográfica (OLIVEIRA et al., 2008; BELLON et al., 2009; MANFIO et al., 2012; CONCEIÇÃO et al., 2015).

A correlação entre a matriz de dissimilaridade e a matriz cofenética foi de 0,77, altamente significativa pela aplicação do teste de Mantel ($p < 0,0001$), mostrando ajuste entre a matriz de distâncias genéticas e a representação gráfica, revelando consistência no agrupamento observado. Segundo Resende (2007), para aumentar a probabilidade de obtenção de alta capacidade específica de combinação ou heterose, deve-se proceder ao cruzamento entre indivíduos selecionados de excelentes famílias, classificados em diferentes grupos. Deste modo, com o cruzamento entre os acessos de macaúba de melhor desempenho e divergentes, podem originar na próxima geração, indivíduos superiores aos seus genitores, e identificar quais são os melhores materiais que se complementem.

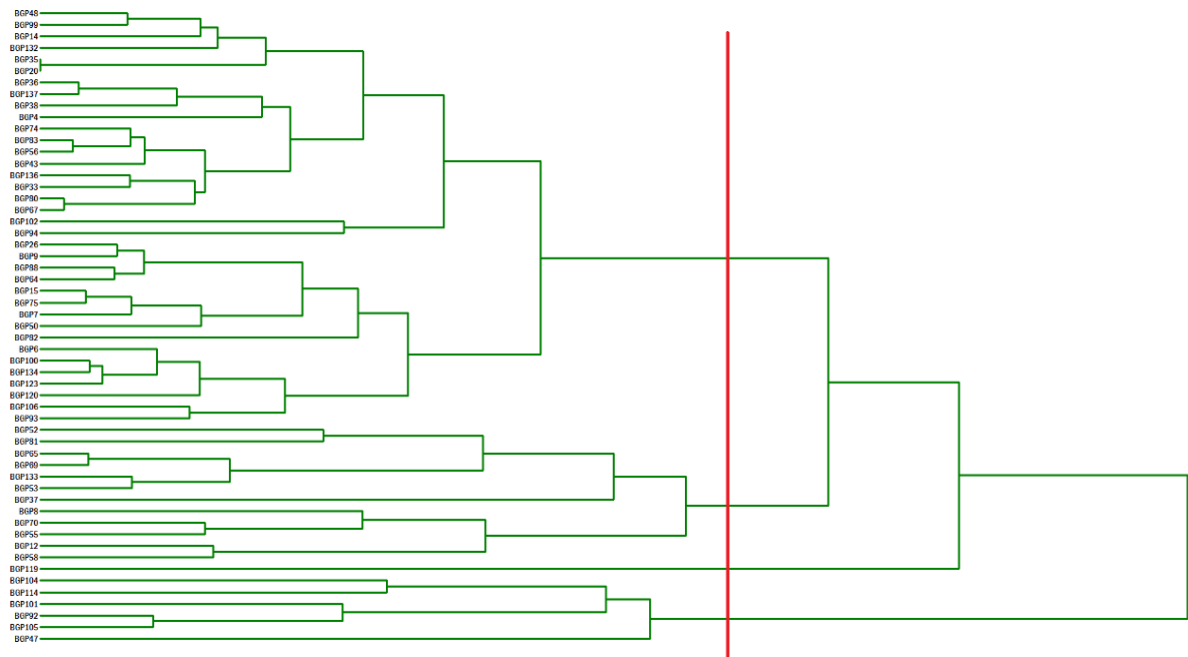


Figura 2. Dendrograma do agrupamento obtido via método hierárquico UPGMA, gerado a pela Distância Euclidiana Média, com base em valores genéticos aditivos preditos dos caracteres massa seca (PS), teor de proteína (PROT%), massa de proteína (PROTg), teor de óleo (OLEO%), massa de óleo (OLEOg), diâmetro longitudinal (DL), diâmetro horizontal (DH) e volume (VOL) observados em 55 acessos do BAG-Macaúba.

A análise de componentes principais (PCA) revelou que a dispersão dos escores associados aos acessos em espaço bidimensional (Figura 5) apresentou padrão similar ao observado para o mesmo agrupamento no dendrograma (Figura 4). Isto facilita a visualização, sendo possível identificar distâncias em nível de acesso. Isso proporciona maior simplificação dos dados e possibilita agrupar os acessos similares mediante exames visuais de dispersões gráficas (CRUZ & REGALZI, 2020). Os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) (Tabela 7) explicaram 84,1% da variação total entre os acessos analisados. Os caracteres massa da amêndoa e massa de óleo da amêndoa apresentaram os maiores autovetores associados ao componente de maior autovalor (CP1), responsável por 69,9% da variação, indicando serem estas as características de maior contribuição para variabilidade entre os acessos.

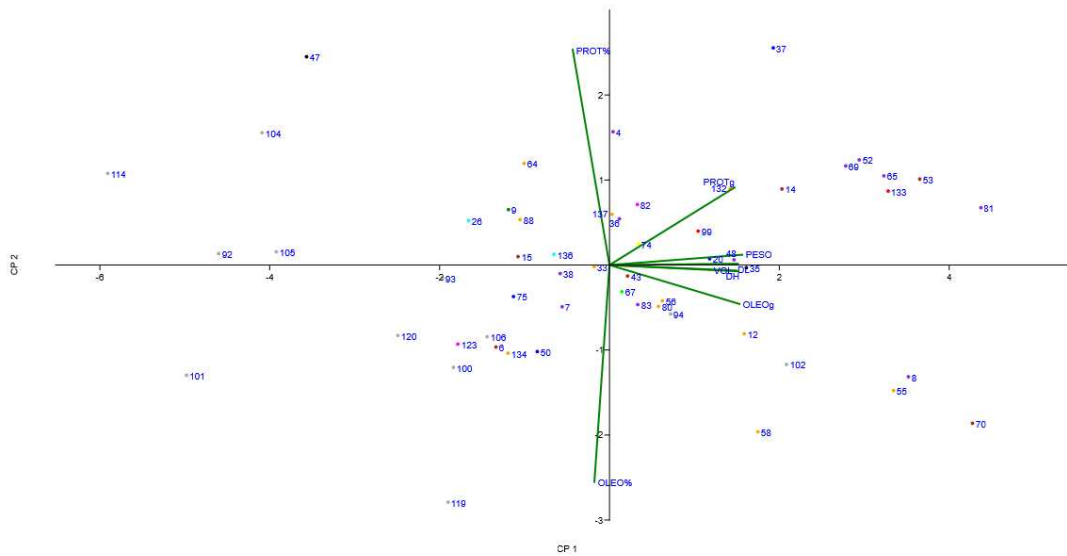


Figura 3. Gráfico de dispersão dos escores dos 55 acessos do BAG-Macaúba associados aos componentes principais 1 e 2 (PC1 e PC2) em espaço bidimensional.

A variação encontrada para os caracteres massa e óleo entre os acessos são importantes para trabalhos de seleção visando um aumento da produtividade de óleo, pois estes caracteres são considerados componentes de rendimento. Já os caracteres teor de proteína e massa de proteína da amêndoa estão fortemente associados ao CP2, o qual explica 14,1% da variação total (Figura 5, Tabela 7). A variabilidade para estes caracteres pode ser importante na seleção de plantas com massa seca de amêndoas maiores, conseqüentemente, maior massa de óleo e proteína. Segundo CRUZ & REGAZZI (2020), quanto maior a capacidade dos primeiros componentes em capturar variação, menor será a distorção das dissimilaridades genéticas, que culminará numa dispersão gráfica mais consistente. Assim como no dendrograma, na análise de componentes principais, observa-se a divergência entre os genótipos de diferentes regiões. Portanto, a constatação da presença de variabilidade genética em uma população permite a prática de seleção, com objetivo de reunir alelos favoráveis à característica em que se deseja melhorar (REIS et al., 2004). Com isso, os resultados demonstram que cruzamentos entre os acessos com regiões geográficas diferentes, porém mais divergentes entre si, podem proporcionar aumento na variabilidade e a obtenção de progênies com genótipos superiores.

Tabela 7. Estimativa dos autovalores e porcentagem da variância explicada (%) dos oito componentes principais (PC) e respectivos autovetores (coeficientes de ponderação) associados

aos caracteres massa seca (MS), teor de proteína (PROT%), massa de proteína (PROTg), teor de óleo (OLEO%), massa de óleo (OLEOg), diâmetro longitudinal (DL), diâmetro horizontal (DH) e volume (VOL).

PC	Autovalores	% Variância	MS	PROT%	PROTg	OLEO%	OLEOg	DL	DH	VOL
1	5.60	69.99	0.418	-0.116	0.393	-0.048	0.409	0.404	0.406	0.400
2	1.13	14.17	0.032	0.677	0.244	-0.682	-0.122	0.004	-0.020	-0.017
3	0.93	11.68	0.002	0.653	0.221	0.700	0.156	-0.080	-0.059	0.034
4	0.19	2.37	-0.205	0.152	-0.211	0.095	-0.156	0.582	0.529	-0.488
5	0.10	1.26	-0.336	0.118	-0.265	0.055	-0.405	0.113	0.184	0.767
6	0.03	0.40	-0.022	0.010	-0.040	0.011	0.035	0.690	-0.719	0.064
7	0.01	0.10	0.240	0.249	-0.772	-0.112	0.511	-0.054	0.018	0.081
8	0.00	0.03	0.782	0.047	-0.155	0.135	-0.585	0.021	-0.024	-0.034

Correlações positivas, elevadas e altamente significativas entre massa seca e massa de proteína (0,95), massa de óleo e massa seca (0,97), diâmetro longitudinal e massa seca (0,92) e diâmetro horizontal e massa seca (0,92) demonstram forte associação entre estas características (Tabela 8). Essa associação entre os caracteres massa de proteína, massa de óleo e a massa seca é esperada devido ao uso do caracter massa seca para o calculo dos demais caracteres (massa de proteína e massa de óleo). A relação entre massa e os caracteres de diâmetros longitudinal e horizontal e volume demonstram que quanto maior for a massa maior é o tamanho da amêndoa. As correlações apresentadas podem ser importantes em trabalhos de seleção visando amêndoas com massa e tamanhos maiores, pois consequentemente serão selecionados genótipos com maiores massas de óleo e proteína.

Tabela 8. Correlação entre os caracteres da amêndoa observados em 55 acessos de macaúba.

Acessos	MS (g)	Teor Proteína (%)	Proteína (g)	Teor de Óleo (%)	Óleo (g)	DL (mm)	DH (mm)	VOL (cm ³)
MS	1.00	-0.25	0.95	-0.14	0.97	0.92	0.92	0.93
Teor Proteína	-0.25	1.00	0.06	-0.06	-0.27	-0.29	-0.30	-0.26
Proteína	0.95	0.06	1.00	-0.15	0.91	0.85	0.85	0.88
Teor de Óleo	-0.14	-0.06	-0.15	1.00	0.08	-0.15	-0.12	-0.08
Óleo	0.97	-0.27	0.91	0.08	1.00	0.89	0.90	0.91
DL	0.92	-0.29	0.85	-0.15	0.89	1.00	0.97	0.86
DH	0.92	-0.30	0.85	-0.12	0.90	0.97	1.00	0.87
VOL	0.93	-0.26	0.88	-0.08	0.91	0.86	0.87	1.00

5.3 Análise de divergência genética com base no perfil de ácidos graxos do óleo da amêndoa

A variabilidade em relação ao perfil de ácidos graxos pode ser verificada pelos desvios padrão e amplitudes observadas (valores máximos e mínimos) para os caracteres de caprílico (%), cáprico (%), láurico (%), mirístico (%), palmístico (%), esteárico (%), oleico (%), linoleico (%), SFA (%) e (MUFA) (Tabela 9). Os valores observados entre o acesso BGP-58 e com maior ácido láurico (44,09 %) e ácidos graxos saturados (71,94 %), acesso BGP-47 com maior ácido oleico (30,60 %). O acesso BGP-50 apresentou o maior teor em ácido linoleico (4,27 %), enquanto que o maior teor de para ácido palmístico (6,78 %) foi observado no acesso BGP-82 (Tabela 9).

Tabela 9. Valores genotípicos preditos dos acessos, valores mínimos, valores máximos, média, variância e desvios padrão para os caracteres ácidos graxos caprílico (C8:0), cáprico (C10:0), láurico (C12:0), mirístico (C14:0), palmístico (C16:0), esteárico (C18:0), oleico (C18:1) e linoleico (C18:2), ácidos graxos saturados (SFA) e ácidos graxos monoinsaturado (MUFA).

Acessos	C8:0	C10:0	C12:0	C14:0	C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	SFA	MUFA
	------(%)-----									
BGP-48	6.24	4.53	43.21	8.42	5.80	2.76	24.78	3.36	71.51	28.51
BGP-26	5.49	4.29	40.84	7.36	5.91	2.18	28.88	4.19	66.65	33.63
BGP-15	5.85	4.24	40.54	7.85	6.07	2.42	28.09	4.15	67.43	32.81
BGP-120	5.61	4.11	41.10	8.06	6.07	2.41	28.06	3.92	67.72	32.91
BGP-104	6.16	4.45	41.50	8.10	6.13	2.25	26.77	3.79	69.08	51.33
BGP-7	6.24	4.49	42.70	8.32	5.86	2.50	25.27	3.72	70.68	29.40
BGP-92	5.81	4.26	41.05	7.74	6.07	2.02	28.46	3.65	67.56	32.95
BGP-114	5.87	4.43	41.70	7.68	5.95	2.09	27.42	3.85	68.42	31.98
BGP-119	6.85	5.20	43.66	7.45	5.43	2.23	24.71	3.07	71.81	28.19
BGP-35	5.90	4.44	41.89	7.53	5.72	2.38	27.15	3.88	68.64	31.74
BGP-37	5.79	4.34	41.67	7.70	5.99	2.19	27.24	4.13	68.36	31.97
BGP-36	5.76	4.25	41.09	7.57	5.78	2.36	28.41	3.88	67.41	32.89
BGP-9	5.18	3.97	40.51	7.56	5.85	2.44	29.81	3.83	66.01	34.40
BGP-52	5.75	4.18	41.45	8.32	6.07	2.65	27.27	3.70	68.76	31.48
BGP-50	5.64	4.25	41.27	8.06	6.20	2.33	27.23	4.27	68.19	31.48
BGP-8	6.24	4.52	41.60	7.74	5.77	2.65	26.72	3.87	69.09	31.06
BGP-20	6.26	4.63	42.47	7.79	5.86	2.16	25.71	4.02	29.94	30.24
BGP-100	6.57	4.79	42.12	7.57	5.69	2.24	26.40	3.37	69.84	30.46
BGP-99	6.00	4.22	41.98	8.67	6.10	2.45	26.31	3.68	69.66	30.67
BGP-53	6.51	4.68	41.89	7.71	5.69	2.45	26.38	3.68	69.61	30.56
BGP-47	4.98	3.66	39.67	8.18	6.18	2.17	30.60	4.00	65.09	35.57
BGP-12	5.63	4.09	40.91	7.94	6.19	2.03	28.44	4.02	67.28	32.96
BGP-137	5.37	4.02	40.99	7.96	6.21	2.17	28.58	3.93	67.19	33.18
BGP-38	5.60	4.17	40.62	7.51	5.81	2.44	29.08	3.92	66.68	33.82

BGP-123	6.20	4.47	42.50	9.10	6.36	2.58	24.89	3.56	71.19	28.90
BGP-134	6.07	4.37	41.96	7.99	5.99	2.06	26.81	3.83	69.07	31.15
BGP-106	5.86	4.31	41.57	7.85	6.01	2.18	27.57	3.70	68.39	32.02
BGP-101	5.60	4.13	41.89	8.39	6.29	2.37	26.77	3.81	69.05	31.21
BGP-105	5.66	4.31	41.25	7.67	6.02	2.44	27.99	3.78	67.89	32.58
BGP-6	5.54	4.11	41.15	8.09	6.14	2.54	27.74	3.99	67.94	32.44
BGP-93	5.90	4.42	41.98	7.87	5.85	2.56	26.72	3.78	67.89	32.58
BGP-88	6.18	4.55	42.88	8.06	5.82	2.22	25.65	3.53	70.48	29.68
BGP-102	5.60	4.08	40.55	7.89	6.20	2.27	28.60	4.17	66.95	33.81
BGP-64	5.60	4.03	40.76	8.20	6.35	2.11	28.32	3.96	67.41	33.01
BGP-65	5.90	4.28	41.91	8.15	5.92	2.45	26.99	3.54	69.13	31.00
BGP-69	6.83	4.86	42.55	7.34	5.46	2.33	25.77	3.62	70.25	29.87
BGP-81	6.30	4.62	42.16	7.61	5.65	2.38	26.60	3.59	69.46	30.73
BGP-74	5.61	4.00	39.64	8.37	6.56	2.47	28.94	4.01	66.75	33.66
BGP-75	5.82	4.36	42.16	8.06	5.93	2.45	26.60	3.75	69.33	30.96
BGP-83	5.83	4.16	41.16	8.34	6.14	2.42	27.71	3.64	68.32	32.09
BGP-82	5.83	4.03	41.03	8.93	6.78	2.45	26.78	3.66	69.27	30.87
BGP-43	5.99	4.32	41.71	7.98	5.85	2.45	27.15	3.65	68.86	31.42
BGP-4	5.39	4.10	40.90	7.67	5.84	2.58	28.93	3.77	66.98	31.42
BGP-67	6.27	4.50	42.51	8.43	5.88	2.34	25.71	3.49	70.45	29.76
BGP-33	5.86	4.20	41.02	8.69	6.49	2.52	27.30	3.67	68.68	31.81
BGP-70	5.84	4.36	42.09	7.93	5.79	2.39	26.95	3.72	68.98	31.17
BGP-55	6.12	4.42	41.79	7.89	5.79	2.40	26.95	3.70	69.01	31.18
BGP-136	6.15	4.55	42.25	7.65	5.86	1.92	26.76	3.84	69.04	31.08
BGP-58	6.35	4.79	44.09	8.17	5.68	2.03	24.26	3.48	71.94	28.08
BGP-133	6.00	4.23	41.98	9.37	6.55	2.37	25.65	3.53	70.47	29.68
BGP-132	6.05	4.51	42.71	8.07	5.75	2.55	25.54	3.84	70.28	29.86
BGP-14	6.14	4.42	42.57	8.59	5.98	2.55	25.50	3.49	70.61	29.57
BGP-80	5.79	4.21	41.26	8.23	6.22	2.12	27.66	3.80	68.23	32.19
BGP-56	6.51	4.69	42.71	7.82	5.64	2.31	25.43	3.65	70.57	29.62
BGP-94	6.08	4.51	41.38	7.48	5.84	2.42	27.59	3.63	68.42	32.10
Média	5.93	4.35	41.68	8.01	5.98	2.35	27.08	3.76	68.82	31.84
Variância	0.138	0.068	0.770	0.183	0.072	0.033	1.799	0.051	2.185	9.769
Desvio Padrão	0.37	0.26	0.87	0.42	0.26	0.18	1.34	0.22	1.47	3.12
Valor Máximo	6.85	5.20	44.09	9.37	6.78	2.76	30.60	4.27	71.94	51.33
Valor Mínimo	4.98	3.66	39.64	7.34	5.43	1.92	24.26	3.07	29.94	28.08

O dendrograma gerado a partir do perfil de ácidos graxos com base nas Distâncias Euclidianas Média mostrou a formação de 6 grupos, utilizando como critério de ponto de corte análise visual das ramificações do dendrograma, sendo o corte estabelecido em pontos onde há mudança abrupta da ramificação. Observa-se uma leve tendência de agrupamento dos genótipos de acordo com a origem geográfica e ao mesmo tempo, genótipos de mesma origem distribuíram-se entre os grupos, o que indica a variabilidade existente. O dendrograma

apresenta uma correlação cofenética de 0.70, mostrando uma boa significância pela aplicação do teste de Mantel ($p < 0,0001$), mostrando ajuste entre a matriz de distâncias genéticas e a representação gráfica, revelando consistência no agrupamento observado.

O grupo 1 foi composto por 19 acessos de Minas Gerais, sendo seis da mesorregião Metropolitana de BH (Santa Luzia: BGP-48, Betim: BGP-7, Pitangui: BGP-81 e BGP-69, Belo Horizonte: BGP-65, Lafaete: BGP-8); cinco acessos da região de Triângulo Mineiro e Alto Paranaíba (Lagoa Formosa: BGP-132 e BGP-56, Patrocínio: BGP-88, BGP-134 e BGP-55); quatro acessos Campos das Vertentes (São João del Rei: BGP-14, BGP-53 e BGP-70, Barroso: BGP-43), dois de Central de Minas (Martinho Campo: BGP-20, Dom Despacho: BGP-75); um do Norte de Minas (Bocaiúva: BGP-67); um acesso da Zona da Mata (São Roque de Minas: BGP-136); cinco de Mato Grosso do Sul: BGP-100, BGP-114, BGP-106, BGP-94, BGP-93; e somente um genótipo de São Paulo: BGP-35

No grupo 2 estão três genótipos de Minas Gerais: BGP-52, BGP-83, BGP-33; dois genótipos do Pará: BGP-99, BGP-133; um genótipo do Mato Grosso do Sul: BGP-101, um da Paraíba: BGP-123; e um do Pernambuco: BGP-82. Neste grupo estão presentes acessos com maior teor em ácido graxo palmítico e mirístico, com destaque para os acessos de Paraíba (BGP-123), Pernambuco (BGP-82) e Mato Grosso do Sul (BGP-101). A maior proporção de ácido mirístico (14:0) foi observada no acesso BGP-133.

O grupo 3 foi composto por 14 genótipos de Minas Gerais com quatro acessos da mesorregião Triângulo Mineiro e Alto Paranaíba (Santa Rosa da Serra: BGP-80, Lagoa Formosa: BGP-137, Ibiá: BGP-12 e BGP-64); Metropolitana de BH (Brumadinho: BGP-36, Esmeralda: BGP-38, Sete Lagoa: BGP-4); Central de Minas (Martinho Campo: BGP-37, Abaeté: BGP-50); Campo das Vertentes (Barroso: BGP-15, São João Del Rei: BGP-6); Noroeste de Minas (Marabela: BGP-74); Oeste de Minas (Itaúna: BGP-26); e Zona da Mata (Piranga: BGP-9).

No grupo 4 encontra-se apenas um genótipo de São Paulo: BGP-47. O perfil de ácidos graxos desse acesso apresenta menor valor em ácido caprílico (8:0), cáprico (10:0) e láurico (12:0), porém maior valor em ácido oleico (18:1).

O grupo 5 foi composto por um genótipo de Mato Grosso do Sul: BGP-119 e um genótipo não indentificado: BGP-58. Estes acessos contêm maiores teores de ácidos láurico (12:0), e total de ácidos graxos saturados (SFA).

Já no grupo 6 permaneceu somente um genótipo do Mato Grosso do Sul: BGP-104 o qual apresentou maior valor em ácidos graxos monoinsaturado (MUFA) e mostrou ser o grupo mais divergente.

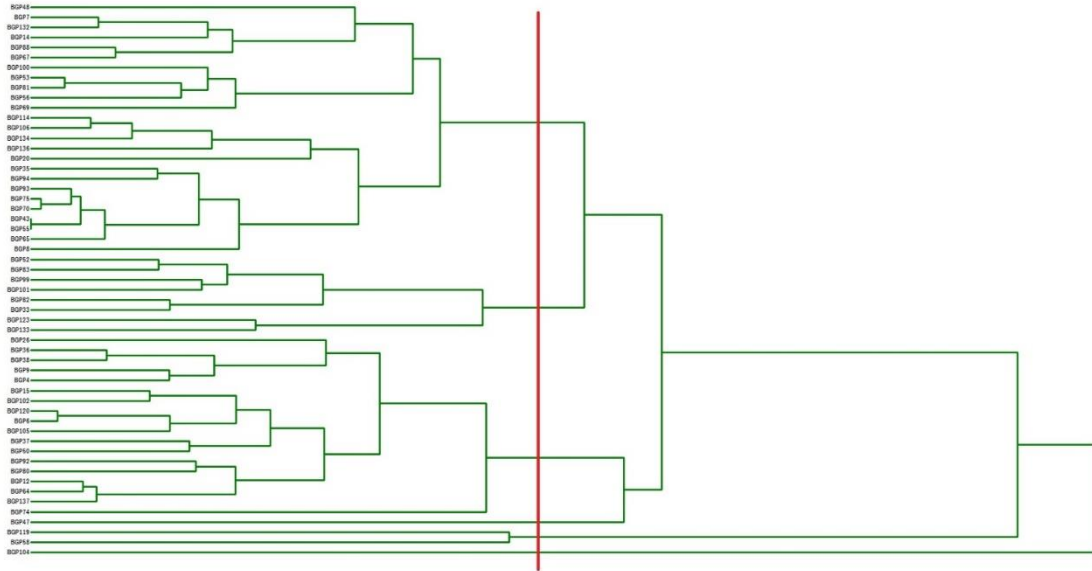


Figura 4. Dendrogramas resultantes da análise de 55 acessos de macaúba, classificados segundo a Distância Euclidiana Média com base nos valores genéticos preditos do perfil de ácidos graxos da amêndoa, obtidos pelo método UPGMA.

A análise de componentes principais revelou associação aos acessos em espaço bidimensional apresentando similaridade com o agrupamento do dendrograma (Figura 5 e 6). Os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) (Tabela 10) explicaram 75,6% da variação total entre os genótipos analisados. Os caracteres ácido graxo láurico e ácidos graxos saturados apresentaram os maiores autovetores associados ao componente de maior autovalor (CP1), responsável por 55,6% da variação. Óleos com elevados teores de ácido láurico são valorizados no mercado internacional por sua ampla utilização na indústria de alimentos e cosméticos (WANDECK FA, 1982). As diferentes composições do perfil de ácidos graxos da amêndoa de frutos de macaúba possuem potencial para atender a demandas diversificadas do mercado de ácidos graxos, de maneira geral, o óleo da macaúba apresenta diversas aplicações na indústria oleoquímica assim como na produção de energia na forma de biocombustível.

Já os caracteres ácidos graxos mirístico e ácidos graxos palmístico estão fortemente associados ao CP2, o qual explica 19,9% da variação total (Tabela 10). A variabilidade para os

caracteres relacionados ao perfil de ácidos graxos do óleo da amêndoa pode ser importante na seleção de plantas superiores.

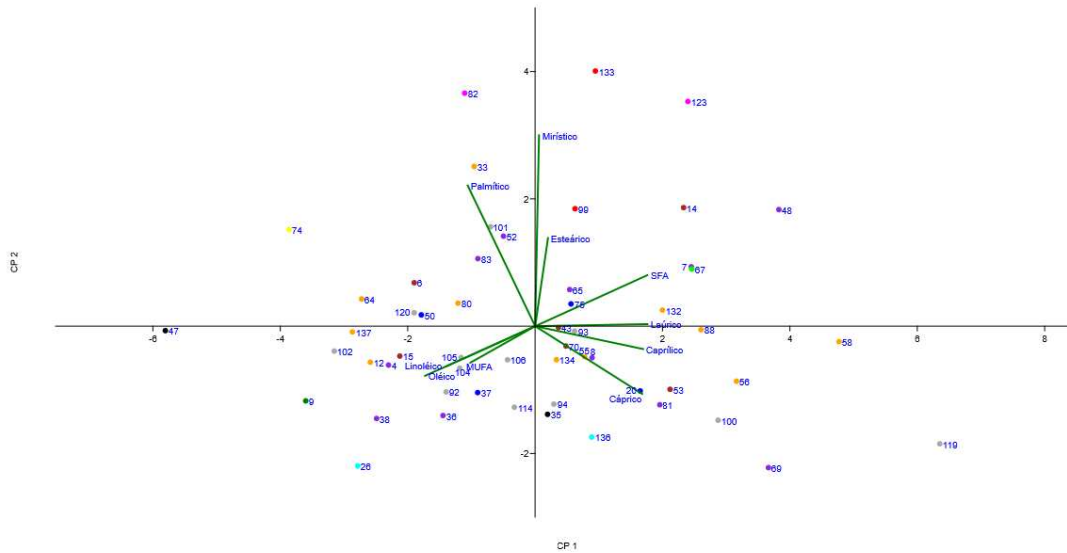


Figura 5. Gráfico de dispersão dos escores dos 55 acessos do BAG-Macaúba associados aos componentes principais 1 e 2 (PC1 e PC2) em espaço bidimensional.

Tabela 10. Estimativa dos autovalores e porcentagem da variância explicada (% Var.) dos dez componentes principais (PC) e respectivos autovetores (coeficientes de ponderação) associados aos caracteres ácidos graxos caprílico C8:0 (%), cáprico C10:0 (%), láurico C12:0 (%), mirístico C14:0 (%), palmítico C16:0 (%), esteárico C18:0 (%), oleico C18:1 (%) e linoleico C18:2 (%), SFA (ácidos graxos saturados) e MUFA (ácidos graxos monoinsaturados).

PC	Autovalores	% Var.	C8:0	C10:0	C12:0	C14:0	C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	SFA	MUFA
1	5.57	55.68	0.389	0.385	0.404	0.014	-0.243	0.046	-0.396	-0.320	0.403	-0.233
2	1.99	19.94	-0.082	-0.244	0.008	0.688	0.507	0.317	-0.179	-0.145	0.184	-0.132
3	0.95	9.48	0.102	0.053	0.102	0.188	0.326	-0.868	-0.124	0.072	0.103	0.223
4	0.72	7.23	0.188	0.117	-0.051	0.038	0.009	0.273	-0.058	-0.166	0.072	0.914
5	0.45	4.47	0.083	0.111	0.115	0.005	0.045	0.196	-0.304	0.900	0.147	0.048
6	0.24	2.40	0.623	0.295	-0.546	-0.108	0.384	0.068	0.114	0.009	-0.104	-0.199
7	0.06	0.63	-0.442	0.356	0.185	-0.494	0.597	0.120	-0.082	-0.122	0.086	0.000
8	0.02	0.17	-0.337	0.739	-0.147	0.472	-0.193	-0.023	0.154	0.053	-0.176	-0.010
9	0.00	0.01	0.304	0.057	0.676	0.109	0.188	0.104	0.462	0.069	-0.414	0.005
10	0.00	0.00	-0.011	0.017	-0.009	0.006	-0.004	0.001	0.666	0.105	0.738	0.002

6. CONCLUSÃO

Existe variabilidade nos caracteres relacionados à amêndoa com objetivos para o melhoramento. Entretanto a possibilidade de sucesso em progresso genético em aumento de massa da amêndoa será relativamente mais fácil do que progressos em teor de óleo e proteína, isso implica em ajustes em estratégia para avanços como introdução ou avaliação de um maior número de acessos no germoplasma. Outro ponto seria o emprego de seleção individual que poderia propiciar maiores ganhos considerando apenas os acessos avaliados, contudo no atual delineamento ajustes nas avaliações para o emprego de outros modelos para seleção individual serão necessários como o uso de medidas repetidas no tempo, ou seja, um maior número de safras avaliadas.

Cruzamentos entre progênes superiores e distantes geneticamente poderão ser promissores visando à obtenção de genótipos recombinantes com desempenhos superiores. O emprego de Modelos Mistos foi efetivo na caracterização da variabilidade e estruturação do germoplasma. O índice de seleção Mulamba-Rank poderá proporcionar maior eficiência na seleção simultânea dos caracteres relacionado aos caracteres da amêndoa.

Os resultados indicam uma variabilidade na composição química dos óleos, relacionada aos teores de ácidos graxos encontrados na amêndoa dos 55 acessos caracterizados. Sendo assim, abre-se a possibilidade de diferentes focos para o melhoramento genético desta espécie, atendendo as diferentes demandas do mercado de ácidos graxos pela diversificação da composição do óleo da amêndoa.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, F.M., RESENDE, M.D.V. (2008) Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 30:696-701.

AZEVEDO, R. A.; RUFINO, L. M. A.; SANTOS, A. C. R.; SILVA, L. P.; BONFÁ, H. C.; DUARTE, E. R.; GERASEEV, L. C. Desempenho de cordeiros alimentados com inclusão de torta de macaúba na dieta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.11, p.1663-1668, 2012.

BELLON, G. et al. 2009. Variabilidade genética de acessos de macaúba (*Acrocomia aculeata*) com base em marcadores RAPD. In 5º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Guarapari, 2009. **Anais**. Vitória, Incaper. CD-ROM, 4p.

BRITISH PETROLEUM – BP. BP statistical review of world energy 2020. BP, 2020. Disponível em

<<https://www.bp.com/content/dam/bp/businesssites/en/global/corporate/pdfs/energyeconomics/statistical-review/bp-stats-review-2020-full-report.pdf>>. Acesso em: 29 jun. 2022.

CALLEGARI, F. C.; CRENE, C.; ANDRADE, M. H. C. Perspectivas da utilização dos óleos da macaúba (*Acrocomia aculeata* (jacq.) Lodd. Ex mart) no desenvolvimento de cosméticos. In: XX Congresso Brasileiro de Engenharia Química. 2014, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: ABEQ, 2014.

CANDIDO, L.S. (2009) **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) – Jaboticabal – SP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, 93p.

CARDOSO, A.; LAVIOLA, B.G.; SANTOS, G.S.; SOUSA, H.U.; OLIVEIRA, H.B.; VERAS, L.C.; CIANNELLA, R.; FAVAROA, S.P. Opportunities and challenges for sustainable production of *A. aculeata* through agroforestry systems. **Industrial Crops & Products**. 107: 573–580. 2017.

CÉSAR, A.S., ALMEIDA, F.A., DESOUZA, R.P., SILVA, G.C., ATABANI, A.E. The prospects of using *Acrocomia aculeata* (macaéba) a non-edible biodiesel feedstock in Brazil. *Renew. Sustain. Energy Rev.* 49, 1213–1220 Golden. 2015.

CETEC – Centro Tecnológico de Minas Gerais. (1983). **Produção de combustíveis líquidos a partir de óleos vegetais: Estudo das oleaginosas nativas de Minas Gerais**. Belo Horizonte – MG.

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. **Industrial Crops and Products**, v. 45, p. 208-214, 2013.

CHUBA, C. A. M.; TOMMASELLI, M. A. G.; SANTOS, W. L.; SANJINEZ-ARGANDOÑA, E. J. Parâmetros biométricos dos cachos e frutos da bocaiuva. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 20., 2008. Vitória, Incaper. **Anais...** CD-ROM.

CLEMENT, C.R.; LERAS PÉREZ, E.; VAN LEEUWEN, J. **O potencial das palmeiras tropicais no Brasil: acertos e fracassos das últimas décadas**. Agrociências, Montevideu, 67-71. 2005.

CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S.; ANTONIASSI, R.; JUNQUEIRA, N. T. V.; BRAGA, M. F.; FARIA-MACHADO, A. F.; ROGÉRIO, J. B.; IARA DUPRAT DUARTE, I. D.; BIZZO, H. R. Genetic diversity of macauba from natural populations of Brazil. **BMC Research Notes**, London, v.8, n.406, p. 9, 2015.

CONCEIÇÃO, L.D.H.C.S.; JUNQUEIRA, N.T.V; MOTOIKE, S.Y.; PIMENTEL, L.D.; FAVARO, S.P.; BRAGA, M.F.; ANTONIASSI, R. Macaúba. In: LOPES, R.; OLIVEIRA, M.S.P.; CAVALLARI, M.M.; BARBIERI, R.L.; CONCEIÇÃO, L.H.C.S.C. (Eds.). **Palmeiras Nativas do Brasil**. Brasília: Embrapa, 2015, p.269-305

COSTA, A.M. **Parâmetros genéticos, diversidade genética e seleção dos acessos de macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. Dissertação. Viçosa MG. 2016.

COSTA, C. F. (2009). **Solos e outros fatores ambientais associados à diversidade fenotípica de macaúbas no estado de São Paulo**. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical). 54p. Instituto Agronômico, Campinas – SP.

COSTA, E.; MARTINS, R. F.; FARIA, T. A. C.; JORGE, M. H. A.; LEAL, P. A. M. 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.

COSTA, E.; MARTINS, R. F.; FARIA, T. A. C.; JORGE, M. H. A.; LEAL, P. A. M. Seedlings of *Acrocomia aculeata* in different substrates and protected environments. **Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v.34, n.3, p.395-404, 2014.

COSTA, R.B. da, RESENDE, M.D.V. de, GONÇALVES, P.D.S., OLIVEIRA, L.C.S., ÍTAVO, L.C.V., ROA, R.A.R. (2008) Seleção simultânea para porte reduzido e alta produção de látex em seringueira. **Bragantia**, 3:649–654.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV-Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L. A. (2020). **Biometria aplicada ao estudo de Diversidade Genética**. Viçosa: Editora UFV.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV- Imprensa Universitária, 2004. 480p.

CRUZ, D.C; REGAZZI, J.A. **Análise Multivariada Aplicada**. Universidade Federal de Viçosa, 401p., 2020.

CUI, Z.; THOMAS, E.; CARTER, JR.; JOSEPH, W. B.; RANDY, W. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, WI, n. 41, p. 1954-1967, 2001.

DIONYSIO, R. B.; MEIRELLES; F. V. P. **Combustíveis: A química que move o mundo**. Sala de Leitura, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro, 2011.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, 19: 85-97, 1963.

FAIRBANKS, M. Mercado Graxo - **Origem natural garante evolução de negócios**. São Paulo: QD LTDA, 2003. Disponível em: < www.quimica.com.br/mercado-graxo-origem-natural-garante-evolucao-de-negocios/>

FARIA, L. A. (2010). **Hidrólise do óleo da amêndoa da macaúba com lipase extracelular de Colletotrichum gloesporioides produzidas por fermentação em substrato líquido**. Dissertação (Mestrado em Ciência de alimentos). 146p. Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte – MG.

FARIAS NETO, J.T., LINS, P.M.P., RESENDE, M.D.V., MULLER, A.A. (2009) Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, 31(1):190–196.

FAVARO, S.P.; MIRANDA, C.H.B. **Aproveitamento de espécies nativas e seus coprodutos no contexto de biorrefinaria**. Brasília: Embrapa, 2013 (Boletim Técnico).

FEHR, W.R. Breeding for Modified Fatty Acid Composition in Soybean. **Crop Science**, v.47, p.72-87, 2007.

FOSCHIERA, Irineu Pedro. **O Programa Nacional De Produção E Uso De Biodiesel: Impactos E Perspectivas**. Defesa de monografia. Porto Alegre, RS. 2008.

FONSECA, M. P.; GERASEEV, L. C.; RUFINO, L. M. A.; GARCIA, I. F. F.; SOUZA, R. M.; COSTA NETO, P. P. Use of macaúba cake replacing corn on carcass characteristics and body measurements of Santa Inês lambs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.41, n.5, p.1231-1235, 2012.

HAMMER Ø, Harper DAT, Ryan PD (2001) PAST: Paleontological Pacote de software de estatísticas para educação e dados análise. *Paleontol Electron* 4: 1-9.

HAZEL, H. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, 28: 476- 490, 1943.

HENDERSON, A., GALEANO, G. & BERNAL, R. (1995). **Field Guide to the Palms of the Americas**. New Jersey: Princeton University.

HENDERSON, C.R. (1984) *Applications of linear models in animal breeding*. Guelph: University of Guelph, 462 p.

HIANE, P. A. et al. Bocaiúva, *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd., pulp and kernel oils: characterization and fatty acid composition. **Braz. J. Food Technol.**, v. 8, n. 3, p. 256-259, jul.-set. 2005.

HIANE, P. A.; RAMOS FILHO, M. M.; RAMOS, M. I. L.; MACEDO, M. L. R. Óleo da polpa e amêndoa de bocaiúva, *Acrocomia aculeata* (jacq.) lodd. Caracterização e composição em ácidos graxos. **Brazilian Journal of Food Technology**, v.8, n.3, p.256-259, 2005.

HIANE, P.A.; BALDASSO, C.; MARANGONI, S.; MACEDO, M.L.R. Chemical and nutritional evaluation of kernels of bocaiuva, *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd.. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v.26, p.683-689, 2006.

KAWAZOE, L.A. Dossiê Óleos - O óleo vegetal. **Food Ingredients Brasil**, n.31, p.42-44, 2014.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. Procedimentos e determinações gerais. In: INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. 4. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2005. 1018 p.

JUNQUEIRA, N. T. V.; CONCEIÇÃO. L. D. H. C. S.; ANTONIASSI, R.; BRAGA, M. F.; MALAQUIAS, J.V. Caracterização de populações naturais de macaúba e avaliação do potencial produtivo. Planaltina, DF: **Embrapa Cerrados**, 2019.

LESCANO, C. H.; IWAMOTO, R. D.; SANJINEZ-ARGANDOÑA, E. J.; KASSUYA, C. A. L. Diuretic and Anti-Inflammatory Activities of the Microencapsulated *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) Oil on Wistar Rats. **Journal of Medicinal Food**, v.18, n.6, p.656–662, 2015.

LAVIOLA, B.G., ROSADO, T.B., BHERING, L.L., KOBAYASHI, A.K. (2010) Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa agropecuária brasileira**, 45(10):1117–1123.

LOPES, F. A.; MOTOIKE, S. Y.; HENRIQUES, E.; SILVEIRA, G. Protocolo de implantação do banco de germoplasma de macaúba da universidade federal de viçosa (bag - macaúba). In: **Congresso Brasileiro de Macaúba**, 20, 2013, Patos de Minas. **anais...** Brasília, DF: MAPA, 2013.

LORENZI, G. M. A. C. (2006). **Acrocomia aculeata (Jacq.) Lodd. ex Mart. - Arecaceae: bases para o extrativismo sustentável**. Tese (Doutorado em Ciências). 166p. Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR.

LORENZI, H. Manual de identificação e controle de plantas daninhas. 6.ed. **Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora Ltda**. 339p, 2006.

LORENZI, H., & MATOS, F. J. A. (2002). **Plantas medicinais do Brasil: nativas e exóticas**. Nova Odessa: Instituto Plantarum.

LORENZI, H.; SOUZA, H. M.; MEDEIROS-COSTA, J. T.; CERQUEIRA, L. S. C.; BEHR, N. **Palmeiras do Brasil: exóticas e nativas** Nova Odessa: Plantarum, 1996. p. 1-20.

MANFIO CE, MOTOIKE SY, Resende MDV, Santos CEM, Sato AY. 2012. **Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética**. Pesquisa Florestal Brasileira 32:63–69.

MANFIO, C. E. **Análise genética no melhoramento da macaúba**. 2010. 52f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

MAPA, 2015. **Anuário estatístico da agroenergia**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Brasília. 2015.

MEDEIROS, M.F. **Separação de ácidos graxos via programação ótima de destilação em batelada**. 2013. 201 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2013.

MISTRO, J. C. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta (Coffeacanehora Pierre ex A. Froehner)**. 2013.152p. Tese (Doutorado em Ciências) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba-SP.

MOTOIKE, S.; KUKI, K. The potential of macaw palm (*Acrocomia aculeata*) as source of biodiesel in Brazil. **International Review of Chemical Engineering** 1: 632-635. 2009.

MULAMBA, N. N & MOCK, J. J (1978). **Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits**. Egypt Journal of Genetics and Cytology, v. 7, p.40-51.

NASCIMENTO, A.M.M. **Protocolo de indução da calogênese *in vitro* a partir de Folíolos imaturos de plantas adultas de macaúba**. Dissertação. Viçosa MG. 2018.

NASCIMENTO, H.R. **Viabilidade polínica e polinização controlada em macaúba (*Acrocomia aculeata*)**. Dissertação. Viçosa MG. 2015.

NUCCI, S. M. **Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba**. 2007. 90f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

OLIVEIRA, A. L.; ALMEIDA, E.; SILVA, F. B. R.; NASCIMENTO FILHO, V. N. Elemental contents in exotic Brazilian tropical fruits evaluated by energy dispersive X-Ray fluorescence. **Scientia Agricola**, v.63, n.1, p.82-84, 2006.

OLIVEIRA, D. A. et al. 2008. **Diversidade genética de populações de *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. (Arecaceae) no norte do estado de Minas Gerais**. In IX Simpósio Nacional sobre Cerrados and II Simpósio Internacional sobre Savanas, Planaltina, 2008. Resumos.

Brasília, Embrapa Cerrados. 7p.

Oliveira, E.J., Fraife Filho, G. de A., Freitas, J.P.X. de, Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. de (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 12:191–198.

PADILHA, J.H.D.; RIBAS, L.L.F.; AMANO, E.; QUOIRIN, M. Somatic embryogenesis in *Acrocomia aculeata* Jacq. (Lodd.) ex Mart using the thin cell layer technique. **Acta Botanica brasílica**. Pg. 516-523. 2015.

PAIVA, J.R., RESENDE, M.D.V., CORDEIRO, E.R. (2002) Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37:799-807.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14.ed. Piracicaba: Nobel, 2000.p. 477.

PIRES, T.P. **Diversidade genética, fisiológica e anatômica em populações de macaúba provenientes de diferentes biomas**. Tese. Viçosa MG. 2017.

PIRES, T.P., SOUZA, E.S., KUKI, K.N., MOTOIKE, S.Y. Ecophysiological traits of the macaw palm: A contribution towards the domestication of a novel oil crop. **Ind Crop Prod**. 44:200–210. 2012.

QUEIROZ, M.A.; LOPES, M.A. **Importância dos recursos genéticos vegetais para o agronegócio**. In: NASS, L.L. (ed.) Recursos genéticos vegetais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p.281-306.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. 4.ed. Genética na Agropecuária. Lavras: UFLA, 2008. 463p.

RAMOS, M.I.L.; RAMOS FILHO, M. M.; HIANE, P.A.; BRAGA NETO, J.A.; SIQUEIRA, E.M. A. Qualidade nutricional da polpa de bocaiúva *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v.28, p.90-94, 2008.

RATTER, J. A., BRIDGEWATER, S., & RIBEIRO, J. F. (2003). **Analysis of the floristic composition of the Brazilian Cerrado vegetation**. III: comparison of the woody vegetation of 376 areas. *Edinburgh Journal of Botany*, 60, 57-109.

REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; FRISCH, M. (2005) Genetical and Mathematical Properties of Similarity and Dissimilarity Coefficients Applied in Plant Breeding and Seed Bank Management. **Crop Science**, 45: 1-7.

REIS, E. F. dos; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.3, p.685-692, 2004.

RESENDE, M. D. V. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2004. 65p. (Documentos 100)

RESENDE, M. D. V. SELEGEN–REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Colombo: Embrapa Florestas**, 2007. 361p.

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

RETTORE, R.P.; MARTINS, H. **Produção de combustíveis líquidos a partir de óleos vegetais: estudo das oleaginosas nativas de Minas Gerais**. Projeto da Fundação Centro Tecnológico de Minas Gerais – CETEC, Belo Horizonte, v.1, 1983.

Rocha, M. das G. de B., Pires, I.E., Xavier, A., Cruz, C.D., Rocha, R.B. (2006) Avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP E E(QM). **Ciência Florestal**, Santa Maria, 16(4):369–379.

ROHLF FJ (2000) NTSYSpc taxonomia numérica e multivariada sistema de análise. Versão 2.1. Exeter Software, Setauket.

RUEDA, R. A. P. **Avaliação de germoplasma para melhoramento e a conservação da macaúba**. 2014. 58. Tese (Doutorado em Fitotecnia)-Universidade Federal de Viçosa, MG.

RUFINO, L. M. A.; BARRETO, S. M. P.; DUARTE, E. R.; GERASEEV, L. C.; SANTOS, A. C. R.; JARUCHE, Y. G. Efeitos da inclusão de torta de macaúba sobre a população de protozoários ruminais de caprinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.899-903, 2011.

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

SILVEIRA G, LOPES FA, MOTOIKE SY, SOUZA FS, HENRIQUES E. 2013. Banco de Germoplasma da Macaúba: base para o melhoramento genético. **In: I Congresso Brasileiro de Macaúba: Consolidação da Cadeia Produtiva**; 2013 Nov. UNIPAM. Patos de Minas – MG. 4 p.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, 7: 240- 250, 1936.

TOMBOLATO, A.F.C; VEIGA, R.F.A.; BARBOSA, W.; COSTA, A.A.; BENATTI JÚNIOR, R.; PIRES, E.G. **Domesticação e pré-melhoramento de plantas: I. Ornamentais**. O agrônomo, Campinas, v.56, n.1, p12-14, 2004.

United States Department of Agriculture (USDA): **Oilseeds: World Markets and Trade**. Disponível em: <<https://www.fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade>>. Acesso em agosto de 2022.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VIANA, A. P.; RESENDE, M. D. V. *Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras*. 1. ed. **Rio de Janeiro: Editora Interciência**, v. 300. 282p. 2014.

WANDECK FA, JUSTO PG: **A macaúba, fonte energética e insumo industrial: sua significação econômica no Brasil**. In *Anais do VI Simpósio sobre o Cerrado: 4-8 October 1982; Brasília*. Planaltina: Embrapa Cerrados; 1982: 541-577.

WETZEL, M.M.V.S. **Manutenção da Variabilidade dos Recursos Genéticos para o Pré-melhoramento Vegetal**. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.;