

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E ENGENHARIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL**

GUILHERME BRAVIM CANAL

**MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Euterpe edulis* PARA
PRODUÇÃO DE FRUTOS**

Alegre, ES

2019

GUILHERME BRAVIM CANAL

**MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Euterpe edulis* PARA
PRODUÇÃO DE FRUTOS**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias do Espírito Santo, como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Produção Vegetal, na área de Biotecnologia e Ecofisiologia do Desenvolvimento de Plantas
Orientador: Prof. Dr. Adésio Ferreira

Alegre, ES

2019

GUILHERME BRAVIM CANAL

Melhoramento genético de *Euterpe edulis* para produção de frutos

Dissertação apresentada ao programa de Pós-graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, como requisito parcial para obtenção do título de mestre em Produção Vegetal

Aprovada em ____ de _____ de _____

Dedico este trabalho aos amigos que possibilitaram a realização do mesmo, aos meus avós Argeo Bravim e Ana Neuza Peterle Bravim, ao meu padrasto Luiz Ramon de Oliveira (*in memoriam*) e aos meus pais Dulcineia Ana Bravim e Gilmar Canal.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por todos os desafios que surgiram ao longo desta caminhada, que me motivaram e estimularam a querer superá-los. Aos desafios que não exigiram muito, mas que mesmo assim trouxeram grandes ensinamentos. Também aqueles que pareciam impossíveis de serem vencidos, e agora são pequenas pedras coletadas ao longo da minha caminhada e utilizadas para construir um forte estruturado que tenho de melhor.

A minha avó Ana Neuza Peterle Bravim por ter me criado, por todo carinho e amor constantemente demonstrado em cada lágrima derramada quando voltava para Alegre para estudar. Ao meu avô Argeo Bravim por toda preocupação expressada em gestos simples transmitido sobre seu jeito quieto e bruto.

A minha mãe Dulcineia Ana Bravim e a meu segundo pai, Luiz Ramos de Oliveira (*in memorian*), por demonstrarem o verdadeiro significado da força de superação, por serem verdadeiros exemplos da necessidade de se ter esperança nas situações mais difíceis, mesmo aquelas em que nada pode ser feito. Por serem os professores que ensinaram a me dedicar ao máximo nos projetos e serviços propostos, sem criar desculpa para realização dos mesmos. Por serem as pessoas responsáveis por moldar a minha determinação e honestidade.

A todos os amigos que ajudaram de forma direta e indireta nas análises deste trabalho, pelas várias horas que se disponibilizaram a ficar no campo e laboratório para realização das avaliações. Pelos momentos de descontração durante as atividades e por sempre estarem disponíveis quando necessário, pois, sem a ajuda desta grande equipe a realização deste trabalho seria impossível.

Em especial aos amigos José Henrique e Lidizoo, pelas longas conversas que se tornavam sessões de terapia e pelo apoio em todos os momentos.

Aos professores Adésio Ferreira e Marcia Flores da Silva Ferreira, por terem acreditado na minha capacidade para execução deste projeto, pela compreensão, pelas orientações, apoio e pela amizade ao longo de todo tempo que me orientam.

Aos senhores Pedro Bortolotti Menegardo e Vicente de Paulo Menegardo Bortoloti e suas famílias, que tanto ajudaram na realização do trabalho, ao disponibilizarem a área de estudo, os materiais vegetais para avaliação, por ceder a área para processamento, funcionários e por serem compreensivos sobre a movimentação gerada nos dias de avaliações. Além de toda confiança depositada sobre nossa equipe.

Aos órgãos financiadores de pesquisa (CNPq, VALE, CAPES e FAPES) e a Universidade Federal do Espírito Santo pelas oportunidades disponibilizadas.

Pensar é o trabalho mais difícil que existe. Talvez por isso tão poucos se dediquem a ele.
Não encontre defeitos, encontre soluções. Qualquer um sabe queixar-se.
(Henry Ford)

Você descobrirá que muitas das verdades às quais nos prendemos dependem do nosso
ponto de vista
(Obi-WanKenobi)

Lembre-se: seu foco determina a sua realidade
(Qui-GonJinn)

RESUMO

A nova visão de uso de *Euterpe edulis* na área da fruticultura, revelou a necessidade de aplicação de técnicas de melhoramento para a disponibilização de materiais superiores para disseminação da cultura em larga escala. Justifica-se a inserção da espécie em programas de melhoramento dado que, por ser uma espécie silvestre, a implantação de plantios comerciais não é uma prática consolidada e na maioria das vezes, tratada com desconfiança por produtores que pretendem aderir a esta nova cultura. As preocupações que giram em torno da atividade são justificadas, dado ao pequeno volume de informações voltada a produção de mudas, plantios, tratos culturais, rentabilidade do processo produtivo e a falta de materiais genéticos melhorado. Neste contexto, objetivou-se a geração de bases para condução de programas de melhoramento de *Euterpe edulis* e disponibilização de informações produtivas da espécie. No total, foram avaliadas 487 plantas de uma população comercial de *Euterpe edulis* manejado para produção de frutos. No experimento, sem delineamento experimental, foram mensuradas 11 variáveis relacionadas à produção. Por ser um programa de melhoramento em estágios iniciais, diversas abordagens estatísticas exploratórias para o entendimento das relações entre as variáveis e exploração pela existência da diversidade entre os materiais genéticos da população, foram realizados antes da aplicação do processo seletivo de genótipos, visando maximizar a exatidão na seleção dos materiais superiores, potencializar os ganhos seletivos e o sucesso do programa de melhoramento. Elevada diversidade foi observada na população estudada, sendo os primeiros indícios apresentados pelos resultados gerados através do método da máxima verossimilhança restrita (REML) e predição dos valores genotípicos, pela melhor predição linear não viesada (BLUP), realizados sobre as variáveis com medidas repetidas. As associações entre variáveis foram testadas pela análise de correlação de Pearson, análise de trilha e pela avaliação de modelos de regressão linear. A análise de diversidade foi intensificada por meio de técnicas multivariadas de agrupamento com distância euclidiana média padronizada e agrupadas pelo método UPGMA, a seleção dos materiais foram realizadas com intensidade de aproximadamente 10% com uso do índice de seleção de Mulamba e Mock. As análises estatísticas foram realizadas por meio do uso do *software* de ambiente livre R. A repetibilidade observada para as variáveis testadas, foram classificadas como elevada, revelando a superioridade do efeito de ambiente permanente sobre os efeitos de ambiente temporário, indicando maior acurácia na previsão do valor real. De modo geral, os valores da estimativa do coeficiente de correlação apresentaram elevada oscilação nas magnitudes entre as associações das características. O desdobramento dos coeficientes de correlação em seus efeitos diretos e indiretos, revelaram que o número de cachos, número de frutos por cachos e massa fresca de fruto são as características que apresentam maior relação de causa e efeito. No entanto, a massa de fruto por cacho, número de cachos, número de frutos por cachos, massa fresca do fruto e qualidade de polpa foram as variáveis determinadas a serem utilizadas na seleção para trazerem ganhos indiretos a produção de frutos por planta. Os agrupamentos gerados pelos métodos de análise de diversidade expuseram a elevada diversidade nas populações, demonstrando elevado potencial seletivo. A população selecionada chegou a apresentar média de 151,72% maior que a população geral para massa fresca de fruto. A população selecionada manteve alta diversidade. Além disto, os resultados obtidos sobre a capacidade produtiva e econômica da espécie são incentivos a implantação de plantio planejados e ao manejo ecológico dos frutos, auxiliando na preservação da espécie.

Palavras-chave: Melhoramento vegetal, juçara, análises de associação, parâmetros genéticos, dissimilaridade, seleção, produção de frutos.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I – Estimativas de parâmetros genéticos e determinação de caracteres para seleção de *Euterpe edulis*.

Figura -1 Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre as variáveis altura (Alt), número de cachos (NC), circunferência a altura do peito (CAP), comprimento de raque (CR), número de raquillas (NR), massa fresca de fruto (MFF), massa fresca da semente (MFS), quantidade de polpa (QP), massa de frutos por cacho (MFC), produção de frutos por cacho (PFP) e número de frutos por cacho (NFC). Na diagonal superior está representada as estimativa de correlação de Pearson entre as variáveis com significância a 5% (*); 1% (**) e a 0,1% (***). Na diagonal é representado a distribuição de frequência dos dados. Na diagonal inferior, são apresentadas as distribuições dos dados entre as variáveis com a linha de tendência da distribuição dos dados. 29

Figura 2 – Representação gráfica da decomposição de modelos em suas variáveis constituintes. Os quadros em vermelho apresentam os modelos que melhor atenderam aos critérios estabelecidos. Inter: intercepto, BIC: *Bayesian information criterion* – critério de informação Bayesiana. A cor preta no indica a presença da composição da variável no modelo gerado, sendo a cor branca utilizada para indicar a ausência da mesma.. 34

CAPÍTULO II - Caracterização agrônômica, seleção ediversidade genética de genótipos de *Euterpe edulis*.

Figura 1 – Ranqueamento dos 50 genótipos selecionados com respectivos ranks padronizados para as características seletivas: massa de frutos por cacho (MFC), massa fresca de frutos (MFF), número de cachos (NC), número de frutos por cacho (NFC), produção de frutos por planta (PFP) e quantidade de polpa (QP). O genótipo de posição de rank mais elevado corresponde ao melhor material. Os valores dos postos dos ranks correspondem a amplitude de cada barra no gráfico. As posições de ranks foram plotados de modo a ser somado os valores para cada variável resultando no valor do índice de ranqueamento de cada genótipo..... 44

Figura 2 – Gráfico de radar entre médias fenotípicas e genotípicas de massa fresca de fruto (MFF), massa fresca de semente (MFS) e quantidade de polpa (QP) dos genótipos selecionados. ρ = correlação de Pearson. **Erro! Indicador não definido.**

Figura 3 – Dendrogramas gerado pelo método UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridade baseadas na distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), com combinação em pares de 487 genótipos para as 11 características avaliadas (a) e 6 as seletivas (b). Cada cor representa a formação de um grupo diferente, sendo representado pelos números os genótipos selecionados e o grupo que faz parte. Ponto de corte determinado pelo teste de Mojena (1977). 49

Figura 4 – Agrupamento gerado pelo método UPGMA, a partir das medidas na distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), entre 50 genótipos selecionados para as variáveis PFP, MFC, MFF, NC, NFC e QP. Gráfico de barra empilhada da produção de frutos por planta (PFP) e massa de frutos por cacho (MFC) para cada genótipo; o valor de MFC é obtido pela subtração do valor total apresentado nas barras pela PFP. Gráfico de pontos do número de cachos por planta de cada genótipo. A linha de valores no eixo da abscissa corresponde a: valores percentuais em relação à dissimilaridade no ultimo nível de fusão (dendrograma), valores fenotípicos de produção de frutos por planta (PFP (kg)/MFC (KG)) valor fenotípico de número de cachos (Número de cachos)..... 53

Figura 5 – Gráfico de barra com desvio padrão para população geral, população selecionadas e os grupos formados com seis variáveis seletivas e 50 genótipos selecionados a partir da DEMP e método de agrupamento de ligação média UPGMA. pop.= População.**Erro! Indicador não definido.**

Figura 6 – Gráfico de barra para as médias individuais para os 50 genótipos selecionados em separadas por cada grupo para as variáveis seletivas. I= grupo 1, II grupo 2, III= grupo 3, IV= grupo 4, V= grupo5, VI = grupo 6, VII= grupo7..... 64

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I – Estimativas de parâmetros genéticos e determinação de caracteres para seleção de *Euterpe edulis*.

Tabela 1 – Estimativas dos componentes e parâmetros genéticos para massa fresca de fruto (MFF), massa fresca da semente (MFS) e quantidade de polpa (QP). 27

Tabela 2 - Estimativas de efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas: altura (Alt), circunferência a altura do peito (CAP), número de cachos (NC), comprimento de raque (CR), número de ráquias (NR), massa fresca de fruto (MFF), quantidade de polpa (QP) e número de frutos por cacho (NFC) sobre a variável principal: produção de frutos por planta (PFP). 31

CAPÍTULO II - Caracterização agrônômica, seleção e diversidade genética de genótipos de *Euterpe edulis*.

Tabela 1 – Média populacional geral, dos indivíduos selecionados e diferença entre ambas para os descritores seletivos: produção de frutos por planta (PFP), número de cachos (NC), massa de frutos por cacho (MFC), massa fresca de frutos (MFF), número de frutos por cacho (NFC) e quantidade de polpa (QP). 45

Tabela 2 – Cruzamentos entre os genótipos mais dissimilares entre os grupos. 62

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	12
2. OBJETIVOS	16
2.1 OBJETIVO GERAL.....	16
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	16
3. REFERÊNCIAS	16
CAPÍTULO I - Estimativas de parâmetros genéticos e determinação de caracteres para seleção de <i>Euterpe edulis</i>.	
1. INTRODUÇÃO	20
2. MATERIAL E MÉTODOS	22
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4. CONCLUSÃO	34
5. AGRADECIMENTOS	35
6. REFERÊNCIAS	35
CAPÍTULO II - Caracterização agronômica, seleção e diversidade genética de genótipos de <i>Euterpe edulis</i>.	
1. INTRODUÇÃO	38
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
4. CONCLUSÃO	58
5. AGRADECIMENTOS	58
6. REFERÊNCIA	58

1. INTRODUÇÃO GERAL

Nativo da Floresta Atlântica, o *Euterpe edulis* (INÁCIO et al., 2013) está distribuído de modo generalizado ao longo de todo o bioma (VIEIRA et al., 2018; SCHULZ et al., 2016, HENDERSON, 2000). Dada a sua crítica relação com as atividades humanas exploratórias, esta espécie encontra-se em risco de extinção, classificada como vulnerável no livro vermelho da flora do Brasil (LEITMAN et al., 2013).

A busca por alternativas para auxiliar a preservação da espécie e reverter sua situação quanto a preservação, evidenciou o potencial de manejo de frutos da espécie, baseando sua utilização na fruticultura devido a diversos fatores como o potencial econômico, ecológico (MULER et al., 2014), nutricional da utilização da polpa dos frutos e por atender à crescente demanda de alimentos com características diversificadas.

Entretanto, a implantação de plantios comerciais de *Euterpe edulis* ainda não é uma prática consolidada, que associada a pequeno volume de informações voltada a produção de mudas, tratos culturais, rentabilidade do processo produtivo de frutos e a falta de materiais genéticos melhorados dão suporte a insegurança mantida por parte dos produtores que estudam a possibilidade de uso desta nova cultura.

Neste sentido, para justificar a necessidade da inserção da espécie em programas de melhoramento, primeiro precisamos apresentar as principais características que alicerçam a utilização da espécie de forma econômica.

Inicialmente o potencial de sucesso do manejo de frutos de *Euterpe edulis* revelou-se devido a associação da vasta produção de frutos, com formato esférico que pesam cerca de 1 g com 1 a 1,5 cm de diâmetro (SILVA e REIS, 2018; SCHULZ et al., 2016; CALVI e PINA-RODRIGUES, 2005), com a semelhança aos frutos do *Euterpe oleracea*, que foi reconhecida por volta de 2008 como uma fruteira de expressão econômica (Santos et al., 2008).

O estudo fenológico e de produção de sementes no município de Miguel Pereira no Rio de Janeiro, veio comprovar a elevada produção de frutos da espécie, observando uma média de 3365 frutos por cacho (CALVI E PINA-RODRIGUES 2005), que chegam a pesar em torno de 3 a 5 kg (BOURSCHEID et al., 2011).

Contudo, na maioria das espécies a produção de frutos é afetada pelo ambiente e ano de produção. Com o *Euterpe edulis* não é diferente, foi relatado que o número de frutos por cacho é influenciado por ano de colheita e pela localização do fragmento, tendo

o fator local maior influência do que o ano de colheita, influenciando ainda no número de cachos, o qual se manteve constante entre os anos (BRANCALION et al., 2012).

Com fundamental importância para a logística de colheita, o período de frutificação do *Euterpe edulis* varia entre citações, com ocorrência de março a junho (LORENZI et al., 2010), e maio a novembro (CALVI e PINA-RODRIGUES, 2005). Uma das explicações que podem ser atribuídas a essa variação da época de frutificação seria a variação ambiental, já que o *Euterpe edulis* encontra-se distribuído ao longo da Floresta Atlântica, a qual apresenta ampla variação edafoclimática. Além deste fator, existe a possibilidade de tal variação ocorrer devido a fatores genéticos. Assim, indica-se como mais apropriado a avaliação deste período fenológico em cada microrregião.

A variação na época de frutificação devido a ambientes diferentes, foi relatada por Brancalion et al (2012), que encontraram frutos maduros em floresta de Mata Atlântica no período de março a agosto e em floresta de restinga de março a maio, demonstrando um período mais reduzido do segundo ambiente em relação ao primeiro, ambas as verificações na safra de 2008.

O produto produzido a partir do processamento dos frutos da espécie, apresenta alto conteúdo energético, minerais, antioxidantes (MULER, et al., 2014), alto valor nutricional, diferentes tipos de nutrientes como potássio, ferro, zinco, fósforo, cobre, cálcio e magnésio, presença de ácidos graxos, proteínas, fibras, vitaminas, e compostos bioativos como antocianinas (PUPIN et al., 2018; SCHULZ et al. 2016) com reconhecidas propriedades funcionais (INÁCIO, et al., 2013), que vem criando a demanda para o consumo de seu produto (FAVRETTO; MELLO; BAPTISTA, 2010) e destacando a possibilidade de uso para as mais diversas finalidades, desde o uso na alimentação chegando a demonstrar grande potencial no uso farmacêutico.

Em virtude de suas características, os frutos de *Euterpe edulis* são classificados como “super frutos”. Este termo foi desenvolvido como marketing designado a frutos com altos valores nutricionais, antioxidantes, benéficos a saúde e apelo ao sabor (FELZENSZWALB, et al., 2013).

Diante do apresentado, a inserção do *Euterpe edulis* na área da fruticultura é justificada por atender diversos requisitos produtivos, de mercado e auxiliar na preservação, dado que o manejo de frutos mantém os indivíduos vivos evitando o corte da planta. Em contrapartida, a ampla variação produtiva da espécie expõe a necessidade de aplicação de técnicas de melhoramento, que busquem a homogeneização, o aumento da produtividade de frutos e a manutenção na qualidade de polpa

Assim, os laboratórios de Biometria Vegetal e Genética e Melhoramento Vegetal do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, iniciaram a alguns anos o programa de melhoramento de *Euterpe edulis*, buscando o aumento na produtividade de frutos e qualidade da polpa processada.

Por ser um programa recente, as atividades realizadas estão voltadas a prática de seleção de materiais superiores, a qual não é uma tarefa fácil, e para tal, necessitamos de boas técnicas estáticas aplicadas as avaliações realizadas a campo para obtermos elevados ganhos de seleção.

A análise de correlação é uma estratégia de grande importância aos programas de melhoramento pois, ao informar a associação entre variáveis, possibilita a determinação de estratégias para maximização de ganhos (GONÇALVES et al., 2017; ENTRIGER et al., 2014) pois informa a alteração que uma variável pode sofrer devido a alteração em nas demais (SILVA et al., 2016).

No geral, as associações entre variáveis são medidas através da correlação fenotípica, genotípica e ambientais (ESPÓSITO et al., 2012). Entretanto, a interpretação da associação entre variáveis simplesmente pela análise de correlação pode resultar em erros nas estratégias de seleção (BRASILEIRO et al 2013), por sua magnitude ser passível de influência de uma terceira variável ou um grupo delas (CRUZ et al., 2012), sendo a magnitude desta relação, o somatório dos efeitos diretos e indiretos (RIOS et al., 2018).

Neste sentido, Wright (1921) propôs a decomposição do coeficiente de correlação, possibilitando o estudo mais detalhado da real associação entre as variáveis. O desdobramento realizado sobre o coeficiente de correlação é denominado de análise de trilha e informa o efeito direto e indireto das variáveis secundárias sobre as variáveis principais, proporcionando maior confiabilidade nas interpretações de causa e efeito (GONÇALVES et al., 2017).

Por ser uma espécie não domesticada, com manejo de indivíduos naturais e plantios formados de mudas seminais, espera-se que as populações de *Euterpe edulis* apresentem elevada variabilidade genética, que conseqüentemente pode resultar em elevados ganhos de seleção dentro dos programas de melhoramento.

Todavia, a forte atividade predatória sobre indivíduos das populações naturais de *Euterpe edulis* pode ter aumentado a taxa de cruzamentos endogâmicos que, conseqüentemente ao longo dos anos, pode ter reduzindo a variabilidade genética das populações. Assim, predição da variabilidade genética de uma população ou grupos de indivíduos, seja para *Euterpe edulis* ou para demais espécies, é uma das etapas

primordiais e de elevada importância nos programas de melhoramento (RODRIGUES et al., 2010).

A predição da variabilidade genética pode ser feita por vários métodos multivariados, das quais, podemos citar as técnicas de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos como as de maior destaque (BENITEZ et al., 2011; BERTINI et al., 2010, HAIR, 2009).

Estas avaliações exploratórias multivariadas podem ser utilizadas para auxiliar a seleção de genótipos superiores, pois possibilita a análise de todas as características agronômicas, suas relações e determinar as de maiores influências (LEITE et al., 2018), além de possibilitar a determinação de futuros cruzamentos.

Mesmo havendo diversidade em uma população, para a seleção de materiais superiores, necessitamos de boas estimativas dos componentes de variância e predições de valores genéticos (NETO e RESENDE, 2001).

Neste sentido, os procedimentos REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viciada), vem sendo amplamente utilizados no melhoramento florestal, devido a possibilidade de utilização de dados balanceados e desbalanceados (DOURADO et al., 2018).

A Máxima Verossimilhança Restrita (REML), é um dos métodos utilizados para estimação dos componentes de variância, enquanto a predição dos valores genéticos é realizada através do BLUP. Na seleção de espécies florestais, tais métodos devem ter preferência sobre o método dos quadrados mínimos, visto que geralmente tais experimentos geram dados desbalanceados (NETO e RESENDE, 2001).

O REML/BLUP é muito utilizado para se conhecer a estrutura e potencial genético de populações e auxiliar na seleção dos melhores indivíduos de diferentes espécies, podendo ser citadas espécies como: eucalipto (CORRÊA, et al., 2017, COSTA et al., 2015), pinus (SANTOS et al., 2016), acácia negra (DUNLOP et al., 2005), seringueira (DOURADO et al., 2018) e pupunha (NETO e RESENDE, 2001; RODRIGUES et al., 2017).

Conhecendo o potencial genético dos indivíduos, a utilização de índices de seleção para selecionar os melhores genótipos pode promover maiores ganhos totais, visto que o ganho vai ser distribuído a uma série de atributos favoráveis avaliados, sendo adequado para programas de melhoramento genético (COSTA et al., 2004).

2. OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Desenvolver bases para condução de programas de melhoramento de *Euterpe edulis*.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Averiguar associações entre variáveis morfoagronômicas;
- Selecionar variáveis de maior relevância para potencializar ganhos produtivos e manter a qualidade do produto processado;
- Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos;
- Selecionar genótipo superiores;
- Estudar a variabilidade genética da população de estudo e da população selecionada, para averiguar o potencial seletivo e propor possíveis cruzamentos entre indivíduos;
- Descrever sobre as características produtivas da espécie.

3. REFERÊNCIAS

- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, v. 2, p. 409-416, 2011.
- BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.
- BOURSCHEID, K., SIMINSKI, A., FANTINI, A. C., & MAC FADDEN, J. (2011). *Euterpe edulis* – Palmito juçara. Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul (pp. 179–183). Brasília: Ministério do Meio Ambiente.
- BRANCALION, P. H. S.; VIDAL, E.; LAVORENTI, N. A.; BATISTA, J. L.F.; RODRIGUES, R. R. Soil-mediated effects on potential *Euterpe edulis* (Arecaceae) fruit and palm heart sustainable management in the Brazilian Atlantic Forest. **Forest Ecology and management**, n. 284, p. 78-85, 2012
- BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 13, p. 113 – 119, 2013.
- CALVI, G. P., PIÑA-RODRIGUES, F. C. M. Fenologia e produção de sementes de *Euterpe edulis* – Mart. em trecho de floresta de altitude no município de Miguel

- Pereira-RJ. **Revista Universidade Rural**, Série Ciências da Vida, Seropédica-RJ, v. 25, n. 1, p. 33-40, 2005.
- CORRÊA, T. R.; PICOLI, E. A. T.; SOUZA, G. A.; CONDÉ, S. A.; SILVA, N. M.; LOPES-MATTOS, K. L. B.; RESENDE, M. D. V.; ZAUZA, E. A. V.; ODA, S. Phenotypic markers in early selection for tolerance to dieback in Eucalyptus. **Industrial Crops e Products**, v. 107, p. 130-138, 2017.
- COSTA, M. M. et al. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.
- COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; SILVA, J. C.; ALMEIDA, B. C. Variabilidade e ganhos genéticos em progênies de *Eucalyptus camaldulensis* utilizando diferentes métodos de seleção. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 58, p. 69-74, 2015.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1. 512p.
- DOURADO, C. L.; MORAES, M. A.; ALVES, P. F.; KUBOTA, T. Y. K.; SILVA, J. R.; MOREIRA, J. P.; SILVA, A. A.; CAMBUIM, J.; GONÇALVEZ, P. S.; MORAES, M. L. T. Selection strategies for growth characters and rubber trees in Brazil. **Industrial Crops e Products**, v. 118, p. 118-124, 2018.
- DUNLOP, R. W.; RESENDE, M. D. V.; BECK, S. L. Early assessment of first year height data from five *Acacia mearnsii* (black wattle) sub-populations in South Africa using REML/BLUP. **Silvae Genetica**, v. 54, p. 166-174, 2005.
- ENTRIGER, G. C.; SANTOS, P. H. A. D.; VETTORAZZI, J. C. F.; CUNHA, K. S.; PEREIRA, M. G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 3, p. 356 – 361, 2014.
- ESPÓSITO, D. P.; PETERNELLI, L. A.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 1, p. 38 – 44, 2012.
- FAVRETO, R.; MELLO, R. S. P.; BAPTISTA, L. R. D. Growth of *Euterpe edulis* Mart. (Arecaceae) under forest and agroforestry in southern Brazil. **Agroforestry Systems**, Dordrecht, v. 80, n. 2, p. 303-313, 2010.
- FELZENSZWALB, I.; MARQUES, M. R. C.; MAZZEI, J. L.; AIUB, C. A. F. Toxicological evaluation of *Euterpe edulis*: A potential superfruit to be considered. **Food and Chemical Toxicology**, v. 58, p. 536-544, 2013.
- GONÇALVES, D. L.; BARELLI, M. A. A.; OLIVEIRA, T. C.; SANTOS, P. R. J.; SILVA, C. R.; POLETINE, J. P.; NEVES, L. G. Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 8, p. 1 – 7. 2017.
- HAIR, J. F. et al. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.
- HENDERSON, A. The genus *Euterpe* in Brazil. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 1-22, 2000.

- INÁCIO, M. R. C.; LIMA, K. M. G.; LOPES, V. G.; PESSOA, J. D. C.; TEIXEIRA, G. H. de A. Total anthocyanin content determination in intact açai (*Euterpe oleracea* Mart.) and palmitero-juçara (*Euterpe edulis* Mart.) fruit using near infrared spectroscopy (NIR) and multivariate calibration. **Food Chemistry**, v. 136, p. 1160-1164, 2013.
- LEITE, S. W. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; SILVA, A. J.; MAURO, A. O. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciências Agrônômica**, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018.
- LEITMAN, P.; JUDICE, D. M.; BARROS, F. S. M.; PRIETO, P. V. Areaceae. In: MARTINELLI, Gustavo; MORAES, Miguel Avila. Livro Vermelho da Flora do Brasil. Rio de Janeiro: Cncflora, 2013. p. 187-195.
- LORENZI, H.; KAHN, F.; NOBLICK, L. R. FERREIRA, E. **Flora brasileira Lorenzi: Areaceae (palmeiras)**. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 2010. 368 p.
- MULER, A. E.; ROTHER, D. C.; BRANCALION, P. S.; NAVES, R. P.; RODRIGUES, R. R.; PIZO, M. A. Can overharvesting of a non-timber-forest-product change the regeneration dynamics of a tropical rainforest? The case study of *Euterpe edulis*. **Forest Ecology and Management**, v. 324, p. 117-125. 2014.
- NETO, J. T. F.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal-SP, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.
- PUPIN, L.; SANTOS, V. S.; NETO, J. P. S.; FUSCO, D. O.; TEIXEIRA, G. H. A. Is the bioaccessibility of minerals affected by the processing steps of juçara fruit (*Euperte edulis* Mart.)?. **Food Science and Technology**, v. 91, p. 14-25, 2018.
- RIOS, S. A.; CUNHA, R. N. V.; LOPES, R.; BARCELOS, E.; ROCHA, R. N. C.; LIMA, W. A. A. Correlation and Path analysis for yield components in dura oil palm germplasm. **Industrial Crops e Products**, v. 112, p. 724-733, 2018.
- RODRIGUES, H. C. A.; CARVALHO, S. P.; CARVALHO, A. A.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; CUSTÓDIO, T. N. Avaliação da diversidade genética entre acessos de mandioca (*Ricinus communis* L.) por meio de caracteres morfoagronômicos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 6, p. 773 – 777, 2010.
- RODRIGUES, H. S.; CRUZ, C. D.; MACÊDO, J. L. V.; RESENDE, M. D. V.; BORÉM, A. Genetic variability and progeny selection of peach palm via mixed models (REML/BLUP). **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 39, n. 2, p. 165-173, 2017.
- SANTOS, G. M.; MAIA, G. A.; SOUSA, P. H. M.; COSTA, J. M. C.; FIGUEIREDO, R. W.; PRADO, G. M. Correlação entre atividade antioxidante e compostos bioativos de polpas comerciais de açai (*Euterpe oleracea* Mart). **Archivos latino-americanos de nutricion**, v. 58, n. 2, p. 187 – 192, 2008.
- SANTOS, W.; SOUZA, D. C. L.; MORAES, M. L. T.; AGUIAR, A. V. Genetic variation of wood and resin production in *Pinus caribaea* var. *hondurensis* Barret e Golfari. **Silvae Genetica**, v. 65, p. 31-37, 2016.

- SCHULZ, M.; BORGES, G. S. C.; GONZAGA, L. V. COSTA, A. C. O.; FETT, R. Juçara fruit (*Euterpe edulis* Mart.): Sustainable exploitation of a source of bioactive compounds. **Food Research International**, v. 89, p. 14-26, 2016.
- SILVA, C. A.; SCHMILDT, E. R.; SCHMILDT, O. ALEXANDRE, R. S.; CATTENEO, L. F.; FERREIRA, J. P.; NASCIMENTO, A. L. Correlações fenotípicas e análise de trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro. **Revista agroambiente**, Online, v. 10, n. 3, p. 217 – 227. 2016.
- SILVA, J. Z.; REIS, M. S. Fenologia reprodutiva e produção de frutos em *Euterpe edulis* (Martius). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 28, n. 1, p. 295 – 309, 2018.
- VIEIRA, G. S.; MOREIRA, F. K. V.; MATSUMOTO, R. L. S.; MICHELON, M.; FILHO, F. M.; HUBINGER, M. D. Influence of nanofiltration membrane features on enrichment of jussara ethanolic extract (*Euterpe edulis*) in anthocyanins. **Journal of food engineering**, v. 226, p. 31-41, 2018.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 20, p. 557-585, 1921.

CAPÍTULO I

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E DETERMINAÇÃO DE CARACTERES PARA SELEÇÃO DE *Euterpe edulis*.

Resumo

Os longos anos de intensa exploração predatória sobre o principal recurso até então fornecido pelo *Euterpe edulis*, um palmito apreciado para alimentação humana, ocasionou na redução drástica do número de indivíduos da espécie levando-a ao risco de extinção. Conhecida popularmente com juçara, o *Euterpe edulis* tem demonstrado vários atributos de destaque para sua utilização na fruticultura. Entretanto, por ser uma espécie não domesticada, sua inserção em programas de melhoramento iniciou-se recentemente, fazendo-se necessário avaliações de variabilidade e estudo de associações entre variáveis antecedendo o processo de seleção. Neste sentido o presente trabalho teve por objetivo avaliar variáveis mais correlacionadas com a produção de frutos por planta e definir as variáveis mais significativas para utilização em programas de melhoramento da espécie. Para isto, foram avaliadas 11 características morfoagronômicas de 487 indivíduos de *Euterpe edulis* pertencente a um plantio comercial manejado. Foi testado a existência de variabilidade para as características de frutos pelo teste de razão de verossimilhança, avaliou-se as associações entre os caracteres em avaliação pela análise de correlação de Pearson, tendo seu coeficiente desdobrado em efeitos diretos e indiretos sobre a produção de frutos por planta (PFP). Gerou-se todos os possíveis modelos de regressão linear, para auxiliar na determinação das variáveis que mais explicam a variação na produção de frutos por planta PFP. As elevadas estimativas dos componentes de variâncias, estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) evidenciaram elevado controle genético sobre as variáveis relacionadas aos frutos, com existência da variabilidade na população. As correlações fenotípicas foram de modo geral, baixas, com o maior valor estimado de 0,91*** entre massa fresca de fruto (MFF) e massa fresca de semente (MFS) e massa de fruto por cacho (MFC) e número de frutos por cachos (NFC). Para obtenção de maior produção de frutos por planta (PFP) as variáveis massa de frutos por cacho, número de cacho, número de frutos por cacho, massa fresca de fruto e quantidade de polpa devem ser tidas como variáveis seletivas na seleção indireta.

Palavras-chave: Pré-Melhoramento, Seleção de variáveis, *Euterpe edulis*, juçara, correlação, análise de trilha.

1. INTRODUÇÃO

Euterpe edulis é uma espécie nativa do bioma Floresta Atlântica (INÁCIO et al., 2013), que devido a fatores relacionados à preservação, a alta produtividade de frutos, bem como fatores nutricionais e de qualidade de polpa, vem sendo inserido em programas de melhoramento, como o que ocorre no Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, que busca o aumento da produção de frutos e manutenção da qualidade de polpa. A seleção massal é o método atual de melhoramento em uso, dada a recente inserção da espécie a esta prática, visando posterior aplicação do

teste de progênies, como já realizado na espécie do mesmo gênero o açazeiro (*Euterpe oleracea*) visando a produção de frutos (OLIVEIRA e FARIAS NETO, 2008).

A seleção massal é um dos métodos mais simples do melhoramento genético. Tem fundamentação na identificação fenotípica e utilização dos indivíduos superiores como genitores para obtenção da próxima geração (CHATCHAIPHAN et al., 2019). Muitas vezes é utilizada em estágios iniciais de programas de melhoramento, nos quais ocorrem grande variabilidade genotípica dos indivíduos, sem repetições em somente um local, que consequentemente resulta em avaliações visuais com base em características de interesse (de OLIVEIRA et al., 2011).

O melhoramento de espécie perene demanda mais recursos e tempo de avaliações dos programas de melhoramento genético, necessitando da utilização de métodos que aumentem a acurácia na seleção (FARIAS NETO et al., 2008), principalmente na seleção massal que é fortemente influenciada pelo efeito ambiental.

Neste sentido, a seleção baseada em múltiplas características associadas à característica de maior interesse, visa a identificação mais acurada dos melhores genótipos com ganhos distribuídos sobre várias características, buscando aumentar a chance de sucesso do programa de melhoramento, visto que a seleção individual pode não atender as exigências de mercado, resultando em fracasso do programa. Esta técnica baseia-se na seleção da resposta fenotípica média dos diversos caracteres utilizados e não somente em um. Deste modo, a expressão fenotípica inflacionada ou reduzida pelo ambiente sobre uma determinada característica, pode acabar sendo corrigida ao ser considerada a posição de *rank* das demais.

Antes da aplicação de um método de seleção na população é importante a realização do estudo de correlação (MARÇAL et al., 2015), visando determinar estratégias de maximização dos ganhos nas características de interesse (RIOS et al., 2018; TEIXEIRA et al., 2012). Uma das estratégias, é a seleção múltipla com base em fatores correlacionados, que busca utilizar variáveis que tem relação linear com a característica de interesse. Assim, alterações nestas características indiretas resultará em mudanças nas de interesse. Podendo-se as vezes, os melhores materiais serem obtidos pela combinação da seleção direta e indireta utilizadas em conjunto (FALCONER e MACKAY, 1996).

Para o entendimento das relações entre variáveis, a análise de correlação de Pearson apresenta destaque, por basear-se em matrizes de variância e covariância para medir a força da associação entre dois vetores testados, podendo ser utilizado para amostras e/ou populações (MU et al., 2018) e ainda ser aplicado na escolha de variáveis

para a seleção indireta, dependendo do grau de associação entre as características de interesse e as demais.

Contudo, o coeficiente de correlação pode estar confundido com o efeito da influência de outros caracteres (CRUZ et al., 2012), sendo a magnitude da associação expressa pela análise, o somatório dos efeitos diretos e indiretos (RIOS et al., 2018). Neste sentido, a análise de trilha proposta por Wright (1921) possibilita o estudo mais detalhado da real associação entre as variáveis, pois decompõe o coeficiente de correlação em seus efeitos diretos e indiretos.

Deste modo, objetivou-se com este trabalho avaliar as correlações e os efeitos diretos de caracteres morfológicos e produtivos com a característica de interesse (produção de frutos por planta) e definir as variáveis de destaque para uso na seleção massal.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados 487 genótipos de *Euterpe edulis* em um plantio comercial na região Sul do estado do Espírito Santo, no município de Rio Novo do Sul, latitude: -20,863, longitude: -40,9361. O experimento foi conduzido em ausência de delineamento experimental com prévia seleção visual dos genótipos aparentemente mais produtivos. Em cada indivíduo foram avaliadas 11 características relacionadas a atividade de colheita e produção de frutos.

Em campo foram mensuradas a altura em metros (Alt) das plantas com auxílio do laser rangefinder Uineye®, circunferência a altura do peito em cm (CAP) a 1,30 m com fita métrica e número de cachos por planta (NC). Posteriormente à maturação dos frutos, os cachos foram colhidos e foi mensurado o comprimento de raque em cm (CR) com fita métrica e número de ráquias (NR).

Em cada planta foi colhido um único cacho para posteriores avaliações. A massa de frutos por cacho em kg (MFC) foi obtida com o uso de balança de campo CraneScale® (0,1 g). A massa fresca de frutos e sementes (MFF e MFS), em gramas, foi obtida com uso de balança analítica de precisão (0,0001 g) Shimadzu®. Foram utilizados 100 frutos distribuídos em quatro repetições de 25 frutos para calcular a massa média de frutos e sementes de cada genótipo. A MFF e MFS foram calculados segundo as equações 1 e 2, respectivamente:

$$MFF = \frac{\text{Massa de 25 frutos (g)}}{25} [1] \quad MFS = \frac{\text{Massa de 25 sementes (g)}}{25} [2]$$

A quantidade de polpa por fruto (QP) foi expressa em porcentagem obtida pela diferença entre as massas de frutos e sementes utilizando a seguinte equação (3):

$$QP (\%) = \frac{MFF - MFS}{MFF} \times 100 \quad [3]$$

As variáveis de produção de frutos por planta (PFP) (4), em quilograma e número de frutos por cachos (NFC) (5), foram estimados com o uso das seguintes equações:

$$PFP (kg) = NC \times MFC \quad [4]$$

$$NFC = \frac{MFC \times 1000}{MFF} \quad [5]$$

As estimativas de correlação foram obtidas pelo método de Pearson, empregando o teste t para examinar a significância das estimativas ao nível de 0,1%, 1% e 5% de probabilidade. Foi utilizado o seguinte estimador (6):

$$\hat{r} = \frac{COV(X,Y)}{\sqrt{\hat{V}(X)\hat{V}(Y)}} \quad [6]$$

em que:

\hat{r} : Estimativa da correlação fenotípica entre as variáveis X e Y;

X: Valor fenotípico da variável X;

Y: Valor fenotípico da variável Y;

$\hat{V}(X)$: Estimativa da variância fenotípica para a variável X;

$\hat{V}(Y)$: Estimativa da variância fenotípica para a variável Y.

Posteriormente, realizou-se o teste de multicolinearidade por meio do método de Fatores de Inflação da Variância (VIF), para verificar se atendia a condição proposta por Montgomery e Peck (1992), sendo que, variáveis com valores de VIF superiores a 5 foram removidas para prosseguir com a análise de trilha.

A matriz de correlação fenotípica foi utilizada para realização da análise de trilha. Os estimadores do coeficiente de trilha foram obtidos pelo processo de quadrados mínimos, através da equação (7) (CRUZ et al., 2004).

$$X'X\hat{\beta} = X'Y \quad [7]$$

Sendo:

$$X'X: \text{Matriz de correlação (n-1)} \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & r_{13} & r_{1j} \\ r_{21} & 1 & r_{23} & r_{2j} \\ r_{31} & r_{32} & 1 & r_{3j} \\ r_{i1} & r_{i2} & r_{i3} & 1 \end{bmatrix};$$

$$\hat{\beta}: \text{Coeficiente de trilha} \begin{bmatrix} \hat{\beta}_{01} \\ \hat{\beta}_{02} \\ \hat{\beta}_{03} \\ \hat{\beta}_{0i} \end{bmatrix};$$

$X'Y$: Correlação entre a variável principal com a explicativa (n-1) $\begin{bmatrix} r01 \\ r02 \\ r03 \\ r0i \end{bmatrix}$.

Para a determinação das características a serem utilizadas na prática de seleção, utilizou-se as características em estudo como variáveis preditoras para PFP no modelo de regressão, testando-se todos os modelos lineares possíveis, desde os modelos de regressão simples até os de regressão múltipla.

Os componentes de variâncias para as variáveis MFF, MFS e QP foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Dada a ausência de delineamento experimental no plantio, os dados foram analisados utilizando o modelo básico de repetibilidade [8] que permite a análise de experimentos com ausência de estrutura experimental possibilitando a obtenção das médias corrigidas para o efeito fenotípico permanente, que corresponde a soma do efeito genético e do efeito do ambiente permanente.

O modelo utilizado pode ser escrito na forma matricial como (RESENDE, 2007) (8):

$$y = Xm + Wp + \varepsilon \quad [8]$$

em que:

y: vetor de dados;

X: Matriz de incidência de efeitos fixos;

m: Vetor de efeitos fixo (efeitos de medição);

W: Matriz de incidência de incidência dos efeitos permanentes;

p: Vetor de efeitos permanentes (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente);

ε : vetor de resíduos.

Associado a esse modelo, têm-se as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$y|m, V \sim N(Xm, V)$$

$$p|\hat{\sigma}_p^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_p^2)$$

$$\varepsilon|\hat{\sigma}_e^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_e^2)$$

$$V = W I \hat{\sigma}_p^2 W' + R_e$$

$$R_e = I \hat{\sigma}_e^2$$

sendo:

V= Matriz de variância e covariância y;

$\hat{\sigma}_p^2$ = Variância fenotípica permanente;

$\hat{\sigma}_e^2$ = Variância residual ou ambiente temporário;

I= Matriz identidade;

R_e = Matriz de variância e covariância residual.

A equação do modelo apresentado em [8] equivale a [9]:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I \left(\frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_p^2} \right) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad [9]$$

As equações de modelo dependem da estimativa dos componentes de variância que equivalem a [10], [11] e [12]:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'y - \hat{m}'Xy - \hat{p}'Z'y}{N - p(X)} \quad [10]$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{\hat{p}'\hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})}{S} \quad [11]$$

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I \left(\frac{\hat{\sigma}_e^2}{\hat{\sigma}_p^2} \right) \end{bmatrix}^G = C = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} \quad [12]$$

sendo:

N= Número de observações;

p(X)= Posto da matriz X;

tr= Operador de traço matricial;

S= Número de colunas da matriz Z;

C= Inversa generalizada da matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos.

C^{22} = submatriz da inversa generalizada da matriz de coeficientes das equações de modelos mistos.

As demais estimativas são realizadas seguindo os procedimentos [13], [14], [15] e [16]:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 \quad [13]$$

$$\rho = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_f^2} \quad [14]$$

$$\rho_{(m)} = \left(\frac{1}{1 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{N\hat{\sigma}_p^2}} \right) \quad [15]$$

$$\hat{r}_{\tilde{f}pfp} = \left(\frac{1}{1 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{N\hat{\sigma}_p^2}} \right)^{1/2} \quad [16]$$

sendo:

$\hat{\sigma}_f^2$ = Estimativa da variância fenotípica;

ρ = Repetibilidade;

$\rho_{(m)}$ = Repetibilidade média;

$\hat{r}_{\tilde{f}pfp}$ = Acurácia.

As análises estatísticas foram realizadas no *Software* de ambiente livre R (TEAM, 2018).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos componentes de variância e os parâmetros genéticos das variáveis MFF, MFS e QP, bem como o teste de razão de verossimilhança (LRT) estão apresentados na Tabela 1.

O LRT é um teste utilizado para testar os efeitos dos modelos mistos, assim como o teste F na análise de variância. Este teste é baseado na diferença entre os pontos máximos do logaritmo da função de verossimilhança restrita entre o modelo reduzido e o modelo completo, testando-se a diferença pelo teste qui-quadrado (χ^2) (RESENDE, 2014).

Pela significância do LRT (Tabela 1), os genótipos avaliados possuem diferenças significativas para as variáveis de MFF, MFS e QP, indicado a existência de variabilidade entre os genótipos em estudo para os descritores avaliados, sendo o primeiro indício da variabilidade genética entre os genótipos, indicando a possibilidade da obtenção de ganhos a partir da aplicação da prática de seleção sobre estas características.

Tabela 1 – Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para massa fresca de fruto (MFF), massa fresca da semente (MFS) e quantidade de polpa (QP) em 487 indivíduos amostrados em populações de plantio comercial em Rio Novo do Sul - ES.

Parâmetros		MFF	MFS	QP
Variância fenotípica permanente	$\hat{\sigma}_p^2$	0,103	0,053	35,142
Variância do ambiente temporário	$\hat{\sigma}_e^2$	0,004	0,003	10,593
Variância Fenotípica	$\hat{\sigma}_f^2$	0,107	0,056	45,735
Repetibilidade individual	ρ	0,967±0,063	0,946±0,063	0,768±0,056
Coefficiente de determinação de ambiente temporário	\hat{c}_{at}^2	0,037	0,005	0,232
Repetibilidade média	$\rho_{(m)}$	0,992	0,986	0,930
Acurácia seletiva	\hat{r}_{fpfp}	0,996	0,993	0,964
Coefficiente de variação fenotípico permanente	CV _{ip} (%)	19,561	20,221	19,450
Coefficiente de variação do ambiente temporário	CV _{at} (%)	3,854	4,811	10,679
Coefficiente de variação relativo	CV _r	5,076	4,203	1,821
Razão de máxima verossimilhança	LRT	4273,41***	3509,78***	1473,51***

Teste de razão de máxima verossimilhança (LRT). ***: significativo em nível de 0,1% de probabilidade pelo teste χ^2 com um grau de liberdade.

Todas características na Tabela 1, apresentam altos valores de repetibilidade e repetibilidade média, seguindo a classificação proposta por Resende (2002), o qual propõe que estimativas de alta repetibilidade apresentam valores iguais ou superiores a 0,60; entre 0,30 e 0,60 possuem repetibilidade média; e valores de estimativa inferiores ou iguais a 0,30 apresentam magnitude baixa.

Sendo a correlação entre as medidas repetidas no tempo ou espaço (CRUZ et al., 2004). A repetibilidade é uma técnica que permite a determinação da precisão experimental, pois, ao agregar a variância do ambiente temporário para realização de suas estimativas, é possível entender a influência do ambiente causal nas respostas dos indivíduos.

Assim, os elevados valores de repetibilidade apresentados na Tabela 1, para as características de MFF, MFS e QP indicam regularidade na repetição do desempenho dos genótipos (CRUZ et al., 2004), consequência da maior influência dos efeitos fenotípicos permanente sobre os do ambiente temporário.

Quando a variância proporcionada pelos efeitos permanentes do ambiente é nula ou minimizada a ponto de se aproximar de zero, a repetibilidade pode expressar o maior valor que a herdabilidade no sentido amplo pode atingir (JUNIOR et al., 2018)

Os valores de ρ para MFF (0,967) e MFS (0,946) mostraram-se superiores ao observado por Marçal et al. (2016) (0,82 e 0,80, respectivamente). Tais diferenças são esperadas, visto que os parâmetros genéticos são influenciados por uma série de fatores, podendo ser citados a estrutura genética da população, o ano da avaliação e condições ambientais.

Neste sentido, ao utilizar 20 fragmentos florestais diferentes, Marçal et al. (2016) promoveram um aumento no efeito do ambiente temporário e consequentemente a redução do efeito fenotípico permanente, acarretando em estimativas de repetibilidade inferiores quando comparadas as apresentadas na Tabela 1. Além disto, soma-se ao fato a diferença do número amostral de indivíduos entre os trabalhos.

Os elevados valores de repetibilidade apresentados pela MFF, MFS e QP (Tabela 1), revelam um comportamento fenotípico estável em função do ambiente, indicando maior acurácia na previsão do valor real das características (MATIAS et al., 2014) a partir de um determinado número de medições. Neste sentido, corroborado pelos elevados valores de acurácia seletiva (\hat{r}_{fpfp}) (Tabela 1), a seleção dos melhores materiais para as características apresentadas, pode de fato resultar nos genótipos mais promissores para as mesmas.

A partir dos resultados apresentados por Marçal et al. (2016) e os apresentados na Tabela 1 para MFF e MFS, podemos concluir que o efeito fenotípico permanente sobre os descritores citados, mantém sua superioridade quando confrontado com os efeitos do ambiente temporário, visto que em ambos os trabalhos a estimativa de repetibilidade é classificada como alta.

Os valores de correlação significativos apresentados na Figura 1, variaram de 0,09* entre CAP e MFS a 0,91*** entre MFF e MFS; MFC e NFC (Figura 1).

As associações observadas entre MFC e NFC (0,91***), MFC e NR (0,42***), MFC e MFF (0,21***) e MFC e PFP (0,69***) (Tabela 1), são muito similares as observadas por Oliveira e Fernandes (2001) para as mesmas relações em *Euterpe oleracea* (0,92**; 0,46**; 0,24**; 0,68**, respectivamente). Demonstrando similaridade no efeito correlacionado entre as características para ambas espécies pertencente ao mesmo gênero *Euterpe*.

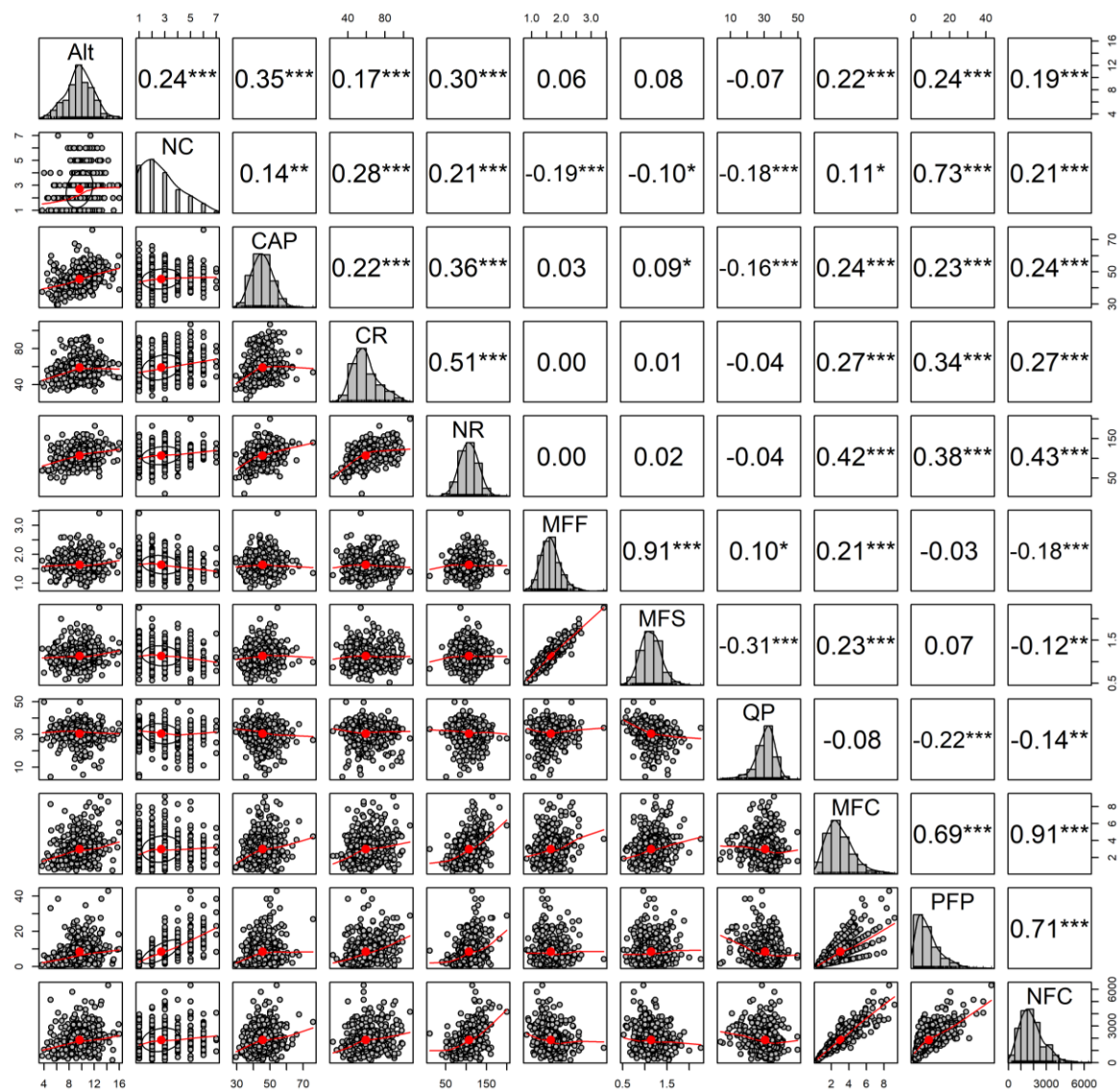


Figura Erro! Nenhum texto com o estilo especificado foi encontrado no documento.-1 – Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre as variáveis altura (Alt), número de cachos (NC), circunferência a altura do peito (CAP), comprimento de raque (CR), número de raquias (NR), massa fresca de fruto (MFF), massa fresca da semente (MFS), quantidade de polpa (QP), massa de frutos por cacho (MFC), produção de frutos por cacho (PFP) e número de frutos por cacho (NFC). Na diagonal superior está representada as estimativa de correlação de Pearson entre as variáveis com significância a 5% (*); 1% (**), e a 0,1% (***). Na diagonal é representado a distribuição de frequência dos dados. Na diagonal inferior, são apresentadas as distribuições dos dados entre as variáveis com a linha de tendência da distribuição dos dados.

Para a seleção, a estimativa da correlação é de grande importância. Em casos que os caracteres estão associados genotípicamente e não fenotípicamente, os mesmos acabam não tendo aplicabilidade prática para tal atividade, visto que a seleção é baseada no fenótipo (RANI et al., 2017), que mesmo não sendo de natureza herdável, a correlação fenotípica acaba sendo importante para a determinação de descritores a serem utilizados na seleção com base em múltiplas características, pois proporciona o entendimento das relações entre variáveis a campo.

Com enfoque principal no aumento da produção de frutos, o descritor de maior destaque para o presente programa de melhoramento de *Euterpe edulis* é a produção de frutos por planta (PFP). Entretanto, para aumentar o potencial de sucesso do programa podemos utilizar da técnica de seleção simultânea, utilizando vários descritores associados ao descritor de maior interesse, possibilitando aumentar o ganho de forma indireta e fazer com que os materiais selecionados atendam as mais diversas demandas do mercado consumidor.

As variáveis que apresentaram associação linear com a PFP foram: NC (0,73***), NFC (0,71***), MFC (0,69 ***), NR (0,38***), CR (0,34 ***), Alt (0,24 ***), CAP (0,23 ***) e QP (-0,22***) (Figura 1). Os resultados observados para NC, NFC e MFC, indicam a possibilidade de uso destes descritores na prática de seleção indireta podendo promover maiores ganhos com a seleção simultânea, visto a associação positiva que ocorreu.

A única associação de sentido negativo significativo com a PFP foi com a QP. Esta relação revela a problemática de uso da variável no processo seletivo para o aumento de produtividade, pois, ao selecionar materiais com maior quantidade QP ocorrerá redução da PFP, reduzindo deste modo a produtividade das plantas.

Para contornar esta problemática, uma alternativa seria basear o processo seletivo apenas em PFP e QP, buscando os indivíduos que apresentem resposta superior para ambas características na diagonal inferior da Figura 1, onde são apresentados as distribuições dos dados entre as variáveis.

Contudo, a determinação de variáveis apenas pelos coeficiente de correlação pode gerar resultados indesejáveis na população selecionada, podendo fornecer uma associação equivocada entre as variáveis avaliadas (KHAN et al., 2016) tanto em sentido quanto em magnitude. Desse modo, a avaliação do grau de influência entre as variáveis explicativas e a principal (PFP) foi obtida pelo desdobramento das estimativas das correlações em seus respectivos efeitos diretos e indiretos.

As variáveis explicativas utilizadas na análise de trilha foram as que atendiam ao critério de multicolinearidade proposto por Montgomery e Peck (1992), sendo removidas aquelas que apresentavam valor de VIF superior a cinco. Neste sentido, MFS (121,06) e MFC (70,49) foram descartadas para se prosseguir com a análise de trilha (Tabela 2).

O coeficiente de determinação (R^2) da análise de trilha (0,908) e o efeito da variável residual (EVR) (0,303) indicam um bom ajuste de modelo para explicação da variável principal (Tabela 2). O elevado valor do R^2 aponta o forte efeito das oito variáveis

explicativas sobre a variável principal (PFP), podendo a variação da PFP ser bem explicada pelas variáveis utilizadas na análise de trilha.

Tabela 2 - Estimativas da análise de trilha para os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas: altura (Alt), circunferência a altura do peito (CAP), número de cachos (NC), comprimento de raque (CR), número de ráquias (NR), massa fresca de fruto (MFF), quantidade de polpa (QP) e número de frutos por cacho (NFC) sobre a variável principal: produção de frutos por planta (PFP).

Var.	Efeitos	Coefficiente de trilha	Var.	Efeitos	Coefficiente de trilha
Alt	Direto sobre PFP	-0,047	CAP	Direto sobre PFP	-0,001
	Indireto sobre CR	0,001		Indireto sobre Alt	-0,017
	Indireto sobre NC	0,155		Indireto sobre CR	0,002
	Indireto sobre CAP	-0,001		Indireto sobre NC	0,089
	Indireto sobre NR	-0,005		Indireto sobre NR	-0,006
	Indireto sobre MFF	0,014		Indireto sobre MFF	0,007
	Indireto sobre QP	0,003		Indireto sobre QP	0,007
	Indireto sobre NFC	0,122		Indireto sobre NFC	0,148
Total		0,242	Total		0,228
NC	Direto sobre PFP	0,648	CR	Direto sobre PFP	0,007
	Indireto sobre Alt	-0,011		Indireto sobre Alt	-0,008
	Indireto sobre CR	0,002		Indireto sobre NC	0,179
	Indireto sobre CAP	-0,000		Indireto sobre CAP	-0,000
	Indireto sobre NR	-0,003		Indireto sobre NR	-0,008
	Indireto sobre MFF	-0,042		Indireto sobre MFF	-0,001
	Indireto sobre QP	0,008		Indireto sobre QP	0,002
	Indireto sobre NFC	0,129		Indireto sobre NFC	0,169
Total		0,730	Total		0,338
NR	Direto sobre PFP	-0,016	MFF	Direto sobre PFP	0,217
	Indireto sobre Alt	-0,014		Indireto sobre Alt	-0,003
	Indireto sobre CR	0,004		Indireto sobre CR	-0,000
	Indireto sobre NC	0,133		Indireto sobre NC	-0,124
	Indireto sobre CAP	-0,001		Indireto sobre CAP	-0,000
	Indireto sobre MFF	0,001		Indireto sobre NR	-0,000
	Indireto sobre QP	0,002		Indireto sobre QP	-0,004
	Indireto sobre NFC	0,266		Indireto sobre NFC	-0,111
Total		0,376	Total		-0,025
QP	Direto sobre PFP	-0,042	NFC	Direto sobre PFP	0,626
	Indireto sobre Alt	0,003		Indireto sobre Alt	-0,009
	Indireto sobre CR	-0,000		Indireto sobre CR	0,002
	Indireto sobre NC	-0,117		Indireto sobre NC	0,134
	Indireto sobre CAP	0,000		Indireto sobre CAP	-0,000
	Indireto sobre NR	0,001		Indireto sobre NR	-0,007
	Indireto sobre MFF	0,022		Indireto sobre MFF	-0,039
	Indireto sobre NFC	-0,087		Indireto sobre QP	0,006
Total		-0,220	Total		0,713
R^2				0,908	
EVR				0,303	

R^2 : Coeficiente de determinação do modelo causal; EVR: Efeito da variável residual

Mesmo apresentando alto R^2 (0,908) (Tabela 2), a variação na PFP não pôde ser totalmente explicada pelo modelo causal utilizando as oito variáveis explicativas. Neste sentido, existe uma ou mais características não considerada na análise que apresentam influência sobre a variável principal.

Como papel importante para aceleração e facilitação no processo de seleção, a identificação de associações entre variáveis de produção e variáveis de fácil mensuração são objetivos de programas de melhoramento (OLIVEIRA et al., 2010). Contudo, a análise de trilha evidenciou que a Alt e CAP, descritores de fácil mensuração, não apresentam relação de causa e efeito, sendo não determinantes nas alterações da variável principal, devido ao baixo efeito direto e a inversão no sentido das estimativas de correlação e do coeficiente de trilha com a variável principal (Tabela 2).

Das oito variáveis explicativas, sete apresentaram valores de efeito direto inferior ao coeficiente de correlação (Tabela 2). As variáveis Alt, QP, NR, CAP e CR, apresentaram baixo efeito direto (-0,047, -0,042, -0,016, -0,001 e 0,007, respectivamente) resultando em reduzida influência sobre a variável principal, de modo a excluí-las do processo de seleção indireta.

A análise de trilha revelou que a estimativa de correlação entre MFF e PFP (-0,03) (Figura 1) apresentava influência de outras variáveis, mascarando seu efeito real sobre a variável principal (PFP). A redução da estimativa de correlação entre MFF e PFP ocorreu quase totalmente pelos efeitos indiretos de sentido negativo proporcionado pelo NC (-0,124) e NFC (-0,111).

O efeito direto da MFF sobre a PFP (0,217) foi o único dentre todos apresentados na Tabela 2 que apresentou aumento em sua magnitude se comparado a estimativa de correlação (-0,025) (Tabela 2).

Por apresentar valor inferior ao efeito de variável residual (EVR), o coeficiente de trilha da MFF sobre a PFP é considerado de baixo efeito direto (Tabela 2). Entretanto, a variável ainda não deve ser descartada no processo seletivo, pois seu uso ainda pode proporcionar ganhos a variável principal (PFP) quando utilizada de modo simultâneo com demais variáveis.

Baseado apenas no aumento da produção de frutos, o programa de melhoramento de *Euterpe edulis* pode acabar se tornando ineficaz economicamente. Tendo que a seleção com base em apenas uma característica pode resultar em materiais economicamente indesejáveis (FARIAS NETO, et al., 2011).

Neste sentido, para melhorar a qualidade da polpa no programa de melhoramento, a Tabela 2 evidencia que a QP pode ser novamente inserida no processo de seleção, sem que sua inclusão cause alterações desfavoráveis na população selecionada, pois seu efeito direto sobre a PFP (-0,042) é reduzido. Mesmo em sentido desfavorável a variável básica, a relação entre elas pode ser considerada com ausência de causa e efeito, de modo que a

correlação observada na Figura 1 (-0,22) foi resultado da contribuição indireta de outras variáveis.

Para que a seleção indireta tenha maior eficiência, é necessário a escolha de variáveis de alta correlação em sentido favorável com a variável de interesse (CRUZ et al., 2004). Assim, as características que mais atenderam a este requisito foram NC e NFC, com efeito direto sobre a PFP de 0,648 e 0,626, respectivamente.

O NC e NFC, ainda se destacam por serem as únicas variáveis que apresentaram efeitos diretos com magnitudes elevadas, superando em duas vezes a estimativa do efeito residual (0,303), evidenciando-as como as principais determinantes nas variações da PFP, o que pode resultar em seleção indireta mais eficaz. Assim, plantas com maior número de cachos e número de frutos por cacho, resultará em plantas mais produtivas.

De modo geral, através dos resultados expressos pela análise de trilha pôde-se determinar o NC, NFC e MFF como possíveis variáveis seletivas que trarão aumento indireto de ganhos a PFP, assim como a QP que trará aumento de qualidade ao produto processado.

Para definir as variáveis que melhor explicam a variação fenotípica da PFP, foram gerados todos os modelos de regressão linear possíveis com as variáveis em avaliações. Sendo apresentados na Figura 2, os modelos que se destacaram entre os demais, juntamente com seus coeficiente de determinação ajustado (R^2 ajustado) e o valor de BIC.

A escolha dos modelos foi realizada mediante a alguns critérios, sendo eles o valor de R^2 ajustado, valor de BIC e a parcimonialidade do modelo. A partir do modelo selecionado, as variáveis seletivas foram definidas, decompondo os mesmos nas variáveis que o compõem, visto que estas tem maior capacidade preditiva sobre a variação fenotípica na PFP.

Frequentemente, o BIC é utilizado para determinação de modelos mais parcimoniosos (WANG e LIU, 2006). Isto ocorre, pois este método tem maior rigor quanto a adição de novos parâmetros ao modelo, evitando a super parametrização do mesmo. Neste sentido, os modelos mais parcimoniosos podem indicar as variáveis mais explicativas sobre a variável predita.

O modelo mais parcimonioso observado dentre todos os modelos gerados é apresentado na Figura 2a. O elevado R^2 ajustado (0,89) e o reduzido valor de BIC (-870) (Figura 2) expõem a boa capacidade de ajuste do modelo, que se destaca por apresentar apenas duas variáveis para predição da PFP, sendo elas o NC e MFC. Neste sentido, por

ter forte capacidade explicativa e correlação mediana ($0,69^{***}$) (Figura 1) em sentido favorável com PFP, a MFC pode ser inserida como variável seletiva para trazer ganhos indiretos a produção de frutos por plantas.

Mesmo com alto R^2 ajustado e poucos parâmetros associados ao modelos, o valor de BIC mais elevado acaba excluindo o modelo assinalado na Figura 2b, quando comparado ao modelo da figura 2a, indicando menor ajuste do modelo (MELO et al., 2017). Assim, conclui-se que a MFC tem capacidade superior a do NFC para explicar a variação na PFP.

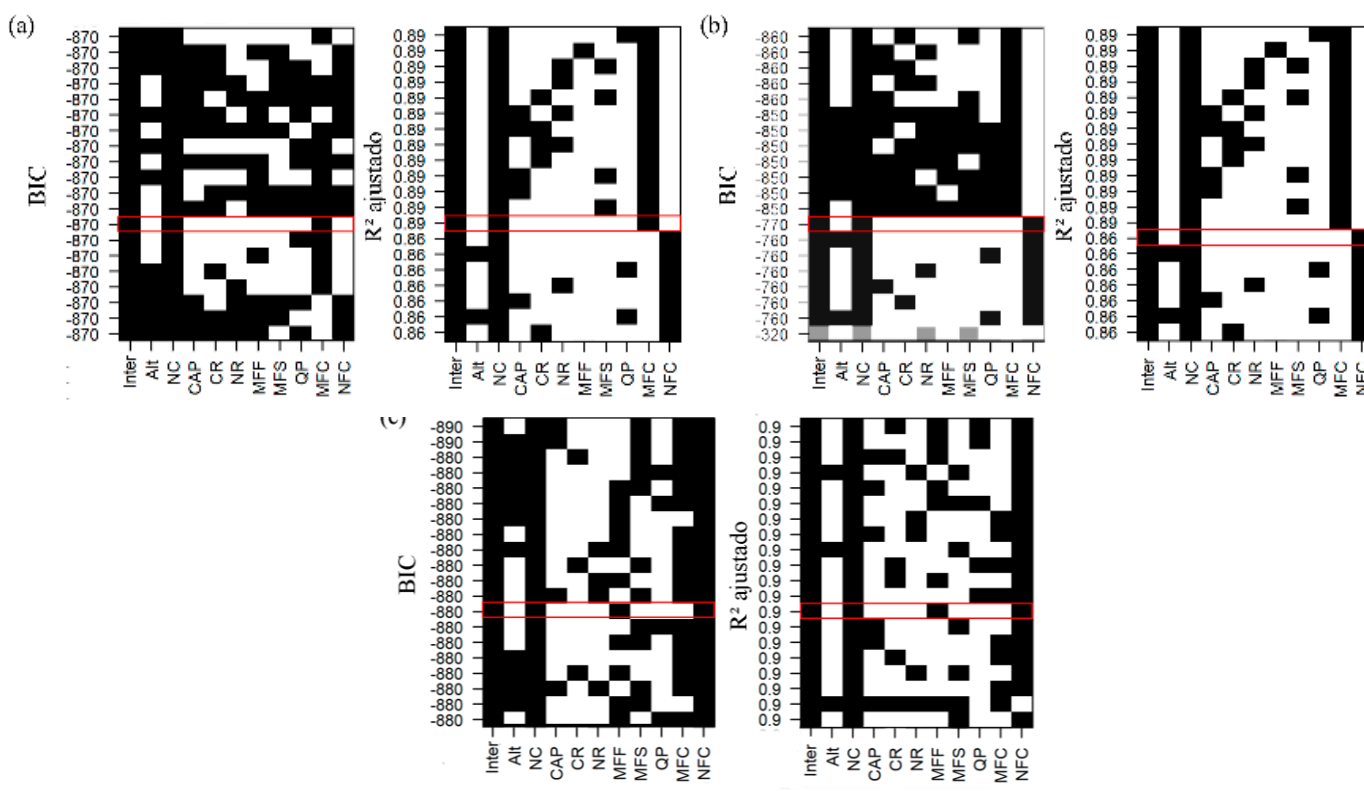


Figura 2 – Representação gráfica da decomposição de modelos em suas variáveis constituintes. Os quadros em vermelho apresentam os modelos que melhor atenderam aos critérios estabelecidos. Inter: intercepto, BIC: *Bayesian information criterion* – critério de informação Bayesiana. A cor preta no indica a presença da composição da variável no modelo gerado, sendo a cor branca utilizada para indicar a ausência da mesma.

4. CONCLUSÃO

O número de cacho ($0,73^{***}$), número de frutos por cacho ($0,71^{***}$), massa de frutos por cacho ($0,69^{***}$), número de raquillas ($0,38^{***}$), comprimento de raque ($0,34^{***}$), altura da planta ($0,24^{***}$), circunferência a altura do peito ($0,23^{***}$) e quantidade de polpa ($-0,22^{***}$) foram as variáveis que apresentaram associação significativa com PFP;

O elevado valor do R^2 da análise de trilha (0,908), revela que as características em estudo são capazes de explicar que completamente a variação na PFP;

As variáveis de maior efeito direto sobre a PFP são: NC (0,648) e NFC (0,626);

As variáveis determinadas para utilização no processo seletivo são: PFP, NC, NFC, MFC, MFF e QP.

5. AGRADECIMENTOS

Ao Sr. Pedro Bortolotti Menegardo, Sr Vicente de Paulo Menegardo Bortoloti e suas famílias por toda colaboração, a VALE, ao CNPq, a FAPES e a CAPES pelo apoio financeiro que possibilitou a condução das avaliações.

6. REFERÊNCIAS

- CHATCHAIPHAN, S.; THAITHUNGCHIN, C.; KOONAWOOTRITTRIRON, S.; NANAKORN, U. Responses to mass selection in a domesticated population of snakeskin gourami, *trichopodus pectoralis*, Regan 1910, and confounding effects from stocking densities. **Aquaculture**, n. 498, p 181-186, 2019.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa:UFV, 2004. 480p.
- FALCONER, D.S. AND MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. Edition, Addison Wesley Longman, Harlow. 1996. 364 p.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P. Seleção simultânea em progênes de açazeiro irrigado para produção e peso do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, São Paulo, v. 33, n. 2, p. 532-539, 2011.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P.; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênes de polinização aberta de açazeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal-SP, v. 30, n. 4, p. 1051-1056, 2008.
- INÁCIO, M. R. C.; LIMA, K. M. G.; LOPES, V. G.; PESSOA, J. D. C.; TEIXEIRA, G. H. de A. Total anthocyanin content determination in intact açai (Euterpe oleracea Mart.) and palmitero-juçara (Euterpe edulis Mart.) fruit using near infrared spectroscopy (NIR) and multivariate calibration. **Food Chemistry**, v. 136, p. 1160-1164, 2013.
- JUNIOR, P. C. F.; IKEDA, A. C.; SCHUHLLI, G. S.; SILVA, L. D.; HIGA, A. R.; Repeatability and genetic dissimilarity using biometric traits of black wattle seeds. **Advances in Forestry Science**, Cuiabá, v. 5, n2, p. 333-337, 2018.

- KHAN, A. S. M. M. R.; EYASMIN, R.; RASHID, M. H.; ISHTIAQUE, S.; CHAKI, A. K. Variability, heritability, characterassociation, path analysisandmorphologicaldiversity in snakegourd. **Agricultureand Natural Resources**, v. 50, p. 483-489, 2016.
- MARÇAL, T. S.; FERREIRA, A.; OLIVEIRA, W. B. S.; GUILHEN, J. H. S.; FERREIRA, M. F. S. Correlação genética e análise de trilha para caracteres de frutos da palmeira juçara. **Revista brasileira de fruticultura**, Jaboticabal-SP, v. 37, n. 3, p. 692-698, 2015.
- MARÇAL, T. S.; GUILHEN, J. H. S.; OLIVEIRA, W. B. S.; FERREIRA, M. F. S.; RESENDE, M. D. V.; FERREIRA, A. Repeatabilityofbiometriccharacteristicsof juçara palmfruit. **BioscienceJournal**. Uberlândia, v. 32, n. 4, p. 890-898, 2016.
- MATIAS, R. G. P.; BRUCKNER, C. H.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, D. F. P.; SILVA, J. O. C. Repeatability, correlationand path analysisofphysicalandchemicalcharacteristicsofpeachfrutis. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal-SP, v. 36, n. 4, p. 971 – 979, 2014.
- MELO, E. A.; CALEGARIO, N.; MENDONÇA, A. R.; POSSATO, E. L.; ALVES, J. A.; ISAAC JÚNIOR, M. A.; Modelagem não linear da relação hipsométrica e do crescimento das árvores dominantes e codominantes de *Eucalyptus* sp. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 27, n. 4, p. 1325-1338, 2017.
- MONTGOMERY, D. C. AND E. A. PECK (1992), **Introductionto Linear RegressionAnalysis**, 2nd edition, John Wiley& Sons, New York. (ProbabilityandStatistics Series; 1st edition, 1983). 504p.
- MU, Y.; LIU, X., WANG, L. A Pearson'scorrelationcoefficientbaseddecisiontreeand its parallelimplementation. **InformationSciences**, v. 435, p. 40-58, 2018.
- OLIVEIRA, E. J.; LIMA, D. S.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; DANTAS, J. L. L. Correlações genéticas e análise de trilha para o número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 45, n. 8, p. 855-862, 2010.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FARIAS NETO, J. T. Seleção massal em açaizeiros para a produção de frutos. **Revista ciência agrária**, Belém, n. 49, p. 145-156, 2008.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FERNANDES, G. L. C. Repetibilidade de caracteres do cacho de açaizeiro nas condições de Belém-PA. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal -SP, v. 23, n. 3, p. 613-616, 2001.
- OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; SOUZA, T. R.; LUCIUS, A. S. F.; Procedimentos Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 796-800, 2011.
- R Core Team (2018). R: A languageandenvironment for statisticalcomputing. R Foundation for StatisticalComputing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- RANI, G. U.; RAO, V. S.; AHMAD, M. L.; RAO, N. Characterassociationand path coefficientanalysisofgrainyieldanddryweightcomponents in maize (*Zeamays* L.). **InternationalJournalofCurrentMicrobiologyandAppliedSciences**, n. 6, v. 12, p. 4044-4050. 2017.

- RESENDE, M. D. V. **Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência Bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**, Viçosa, MG: Suprema, 2014. 881 p.
- RIOS, S. A.; CUNHA, R. N. V.; LOPES, R.; BARCELOS, E.; ROCHA, R. N. C.; LIMA, W. A. A. Correlation and Path analysis for yield components in dura oil palm germplasm. **Industrial Crops e Products**, v. 112, p. 724-733, 2018.
- TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONCALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes de produção de frutos de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.34, n. 4, p. 1135-1142, 2012.
- WANG, Y.; LIU, QUN. Comparison of Akaike information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC) in selection of stock-recruitment relationships. **Fisheries Research**, v. 77, p. 220-225, 2006.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 20, p.557-585, 1921.

CAPÍTULO II

SELEÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Euterpe edulis* PARA CARACTERES RELACIONADOS A PRODUÇÃO DE FRUTOS.

Resumo

O *Euterpe edulis* é uma planta nativa que vem nos últimos anos demonstrando elevado potencial de utilização na área da fruticultura. Por ser uma espécie não domesticada, sua utilização em plantios comerciais ainda é bem restrita, dado a resistência dos produtores a sua utilização em plantios manejados. Tal comportamento é explicado devido a falta de informações produtivas da espécie e a ausência de materiais genéticos comerciais. Deste modo, 487 indivíduos de um plantio comercial foram avaliados com base em 11 variáveis morfoagronômica com objetivo de selecionar materiais produtivamente superiores, caracterizar a diversidade genética da população geral e da população selecionada, além de auxiliar na conservação da espécie promovendo o manejo de frutos para evitar o corte das plantas. Pelo método de Mulamba e Mock para seis variáveis produtivas, foram selecionados 50 materiais de maior *rank*. Elevada diferença da população selecionada para a população geral foi obtida, chegando a 151,72% para produção de frutos por planta, indicando alta diversidade na área de estudo, confirmado pela análise de diversidade realizada pela distância euclidiana média padronizada e agrupando os materiais pelo método de agrupamento UPGMA. A caracterização produtiva da espécie revelou ótimos resultados de retorno econômico, tanto para o setor agrícola quanto para o setor industrial de polpa, sendo um incentivo a produtores a se tornarem adeptos a utilização do *Euterpe edulis* como uma nova cultura.

Palavras-chave: Pré-Melhoramento, Melhoramento genético, juçara, Mulamba e Mock, seleção, distância euclidiana, agrupamento, UPGMA.

1. INTRODUÇÃO

O *Euterpe edulis* uma palmeira frutífera, popularmente conhecido como juçara (LORENZI e MELLO FILHO, 2001), é uma espécie classificada como vulnerável no livro vermelho da flora do Brasil (LEITMAN et al., 2013) que tem demonstrado elevado potencial para fruticultura. Entretanto, o manejo de fruto ainda é restrito a fragmentos naturais de ocorrência da espécie, sendo raros plantios comerciais como o presente na propriedade conjunta das empresas Bonaloti® e Açai juçara® em Rio Novo do Sul - ES.

Com objetivo principal de aumentar a produção de frutos com manutenção da qualidade do produto processado, a polpa, o programa de melhoramento da espécie em fase inicial realizado na Universidade Federal do Espírito Santo, é fundamentado na combinação de informações de múltiplas características relacionadas a produção de frutos pois, a seleção aplicada sobre uma ou poucas variáveis nem sempre retorna bons resultados aos melhoristas. Neste caso, a seleção simultânea sobre várias características pode apresentar maiores chances de sucesso para atender as exigências do mercado (RODRIGUES et al., 2011).

Neste sentido, tem-se os índices de seleção que são baseados na utilização de diversas características, como o índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978) que faz a ordenação dos genótipos para cada característica de interesse e, posteriormente, realiza a soma dos postos dos *ranks* classificando os melhores materiais. Este método apresenta como vantagem, a ausência da necessidade de estimação de parâmetros genéticos e da determinação de pesos para as variáveis (FRANÇA, et al., 2016), o que possibilita sua aplicação sobre dados fenotípicos.

Baseado nos valores genotípicos, a seleção de genótipos superiores torna-se mais eficiente, dados que os efeitos ambientais são extraídos da resposta fenotípica dos indivíduos. Neste sentido, a metodologia de modelos mistos tem demonstrado eficiência para auxiliar no processo de seleção (RIBEIRO et al., 2019), dada sua eficiência no processo de estimação dos componentes de variância genético e predição dos valores genotípicos.

Uma das alternativas possíveis dentro desta metodologia para predição dos valores genotípicos é a melhor predição linear não viesada (Best Linear Unbiased Prediction-BLUP) proposto por Henderson (1975). Este método juntamente com o procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita), vem sendo amplamente utilizados no melhoramento florestal, devido a possibilidade de utilização de dados balanceados e desbalanceados (DOURADO et al., 2018) para predição dos componentes de variância e dos valores genéticos.

Entretanto, para que a seleção seja eficiente a população base deve apresentar diversidade genética entre os indivíduos que a compõem. Neste sentido, a análise de diversidade é uma etapa importante a ser avaliada nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético (RODRIGUES et al., 2010).

Todavia, a inferência sobre a diversidade genética da população pode ser realizada, de modo preditivo ou quantitativo (ELIAS et al., 2007). O método preditivo é baseado em medidas de dissimilaridade sobre dados morfológicos, agrônômicos, moleculares, entre outros, já o método quantitativo necessita de informações de cruzamentos. Assim, os métodos preditivos têm sido utilizados com maior frequência por dispensar a realização de combinações híbridas (ZERBIELLI et al 2016) em espécies perenes.

A compreensão direta sobre os resultados nas matrizes de dissimilaridade entre genótipos, obtidos pelas análises multivariadas, pode se tornar muito complexa ao avaliar grandes quantidades de material genótipos diferentes. Assim, os métodos de agrupamento

são frequentemente utilizados para auxiliar a interpretação da divergência genética entre os indivíduos (SOUSA et al., 2017 a), destacando-se como os mais utilizados os métodos hierárquicos e o de otimização de Tocher (ELIAS et al., 2007).

A análise dos agrupamentos com os dados de dissimilaridade é um importante procedimento dentro de programas de melhoramento pois, contribui para a determinação de cruzamentos entre genitores (GALATE et al., 2014; VIEIRA et al., 2013).

Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo averiguar a existência de diversidade entre os genótipos na população de estudo, selecionar genótipos buscando o aumento da produção de frutos, estimar a diversidade da população selecionada para as variáveis seletivas e guiar futuros cruzamentos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 População estudada e seleção das matrizes

Foram analisadas 487 plantas de *Euterpe edulis* no ano de 2018, localizadas em plantio comercial das indústrias de extração e processamento de polpas Bonaloti® e Açai juçara®, localizada na região Sul do estado do Espírito Santo, no município de Rio Novo do Sul, cuja área de plantio atualmente é de aproximadamente 24 ha.

Os genótipos que compõem o plantio são de origem seminal, composto tanto por indivíduos plantados de forma planejada e materiais incorporado naturalmente por dispersores da espécie.

2.2 Características avaliadas

No total foram avaliadas 11 variáveis em cada planta matriz, conduzidas em ausência de delineamento experimental. Em campo foi mensurado a altura em metros (Alt) das plantas com auxílio do laser *rangefinder* uineye®, circunferência a altura do peito em cm (CAP) a 1,30m com fita métrica, número de cachos por planta (NC).

Após a maturação dos frutos, para cada planta foi realizada a colheita de um cacho para mensuração do comprimento de raque em cm (CR) com fita métrica, número de ráquias (NR), massa de frutos por cacho em kg (MFC) com o uso de balança de campo cranescale® (0,1 g).

Em laboratório, a massa fresca de frutos e sementes (MFF e MFS, respectivamente), em gramas, foram obtidas com uso de balança analítica de precisão (0,0001 g) shimadzu®. De cada genótipo foram avaliadas 4 repetições de 25 frutos. Após a mensuração da MFF realizava-se a despolpa manual com auxílio de areia. As amostras

foram lavadas em água corrente e secas ao ar, permitindo a mensuração da MFS. Estas variáveis foram calculadas segundo a equação em 1 e 2 respectivamente:

$$MFF = \frac{\text{Massa de 25 frutos (g)}}{25} [1] \quad MFS = \frac{\text{Massa de 25 sementes (g)}}{25} [2]$$

A quantidade de polpa por fruto (QP), foi expressa em porcentagem, sendo obtida pela seguinte equação (3):

$$QP (\%) = \frac{MFF - MFS}{MFF} \times 100 [3]$$

As variáveis de produção de frutos por planta (PFP) (4), em quilograma e número de frutos por cachos (NFC) (5), foram estimadas com o uso das seguintes equações:

$$PFP (kg) = NC \times MFC [4]$$

$$NFC = \frac{MFC \times 1000}{MFF} [5]$$

2.3 Diversidade genética

Devido a sensibilidade da medida de distância euclidiana sobre variáveis correlacionadas, realizou-se o teste de multicolinearidade por meio do método de Fatores de Inflação da Variância (VIF), para verificar se as variáveis atendiam a condição proposta por Montgomery e Peck (1992), sendo que, variáveis com valores de VIF superiores a 5 foram removidas.

Realizou-se o teste e posteriormente eliminou-se de modo individual a característica que apresentava maior valor de VIF superior a 5. Após a retirada da característica, a análise de multicolinearidade era realizada novamente, até que todas as variáveis atendessem o critério de multicolinearidade fraca.

Os cálculos de distância entre os pares de matrizes foram realizados pelo método da distância euclidiana média padronizada (DEMP). O método de agrupamento utilizado foi o de ligação média entre grupos (unweighted pair-group method using arithmetic averages - UPGMA), baseado na média das medidas de dissimilaridade entre os genótipos, evitando valores máximos e mínimos extremos (CRUZ et al., 2011). Os dendogramas gerados foram: com todos genótipos e todas as variáveis analisadas, todos os genótipos e variáveis seletivas e o último com os genótipos selecionados e as variáveis de seleção (em todos os casos as variáveis utilizadas foram as que respeitavam o critério de multicolinearidade fraca). A determinação do número de grupos formados seguiu o critério estatístico de Mojena (MOJENA, 1977) associado a análise visual das ramificações.

2.4 Índice de seleção

Na seleção das matrizes foram utilizados os dados fenotípicos das seguintes variáveis: PFP, NC, MFC, MFF, NFC e QP, determinadas por estudo prévio com objetivo em aumentar a produção de frutos por planta e qualidade de polpa. A intensidade de seleção foi de aproximadamente 10%, selecionando as 50 matrizes com maior desempenho para as variáveis seletivas.

O método de seleção utilizado foi o índice de Mulamba e Mock (1978), que faz a hierarquização dos materiais para cada variável, com posterior soma dos postos do *Ranks*, que resulta na classificação dos genótipos. Entretanto, antes de ser realizada a soma dos *Ranks* uma adaptação foi adicionada ao método, os *ranks* foram padronizados para que cada variável tivesse o mesmo peso na seleção. A padronização do ranqueamento para cada característica consistiu em [6]:

$$P_{kp} = \frac{P_{max} - P_k}{P_{max} - P_{min}} [6]$$

onde:

P_{kp} : Posto de *Rank* corrigido para o k genótipo;

P_k : Posto de *Rank* do k genótipo;

P_{max} : Posto de *Rank* máximo para a variável i;

P_{min} : Posto de *Rank* mínimo para a variável i;

2.5 Avaliação de comportamento genotípico e fenotípico por modelos mistos

A metodologia de modelos mistos REML/BLUP, foi utilizada para estimar os valores genotípicos para as características com medidas repetidas, sendo elas a MFF, MFS e QP.

Para testar a influência da seleção fenotípica sobre os valores genotípicos dos genótipos selecionados para MFF, MFS e QP. Foi realizada análise gráfica de radar e o teste de correlação de Pearson (ρ) entre os pares de dados com significância testada pelo teste χ^2 .

As análises estatísticas, foram realizadas no *Software* de ambiente livre R (TEAM, 2018).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A existência da diversidade genética foi confirmada pela análise de diversidade realizada com os 487 indivíduos (Figura 3a e Figura 3b). A partir destes resultados, foi dado prosseguimento as atividades do programa de melhoramento de *Euterpe edulis*, selecionando os melhores indivíduos com base nas características de produção de frutos.

A Figura 1 exibe os indivíduos selecionados pela soma dos postos dos *ranks* padronizados, com a respectiva influência de cada variável seletiva na escolha dos genótipos selecionados (informada pelo comprimento da barra na Figura 1).

Buscando atender o setor produtivo e a demanda do mercado consumidor do produto processado, o programa de melhoramento de *Euterpe edulis*, atualmente está fundamentado no aumento da PFP mantendo a QP, pois o fruto é a variável fundamental para o produtor por ser a parte comercializada para a indústria de processamento. Seguido da QP, para manutenção da qualidade do produto processado e comercializado pelas empresas de venda de polpa.

As características de MFC, MFF, NC e NFC foram definidas previamente por este mesmo grupo de pesquisa, com intuito de aumentar a PFP de modo indireto. A confirmação da eficiência destas variáveis neste procedimento é evidenciada devido a seleção de materiais com elevada posição de *rank* e baixo CV (0,18) dos *ranks* para PFP, indicando uma precisão na escolha de genótipos de maior posicionamento de *rank*, de maior expressão fenotípica.

A QP foi inserida com intuito de obter genótipos com maior produção da parte comestível do fruto, visando a melhoria na qualidade do produto processado. A utilização individual desta variável resultou em um CV dos postos de *rank* de 0,47, superior ao observado para PFP (0,18). Assim, os indivíduos selecionados apresentam maior variação na amplitude dos *rank* para QP, tendo matrizes de elevado desempenho (podendo citar: 424, 700, 6, 114, 907 e 124) e matrizes de baixo desempenho como a 302, 253 e 206, resultando em menor precisão na escolha dos indivíduos com maior QP quando comparado com a PFP (Figura 1).

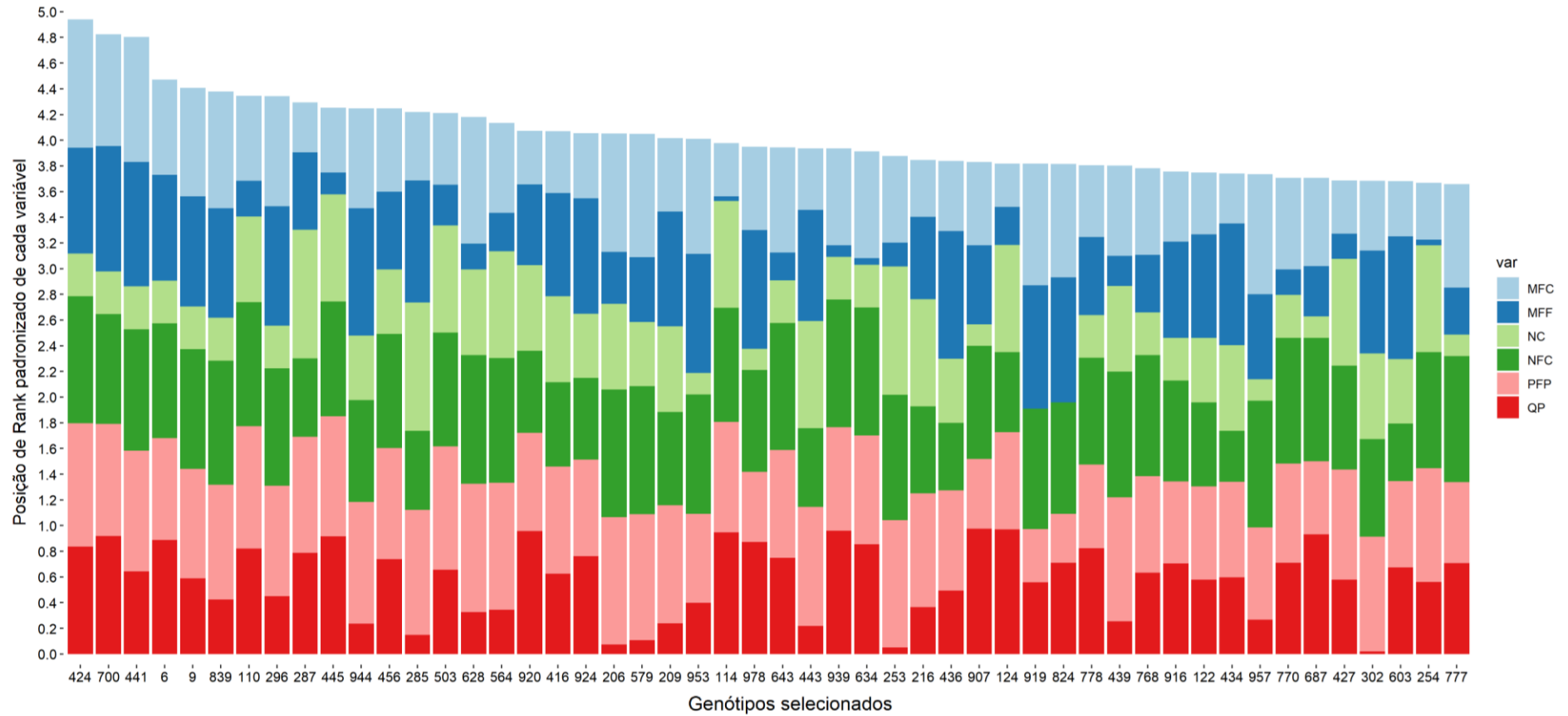


Figura 1 – Ranqueamento dos 50 genótipos selecionados com respectivos *ranks* padronizados para as características seletivas: massa de frutos por cacho (MFC), massa fresca de frutos (MFF), número de cachos (NC), número de frutos por cacho (NFC), produção de frutos por planta (PFP) e quantidade de polpa (QP). O genótipo de posição de rank mais elevado corresponde ao melhor material. Os valores dos postos dos *ranks* correspondem a amplitude de cada barra no gráfico. As posições de *ranks* foram plotados de modo a ser somado os valores para cada variável resultando no valor do índice de ranqueamento de cada genótipo. .

O potencial de sucesso no melhoramento do *Euterpe edulis*, revela-se devido a expressiva diferença das médias fenotípicas entre a população selecionada e a população geral (DPSG) para a PFP (151,72%) e QP tendo aumento na média populacional selecionada (5,38%) (Tabela 1), resultando em maior produção de frutos e lucros aos produtores, assim como a melhoria na qualidade do produto processado devido ao potencial de aumento da parte comestível do fruto.

Tabela 1 – Média populacional geral, dos indivíduos selecionados e diferença entre ambas para os descritores seletivos: produção de frutos por planta (PFP), número de cachos (NC), massa de frutos por cacho (MFC), massa fresca de frutos (MFF), número de frutos por cacho (NFC) e quantidade de polpa (QP).

Média da População	PFP (Kg)	NC	MFC (kg)	MFF (g)	NFC	QP (%)
Selecionada (50)	21,22	4 (4,08)	5,58	1,78	3264	32,12
Geral (487)	8,43	3 (2,72)	3,00	1,64	1865	30,48
Diferença	12,79	1 (1,36)	2,58	0,14	1399	1,64
DPSG (%)	151,72	33,33	86,00	8,54	75,01	5,38

DPSG (%): Diferença da população selecionada em relação a população geral em porcentagem.

A maior DPSG entre PFP e QP, pode ser resultado do fato que as características MFC, MFF, NC e NFC, foram utilizadas por estarem correlacionadas de modo positivo com a PFP, enquanto que a QP foi utilizada como característica de interesse secundário para manter a qualidade. Neste sentido, a relação de MFC, MFF, NC e NFC com PFP foram capazes de contribuir fortemente de modo indireto. Enquanto a QP teve menor expressão, resultando em menor DPSG e maior CV (0,47) de *ranks*.

O lançamento de materiais com potencial de formação de plantios que resultem em produção média de 21,22 kg de frutos/planta, é um incentivo a novos produtores. Com preço médio da safra de 2018 em torno de 1,94 R\$/kg de fruto nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo e Minas Gerais (CONAB, 2018), uma planta renderia para seu produtor em média 41,17 R\$/ano.

No processo industrial, um quilograma de fruto de *Euterpe edulis* produz em torno de 650 g de polpa processada para venda em barras congeladas com preço médio de 9 R\$ o quilograma, comercializadas pelas indústrias de processamento do sul do estado do Espírito Santo. Neste sentido, em média cada planta da população selecionada geraria pela venda do produto processado uma renda bruta média de 124,14 R\$/ano.

O manejo de frutos de *Euterpe edulis* vem a anos ganhando destaque devido a seu potencial lucrativo e de preservação (MULER et al., 2014) sem que tenha passado por nenhum programa de melhoramento. A seleção de genótipos mais produtivos, pode

impactar na aceitação de produtores quanto à implantação de plantios planejados da espécie.

É importante ressaltar, que os materiais em estudo seguem uma dinâmica de fragmentos naturais, onde a única prática de tratos culturais realizada é a roçada na época da colheita. Diante do exposto, a produtividade dos indivíduos pode sofrer significativo aumento com o uso de técnicas silviculturais corretas, conduzindo a maiores lucros sobre o manejo de frutos de *Euterpe edulis*.

Escassos são os trabalhos voltado a seleção de genótipos superiores de *Euterpe edulis* (Pereira, 2018; Oliveira, 2014) que selecionaram matrizes superiores utilizando variáveis biométricas de frutos e sementes, com objetivo de obter materiais com maior massa e tamanho de fruto e rendimento da parte comestível.

Fundamentada apenas em dados fenotípicos para a seleção dos genótipos superiores, a seleção massal (CHATCHAIPHAN et al., 2019) pode resultar na escolha de indivíduos com expressão influenciada pelo ambiente. Neste sentido, foi comparado as médias fenotípicas e genotípicas, utilizando preditores via BLUP, para as variáveis de MFF, MFS e QP, buscando visualizar o comportamento dos valores genotípicos em resposta a prática de seleção (Figura 2).

Verificou-se forte oscilação dos dados fenotípicos e genotípicos preditos via BLUP, indicando que mesmo após o processo de seleção ainda existe variabilidade a ser explorada dentro da população selecionada (Figura 2). Em princípio nota-se ainda que, os valores genotípicos tiveram magnitude mais elevadas que os valores fenotípicos, demonstrando efetividade de seleção de genótipos superiores pelo método de seleção massal.

Comparando-se as oscilações entre as médias fenotípicas e genotípicas percebe-se comportamento similar com pequena diferença de modo geral, comprovado pela elevada correlação de Pearson (ρ) entre as médias preditas e fenotípicas em cada genótipo para cada variável (Figura 2). Estes resultados são explicados dado ao forte controle genético sobre a expressão fenotípica como observado por Marçal et al. (2016) que encontraram valores de repetibilidade de 0,82 para MFF e 0,80 para MFS.

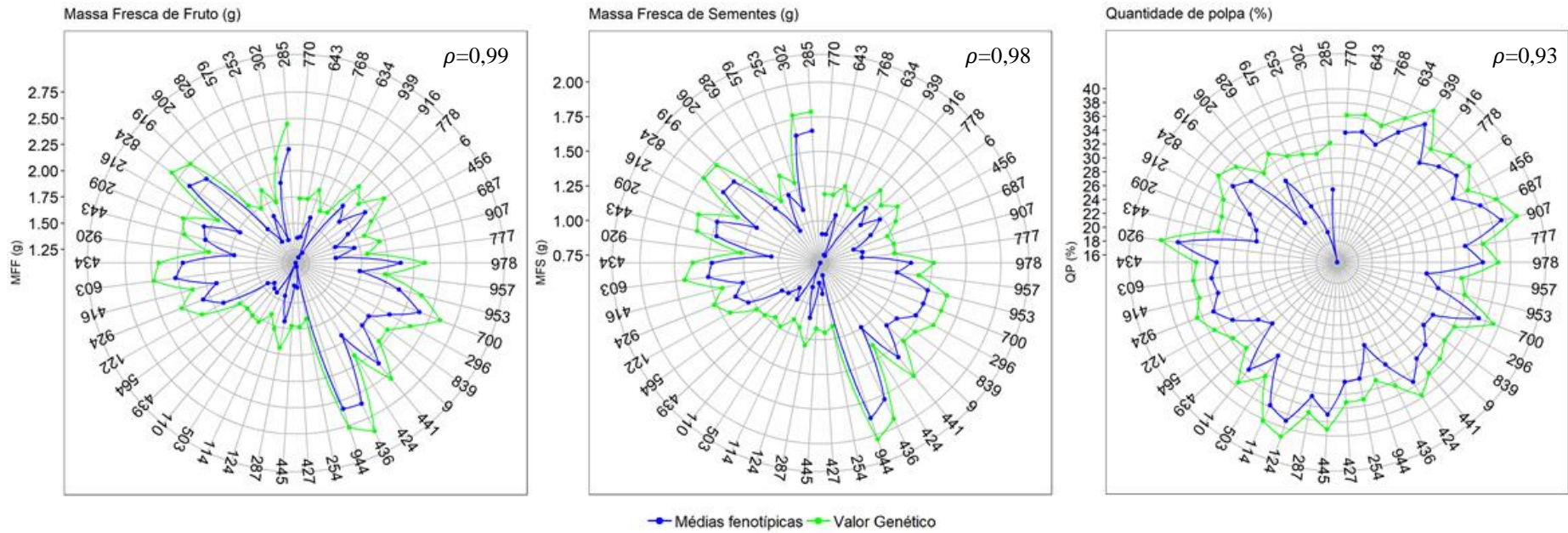


Figura 2 – Gráfico de radar entre médias fenotípicas e genotípicas predita via BLUP de massa fresca de fruto (MFF), massa fresca de semente (MFS) e quantidade de polpa (QP) dos 50 genótipos selecionados pelo índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) com adaptação para padronização dos ranks. ρ = correlação de Pearson.

Para a MFC espera-se maiores diferença entre os valores fenotípicos e genotípicos, Yokomizo et al., (2016) avaliando açaí, espécie pertencente ao mesmo gênero do *Euterpe edulis*, observou maior contribuição do efeito ambiental sobre este descritor, porém relatou que a herdabilidade foi classificada de média magnitude. Farias Neto (2008) observou herdabilidade de baixa magnitude, corroborado por Farias Neto (2011) que avaliando produção de frutos, observou herdabilidade no sentido restrito de baixa magnitude, ressaltando há existência da possibilidade de se obter controle genético moderado, garantindo sucesso na seleção a nível de indivíduo e progênes. Sendo membros do mesmo gênero, é possível que estes resultados se repitam para o *Euterpe edulis*, podendo a seleção para variáveis relacionadas a produção de frutos um processo mais árduo quando comparado a MFF e MFS.

A existência de variabilidade na população estudada, requisito mínimo necessário para obtenção de sucesso nos programas de melhoramento, é confirmada no dendograma gerado com todas as matrizes e variáveis avaliadas em estudo (Figura 3a).

A análise de diversidade da população geral com todas as variáveis avaliadas (Figura 3a), comprovou a existência de diversidade dentro do plantio em estudo. As distâncias de dissimilaridade entre os pares de matrizes variaram de 0,43 a 11,10, com média de 3,94, mostrando que dentro da população existem genótipos muito similares assim como aqueles altamente divergentes. Aproximadamente 47,19% dos pares de genótipos ficaram acima da média de distâncias de dissimilaridade.

Estes resultados tanto para determinação de cruzamentos quanto para desenvolvimento de banco de germoplasma são essenciais, pois, possibilita excluir os indivíduos altamente similares mantendo apenas os mais divergentes, garantindo manter a variabilidade com menores custos. Além de possibilitar a determinação de cruzamentos entre indivíduos mais divergentes para atingir a complementariedade genética.

Assim como observado na população de estudo de *Euterpe edulis*, a caracterização de germoplasma em populações de *Euterpe oleracea*, relataram elevada diversidade dentro das mesmas (SOUSA et al., 2017b; YOKOMIZO et al., 2012; YOKOMIZO et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2007). Mesmo se tratando de uma espécie nativa, a diversidade observada em *Euterpe edulis* pode não ser um resultado esperado.

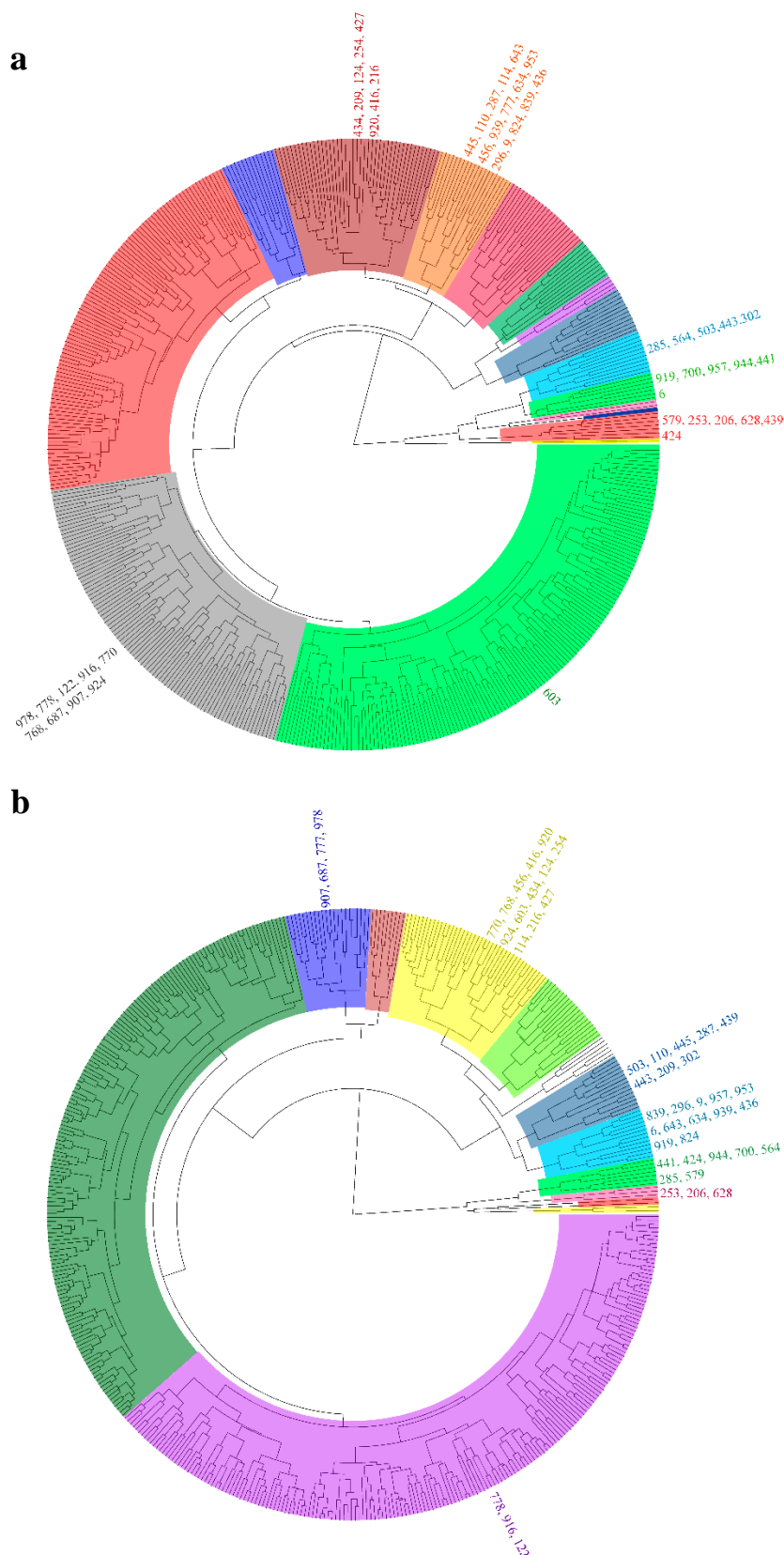


Figura 3 – Dendrogramas gerado pelo método UPGMA, a partir das medidas de dissimilaridade baseadas na distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), com combinação em pares de 487 genótipos para as 11 características avaliadas (a) e 6 as seletivas (b). Cada cor representa a formação de um grupo diferente, sendo representado pelos números os genótipos selecionados e o grupo que faz parte. Ponto de corte determinado pelo teste de Mojena (1977).

Dada sua situação de risco de extinção (LEITMAN et al., 2013) e a fragmentação de seus habitats, a diversidade entre os indivíduos pode reduzir mediante ao aumento da endogamia, resultando em baixa diversidade dentro das populações, como observado por Konzen e Martins (2017) em alguns fragmentos naturais, com estudo de marcadores aloenzimáticos.

O agrupamento entre os 487 indivíduos com as 11 variáveis em estudo, possibilitou a formação de 16 grupos diferentes (Figura 3a). Dos grupos formados, os 50 genótipos selecionados foram agrupados em 7 grupos diferentes (Figura 3a). Deste modo em modo geral, os indivíduos selecionados apresentam alta diversidade entre si considerando todas as características em estudo, garantindo que a próxima geração resultante do cruzamento ao acaso destes materiais tenha também elevada diversidade.

Dos 50 selecionados, apenas o genótipo 603 foi agrupado isoladamente em grupo divergente dos demais genótipos selecionados, os demais grupos formados foram grupos mistos, com genótipos selecionados e não selecionados. De modo geral, os indivíduos superiores apresentam elevada dissimilaridade entre si, estando distribuídos em 43,75% do total de grupos formados (Figura 3a).

O genótipo 603 trata-se de um material que apresenta 4 NC, 48,9 cm de CAP, 3,60 kg de MFC, 2,28 g de MFF, 1,52 g de MFS, 33,49 % de QP e 14,40 kg de PFP, sendo estas as variáveis expressas acima da média da população.

O agrupamento gerado para as 487 matrizes com as seis variáveis seletivas PFP, MFC, MFF, NC, NFC e QP (Figura 3b), expõem uma redução no número de grupos formados, de 16 para 13, quando comparado ao agrupamento da Figura 3a.

Pelo método da DEMP a dissimilaridade entre os pares de acessos sempre aumenta com a adição de características utilizadas nas análises (CRUZ et al., 2011), o que explica a redução na dissimilaridade entre os genótipos ao manter apenas as seis variáveis seletivas. De maneira que as distâncias variaram de 0,02 a 9,47 com média de 2,89.

Em ambos os casos as dissimilaridades entre os acessos seguiram um padrão de distribuição próximo ao normal, com assimetria positiva. A dissimilaridade obtida entre os pares dos 487 genótipos e 11 variáveis tiveram valores de média e mediana de 3,94 e 3,78, respectivamente. Para as seis variáveis seletivas a mediana foi de 2,69 e a média de 2,89. Resultados semelhantes a distribuições das dissimilaridades foi observado por Oliveira et al. (2007) em açaizeiro.

Com base no exposto, a redução do número de variáveis não ocasionou alterações nas distribuições dos valores de dissimilaridade, mantendo baixa a assimetria. Já as distâncias entre os pares de genótipos apresentaram redução, com matrizes muito similares (0,02) e outras mantendo elevada divergência (9,47).

A diferença na quantidade de grupos entre a Figura 3a para a Figura 3b, revela que a população de estudo manteve elevada diversidade mesmo para um número reduzido de variáveis, entretanto, alguns indivíduos apresentam comportamento fenotípico altamente similares, podendo ser notado dado ao reduzido valor mínimo de dissimilaridade (0,02).

A diversidade presente na população base de estudo, reflete a possibilidade de exploração em programas de melhoramento, o que pode resultar em elevados ganhos de seleção. Tal conclusão é fortalecida visto que, a redução em 45% do número de variáveis em análise foi capaz de manter elevada a dissimilaridade entre os pares de genótipos, dada a alteração relativamente baixa entre os valores de média (3,94 e 2,89) e máxima (11,01 e 9,47) observados entre as análises realizadas com 11 e seis variáveis.

No dendrograma gerado com as variáveis seletivas (Figura 3b), nenhum genótipo formou grupo individual divergente (Figura 3b), resposta que também foi observada em açaí (YOKOMIZO et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2007). O uso das variáveis seletivas ocasionou em alterações na dissimilaridade entre os materiais, neste sentido, a estruturação dos dendrograma foi modificada, agrupando os genótipos em grupos similares entre si.

O fato de nenhum genótipo selecionado estar isolado aos demais, pode ser explicado dado a questão de serem utilizadas apenas as variáveis seletivas. Neste sentido, por apresentarem respostas fenotípicas superiores as características utilizadas, a similaridade entre eles aumenta podendo ser responsável por agrupá-los nos mesmos grupos.

Além disso, a seleção massal manteve diversidade entre os genótipos selecionados, dada a amplitude das distâncias entre os pares de genótipos e a distribuição dos 50 materiais superiores em sete grupos diferentes dos 13 formados, o que às vezes pode não ocorrer devido ao estreitamento da base genética.

Os grupos em quais os genótipos selecionados foram alocados na Figura 3b não seguiram necessariamente os grupos apresentados na Figura 3a. Estas mudanças também são devidas às alterações das distâncias pela remoção de variáveis em análise. Neste sentido, a Figura 3b apresenta os materiais mais próximos para os caracteres de

produtividade, devendo as informações ali contidas serem utilizada para a busca de complementariedade genética em programas de melhoramento que vise o aumento da produtividade.

A Figura 4, apresenta o dendrograma gerado a partir das distâncias obtidas das combinações dos genótipos selecionados para com as seis variáveis seletivas, e informações descritivas de PFP, MFC e NC de cada material.

As mudanças dos genótipos entre grupos nas Figuras 3b e 4, são explicadas dada a quantidade de indivíduos nas análises. Estas alterações podem resultar em modificações nos valores das conexões entre os métodos, alterando a inserção ou não de um genótipo a um determinado grupo formado. Porém, as alterações não podem ocorrer de forma a modificar abruptamente o agrupamento dos materiais, pois, a dissimilaridade entre os genótipos se mante.

No dendrograma apresentado na figura 4, sete grupos divergentes foram formados: grupo 1, constituído por 13 genótipos, grupo 2 e 3 por dez genótipos, grupo 4 por nove, grupo 5 e 7 por dois e grupo 6 com quatro genótipo A população dos 50 indivíduos selecionados apresentou distâncias de dissimilaridade entre os pares de genótipos variando entre 0,47 (genótipo 778 e genótipo 916) a 6,82 (genótipo 253 e genótipo 824) com média de 2,95. Mantendo grande parte da variabilidade fenotípica existente na população, explicando a elevada diferença na expressão fenotípica entre genótipos (Figura 4).

Os grupos formados (Figura 4) não seguiram o padrão de ranqueamento (Figura 1), pois dentro dos mesmos grupos ocorreu grande variação de posição de *ranks*, não seguindo um padrão sequencial numérico o que seria esperado, dado que indivíduos de maiores *ranks* teriam maior expressão fenotípica sendo mais similares entre si. Entretanto, pelo fato de a seleção estar baseada em múltiplos fatores, ocorre variação na expressão das características dos indivíduos selecionados, podendo o primeiro e segundo individuo do *rank* não serem os mais similares, dado que sua colocação pode ser resultado de características diferente. Neste sentido o método de seleção utilizado pode resultar em classificação próximas a materiais divergentes.

A Figura 4 recebe destaque por possibilitar a determinação dos cruzamentos no programa de melhoramento. Em açaí, os resultados obtidos por Oliveira (2007) demonstraram que a combinação entre materiais genéticos mais divergentes pode resultar em aumento da variabilidade e que, possivelmente, materiais superiores sejam obtidos.

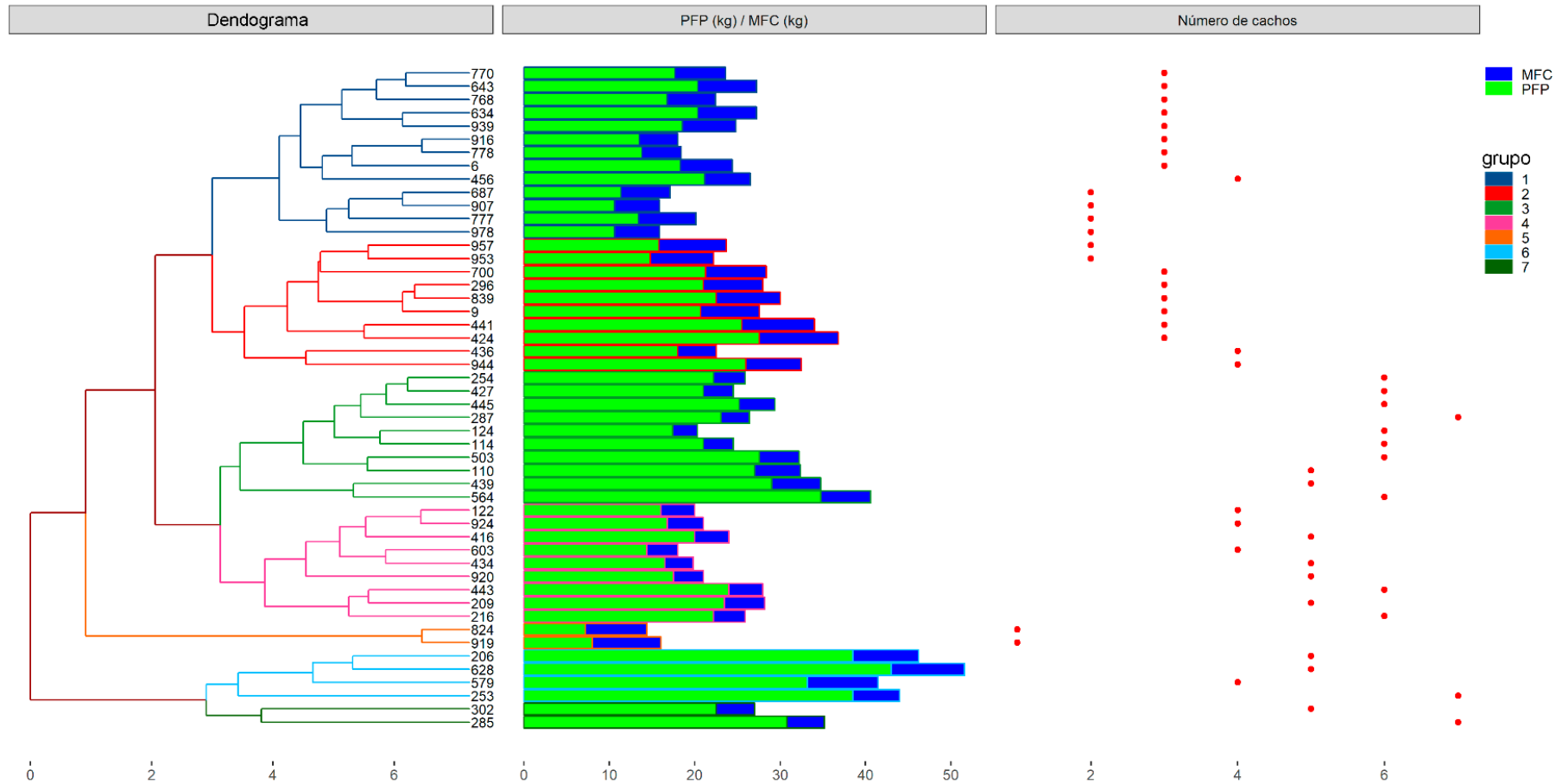


Figura 4 – Agrupamento gerado pelo método UPGMA, a partir das medidas na distância Euclidiana Média Padronizada (DEMP), entre 50 genótipos selecionados para as variáveis PFP, MFC, MFF, NC, NFC e QP. Gráfico de barra empilhada da produção de frutos por planta (PFP) e massa de frutos por cacho (MFC) para cada genótipo; o valor de MFC é obtido pela subtração do valor total apresentado nas barras pela PFP. Gráfico de pontos do número de cachos por planta de cada genótipo. A linha de valores no eixo da abscissa corresponde a: valores percentuais em relação à dissimilaridade no último nível de fusão (dendrograma), valores fenotípicos de produção de frutos por planta (PFP (kg)/MFC (KG)) valor fenotípico de número de cachos (Número de cachos).

Devido a uma série de fatores, a técnica de polinização aberta é a mais viável dado a facilidade na execução, redução dos custos e sua utilização em programas de melhoramento de açaí (*Euterpe oleracea*), como o realizado na estação experimental da Embrapa Amazônia Oriental (YOKOMIZO et al., 2016).

A figura 5, anexo I e anexo II, trazem os dados descritivos dos grupos formados, dos indivíduos dentro dos grupos e da dissimilaridade entre os genótipos de um grupo com o mais dissimilar de outro, podendo ser definidos os cruzamentos de maior interesse.

As médias e os desvios dos valores fenotípicos de cada grupo formado, da população geral e da população selecionada, para as seis variáveis seletivas podem ser visualizados na Figura 5.

A média fenotípica da PFP (8,43 kg) (Tabela 1; Figura 5) da população geral, mostrou-se superior ao observado por Oliveira (2007) avaliando acessos de *Euterpe oleracea* do banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental (7,6 kg), também superior a Teixeira et al. (2012) (4,97 kg) e inferior ao relatado por Farias Neto et al. (2008) (8,97 kg) ambos avaliando *Euterpe oleracea*.

Confrontando os resultados da PFP em *Euterpe edulis* na população geral e selecionada (8,43, 21,22 kg respectivamente) (Tabela 1; Figura 5) com os resultados obtidos por Farias Neto et al (2011) em *Euterpe oleracea* (19,04, 37,62), a expressão fenotípica do *Euterpe edulis* foi inferior em ambos os casos. Tais diferenças na resposta produtiva podem ser resultado das diferentes condições edafoclimáticas e dos tratamentos culturais aplicados sobre cada população.

Outra situação que pode ter gerado a expressiva diferença observada entre as médias das espécies e das populações selecionadas, pode ser resultado da população utilizada por Farias Neto et al (2011) ser constituída por progênies de polinização aberta de indivíduos naturais já selecionados.

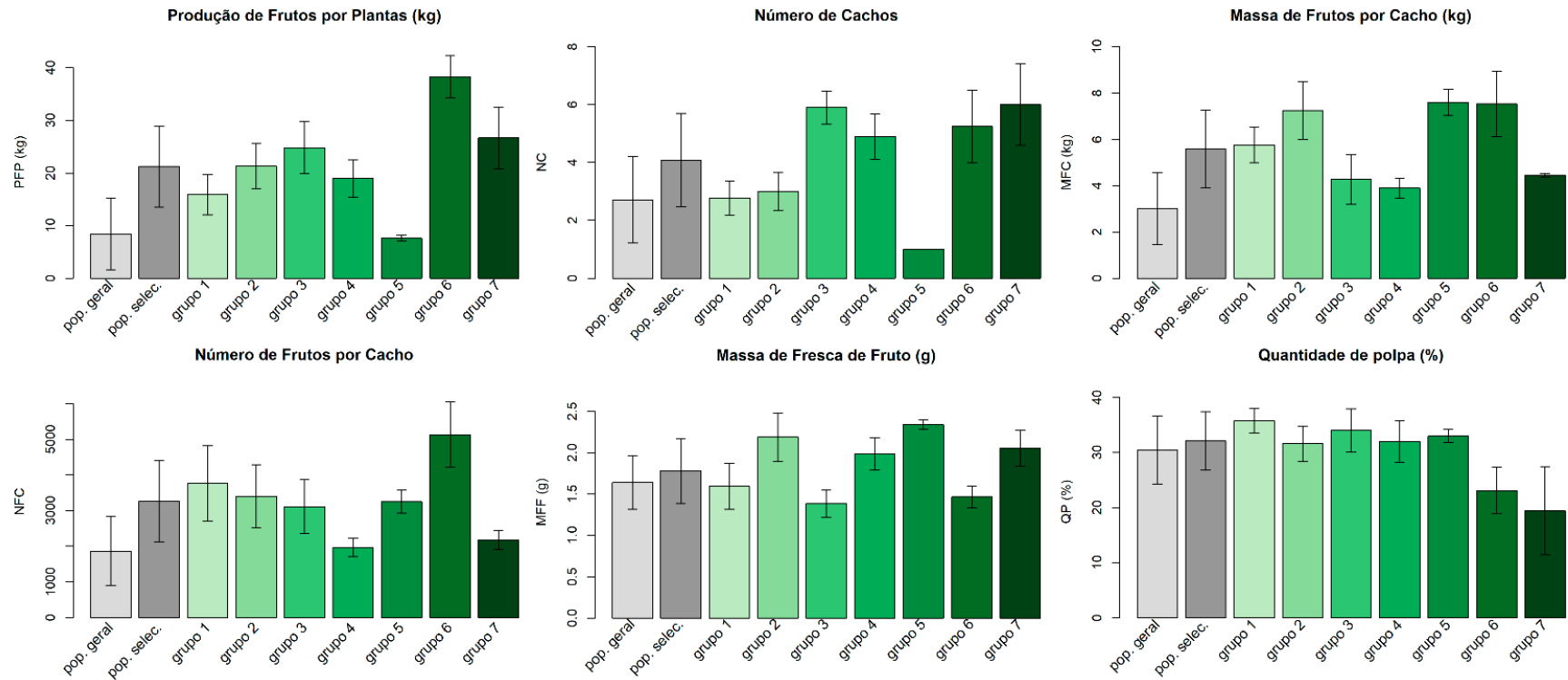


Figura 5 – Gráfico de barra com desvio padrão para população geral, população selecionadas e os grupos formados com seis variáveis seletivas e 50 genótipos selecionados a partir da DEMF e método de agrupamento de ligação média UPGMA. pop.= População.

Mesmo com elevada diferença entre as médias das populações selecionada entre os trabalhos, foi observado dentre os 50 genótipos selecionados de *Euterpe edulis* (628, 206 e 253) genótipos que apresentaram PFP (43, 00 kg, 38,5 kg e 38,5 kg, respectivamente) (Figura 6 em ANEXO II) próximas ao genótipo ranqueado por Farias Neto et al. (2011) na primeira posição, que apresentou PFP de 42,96 kg.

Mesmo com a diferença nas médias entre a populações selecionadas de *Euterpe edulis* e *Euterpe oleracea* (FARIAS NETO ET AL., 2011), nota-se a existência de genótipos como o 628, 206 e 253, altamente produtivos, que podem ser explorados para obtenção de maiores ganhos quando considerado apenas a produção de frutos por plantas.

Dentre os grupos formados na Figura 4, o grupo 3, 6 e 7 foram os que apresentaram os maiores valores para PFP sendo superior à média da população selecionada (Figura 5).

Para o número de cachos, os grupos 3 e 7 foram os que apresentaram as maiores médias (Figura 5), sendo o grupo 3 com menor desvio padrão se comparado ao 7, indicando que os indivíduos que compõem este grupo apresentam maior similaridade entre si devido à proximidade de seus valores fenotípicos.

O NC médio observado na população geral (2,72 ~ 3,00) (Tabela 1, Figura 5) mostrou-se superior ao observado por Silva e Reis (2018) (1,6) e inferior ao relatado por Calvi e Pina-Rodrigues (2005) (3). Entretanto, dentre alguns materiais como o 287, 253 e 285 chegaram a lançar sete cachos, sendo este o maior valor se comparado com Reis (1995), Silva e Reis (2018) e Fisch et al. (2000) que observaram o lançamento máximo de 5, 5 e 4 cachos/planta, respectivamente.

Já a comparação entre diferentes espécies do gênero, revela a superioridade do *Euterpe oleracea* ([3,5] OLIVEIRA et al., 2007; [6,36] FARIAS NETO et al., 2008) sobre o *Euterpe edulis* (3, Tabela 1, Figura 5) que se destaca sobre *Euterpe precatória* (2, ARANGUREN et al., 2014; ROCHA e VIANA, 2004).

A média da população geral (3,00 kg) para MFC seguiu os valores que podem ser observados na literatura, variando de 3 a 5 kg (BOURSCHEID et al., 2011). Entretanto, dentro dos materiais selecionados, os grupos 2, 5 e 6 recebem maior destaque devido a elevada média que os mesmos apresentaram, ultrapassando a marca de 6 kg de fruto/planta. Estando no grupo 2 o genótipo 424, este apresentou a maior MFC dentro os selecionados, com valor de 9,20 kg. Além do elevado valor de MFC, o genótipo 424 apresenta elevada PFP (27,6 kg), 3 cachos, 1,94 g de MFF, 35,77% de QP e 4740 NFC (Figura 6 ANEXO II).

A média do NFC na população geral foi de 1865 (Tabela 1, Figura 5), inferior ao observado em outros trabalhos realizados sobre *Euterpe edulis*, que observaram valores de média de 2175 (SILVA e REIS, 2018), 3330 (LAPS, 1996), 3315 (REIS, 1995) e 3311 (CALVI e PINA-RODRIGUES, 2005). Os valores da população geral mostraram-se ainda inferior ao observado em *Euterpe precatória*, tal que foi relatado número médio de frutos por cacho de 3500 (ARANGUREN et al., 2014) e 2684,69 (ROCHA e VIANA, 2004). Contudo, a média da população selecionada mostrou-se próxima ao observado para ambas as espécies.

Diversos são os fatores que podem ter influenciado nesta diferença de valores entre as médias populacionais para NFC. Podendo ser citado o tamanho da população amostral, a variação genotípica dos indivíduos, fatores climatológicos e dispersores.

O trabalho realizado sobre a fenologia reprodutiva de *Euterpe edulis*, revelou que o NFC sofre forte influência da atividade predatória e desprendimento dos frutos das ráquias (SILVA e REIS, 2018), relatando redução de 3737 para 1785 frutos por cacho, chegando a uma redução de 52%. Estes resultados são confirmados por Genini et al. (2009) que observou que o *Euterpe edulis* foi uma das espécies que mais contribuíram na biomassa de queda de frutos em um fragmento florestal de 806 ha em Ubatuba-SP. Estas observações ainda permitem concluir que em condições ideais de plantios, a produção de frutos pode ter forte incremento de produtividade.

É importante frisar que, os resultados e trabalhos apresentado para *Euterpe edulis* foram originários de populações naturais, expondo a possibilidade de manejo da espécie em fragmentos naturais, não se restringindo apenas a plantios monoculturais e consequentemente contribuindo com a preservação da espécie. Tal conclusão é apoiada por Aranguren et al. (2014) que observou a produção de 2,2 ton de frutos de *Euterpe precatória* em uma área de um hectare, com 188 indivíduos.

A massa fresca de fruto (MFF) teve elevada variação entre os grupos formados, com valor médio da população geral de 1,64, superior a MFF em *Euterpe oleracea* ([1,48] TEIXEIRA et al., 2012; [1,28] FARIAS NETO et al., 2008)

Para a QP destaca-se os grupos 6 e 7, que apresentam os menores valores de média. Entretanto são os de maior PFP, expondo deste modo a necessidade de cruzamento entre indivíduos complementares buscando manter a produção de frutos alta e elevar a QP para que o produto processado tenha melhor qualidade.

4. CONCLUSÃO

A população base do estudo apresentou elevada diversidade entre seus indivíduos, que possibilitou a seleção de 50 indivíduos superiores, resultando em elevada diferença das médias fenotípicas entre a população geral e a população selecionada, a qual manteve alta diversidade genética entre seus indivíduos, garantindo o avanço do programa de melhoramento.

5. AGRADECIMENTOS

Ao Sr. Pedro Bortolotti Menegardo, Sr Vicente de Paulo Menegardo Bortoloti e suas famílias por toda colaboração, a VALE, ao CNPq, a FAPES e a CAPES pelo apoio financeiro que possibilitou a condução das avaliações.

6. REFERÊNCIA

- ARANGUREN, C. I. GALENO, G.; BERNAL, R. Manejo actual dela saí (Euterpe precatoria Mart.) para la producción de frutos en el sur de la amazonia comlobiana. **Colombia florestal**, v. 17, n. 1, p. 77 – 99, 2014.
- BOURSCHEID, K.; SIMINSKI, A.; FANTINI, A.C.; MAC FADDEN, J. Euterpe edulis – palmito juçara. In: CORADIN, L.; SIMINSKI, A.; REIS, A. (Eds.). **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul**. 1. ed. Brasília: MMA, 2011. 936 p.
- CALVI, G. P., PIÑA-RODRIGUES, F. C. M. Fenologia e produção de sementes de Euterpe edulis – Mart. em trecho de floresta de altitude no município de Miguel Pereira-RJ. **Revista Universidade Rural**, Série Ciências da Vida, Seropédica-RJ, v. 25, n. 1, p. 33-40, 2005.
- CHATCHAIPHAN, S.; THAITHUNGCHIN, C.; KOONAWOOTRITTRIRON, S.; NAKORN, U. Responses to mass selection in a domesticated population of snakeskin gourami, *trichopodus pectoralis*, Regan 1910, and confounding effects from stocking densities. **Aquaculture**, n. 498, p 181-186, 2019.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Disponível em: <file:///C:/Users/Guilherme/Downloads/BoletimZZSociobiodiversidadeZZZ2trimestreZZ2018.pdf> Acesso em: 14 de janeiro de 2019.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 620p. 2011.
- DOURADO, C. L.; MORAES, M. A.; ALVES, P. F.; KUBOTA, T. Y. K.; SILVA, J. R.; MOREIRA, J. P.; SILVA, A. A.; CAMBUIM, J.; GONÇALVEZ, P. S.; MORAES, M. L. T. Selection strategies for growth characters and rubber trees in Brazil. **Industrial Crops e Products**, v. 118, p. 118-124, 2018.

- ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Revista agropecuária brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1443-1449. 2007.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P. Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal – SP, v. 33, n. 2, p. 532-539, 2011.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P.; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal – SP, v. 30, n. 4, p. 1051 – 1056, 2008.
- FISCH, S. T. V.; NOGUEIRA JUNIOR, L. R.; MANTOVANI, W. Fenologia reprodutiva de *Euterpe edulis* Mart. Na mata atlântica (Reserva Ecológica do Trabiju, Pindamonhangaba - SP). **Revista biociência**, Taubaté, v. 6, n. 2, p. 31 – 37, 2000.
- FRANÇA, Á. E. D.; PARRELLA, R. A. C.; SOUZA, V. F.; BASTOS, G. Q.; NUNES, J. A. R.; SCHAFFER, R. E. Seleção simultânea em progênies de sorgo-sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 51, n. 10, p. 1737 – 1743, 2016.
- GALATE, R. S.; MOTA, M. G. C.; GAIA, J. M. D.; COSTA, M. S. S. Distância fenotípica entre matrizes de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) procedentes do nordeste do Pará. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 4, p. 1667 – 1682, 2014.
- GENINI, J. GALETTI, M.; MORELLATO, L. P. C. Fruiting phenology of palms and trees in an Atlantic rainforest land-bridge island. **Flora-morphology, distribution, functional ecology of plants**, v. 204, n. 2, p. 131-145, 2009.
- HENDERSON, A. The genus *Euterpe* in Brazil. **Sellowia**, Itajaí, n. 49-52, p. 1-22, 2000.
- KONZEN, E. R.; MARTINS, M. P. Contrasting levels of genetic diversity among populations of the endangered tropical palm *Euterpe edulis* Martius. **Cerne**. Lavras, v. 23, n. 1, p. 31-42, 2017.
- LAPS, R. R. **Frugivoria e dispersão de sementes de palmitreiro (*Euterpe edulis* Martius, Arecaceae) na mata atlântica, sul do estado de São Paulo**. 1996. 77 f. Dissertação (Mestrado em Ecologia) – Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 1996.
- LEITMAN, P.; JUDICE, D. M.; BARROS, F. S. M.; PRIETO, P. V. Arecaceae. In: MARTINELLI, Gustavo; MORAES, Miguel Avila. Livro Vermelho da Flora do Brasil. Rio de Janeiro: Cncflora, 2013. p. 187-195.
- LORENZI, H.; MELLO FILHO, L. E. **As plantas tropicais de R. Burle Max. São Paulo: Instituto Plantarum de Estudos da Flora**, 2001. 504p.
- MARÇAL, T. S.; GUILHEN, J. H. S.; OLIVEIRA, W. B. S.; FERREIRA, M. F. S.; RESENDE, M. D. V.; FERREIRA, A. Repeatability of biometric characteristics

- of juçara palm fruit. **Bioscience Journal**. Uberlândia, v. 32, n. 4, p. 890-898, 2016.
- MOJENA, R. Hierárquical grouping method and stoppin grules: na evaluation. **Computer Journal**, v.20, p.359-363, 1977.
- MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. (1992), **Introduction to Linear Regression Analysis**, 2nd edition, John Wiley & Sons, New York. (Probability and Statistics Series; 1st edition, 1983). 504p.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (Zeamays L.) populationbybreeding for plantraits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.
- MULER, A. E.; ROTHER, D. C.; BRANCALION, P. S.; NAVES, R. P.; RODRIGUES, R. R.; PIZO, M. A. Can overharvesting of a non-timber-forest-product change the regeneration dynamics of a tropical rainforest? The case study of *Euterpe edulis*. **Forest Ecology and Management**, v. 324, p. 117-125, 2014.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açazeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília -DF, v. 42, n. 4, p. 501-506, 2007.
- OLIVEIRA, W. B. dos S. **Seleção e diversidade genética de *Euterpe edulis* Martius por caracteres morfológicos**. 101 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre. 2014.
- PEREIRA, P. M. **Caracterização da variabilidade genética de *Euterpe edulis* (Arecaceae) do Espírito Santo para a produção de frutos**. 111 f. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória. 2018.
- R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- REIS, M. S. Dinâmica da movimentação dos alelos: subsídios para a conservação e manejo de populações naturais em plantas. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 4, p. 37-47, 1996. (Suplemento)
- RIBEIRO, R. M.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; RODRIGUES, D. L.; PREISIGKE. Breeding passion fruit populations – Review and perspectives. **Functional Plant Breeding Journal**. v. 1, n. 1, p. 1-14, 2019.
- ROCHA, E. VIANA, V. M.; Manejo de *Euterpe precatoria* Mart. (Açaí) no seringal Caquetá, Acre, Brasil. **Scientia forestalis**, n. 65, p. 59 – 69, 2004.
- RODRIGUES, F.; PINHO, R. G. V.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; PINHO, É. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características

relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e agroecologia**. Lavras, v. 35, n. 2, p. 278 – 286, 2011.

RODRIGUES, H. C. A.; CARVALHO, S. P.; CARVALHO, A. A.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; CUSTÓDIO, T. N. Avaliação da diversidade genética entre acessos de mandioca (*Ricinus communis* L.) por meio de caracteres morfoagronômicos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 6, p. 773 – 777, 2010.

SILVA, J. Z.; REIS, M. S. Fenologia reprodutiva e produção de frutos em *Euterpe edulis* (Martius). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 28, n. 1, p. 295 – 309, 2018.

SOUSA, A. M.; de OLIVEIRA, M. do S. P.; FARIAS NETO, A. T. Genetic divergence among White-type açai palm accessions based on morpho-agronomic characters. **Pesquisa agropecuária brasileira**. Brasília, v. 52, n. 9, p. 751 – 760, 2017b.

SOUSA, J. T. R. COSTA, M. M. R.; PEREIRA, A. S.; MOTA, M. G. C. Phenotypic characterization of açai palm germplasm from the Marajo's archipelago and Baixo Tocantins territories. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 38, n. 4, p. 1737 – 1748, 2017a.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONCALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes de produção de frutos de açazeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n. 4, p. 1135-1142, 2012.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; de FONSECA, K. G.; SILVA, M. S.; de PAULA-MORAES, S. V.; CARVALHO, L. J. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 2, p. 567 – 582, 2013.

YOKOMIZO, G. K. I.; FARIAS NETO, J. T.; de OLIVEIRA, M. do S. P. Ganho esperado na seleção de progênies de polinização aberta de *Euterpe oleracea* para produção de frutos. **Scientia Forestalis**, Piracicaba – SP, v. 44, n. 109, p. 241-248, 2016.

YOKOMIZO, G. K.; de QUEIROZ, J. A. L.; CAVALCANTE, E. da S.; PINHEIRO, I. de N.; da SILVA, P. A.; MOCHIUTTI, S. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de *Euterpe oleracea* coletados no Afuá-Pará nas condições do Amapá. **Cerne**. Lavras, v. 18, n. 2, p. 205-213, 2012.

YOKOMIZO, G. K.; de QUEIROZ, J. A. L.; MOCHIUTTI, S.; PINHEIRO, I. de N.; da SILVA, P. A. R. Desempenho de progênies de açazeiros avaliadas para caracteres agronômicos no estado do Amapá. **Scientia Forestalis**. Piracicaba, v. 38, n. 87, p. 367-376, 2010.

ZERBIELLI, L.; NIENOW, A. A.; DALACORTE, L.; JACOBS, R.; DARONCH, T. Diversidade físico-química dos frutos de jabuticabeiras em um sítio de ocorrência natural. **Revista brasileira de fruticultura**, Jaboticabal, v. 38, n. 1, p. 107 – 116, 2016.

Anexo I

Tabela 2 – Cruzamentos entre os genótipos mais dissimilares entre os grupos.

Cruzamentos	dii'	Cruzamentos	dii'	Cruzamentos	dii'	Cruzamentos	dii'	Cruzamentos	dii'
110x253	3,71	287x628	4,52	443x114	3,20	687x253	5,93	916x253	5,17
110x302	4,32	287x777	3,95	443x302	2,56	687x302	5,22	916x302	4,15
110x603	3,00	287x919	5,32	443x424	4,04	687x443	3,96	916x424	3,40
110x919	4,46	287x957	4,46	443x628	4,13	687x564	4,26	916x443	2,72
110x944	3,44	296x114	4,09	443x907	4,11	687x919	2,72	916x564	3,68
110x978	3,34	296x253	4,63	443x919	4,61	687x944	4,07	916x919	2,82
114x206	4,78	296x302	3,80	445x206	4,11	6x253	5,19	919x114	5,48
114x302	5,11	296x824	2,34	445x302	4,74	6x302	4,63	919x216	4,69
114x603	3,45	296x920	3,11	445x603	3,16	6x443	3,02	919x253	6,64
114x978	3,99	296x939	2,87	445x919	5,17	6x564	3,43	919x939	3,69
122x302	3,68	302x124	5,18	445x953	4,23	6x919	2,48	919x944	3,34
122x424	3,58	302x628	4,80	445x978	3,78	6x944	2,70	920x253	5,07
122x564	3,24	302x824	5,34	456x253	4,24	700x114	4,33	920x424	3,95
122x628	4,77	302x907	5,59	456x302	3,99	700x216	3,59	920x564	3,35
122x634	2,74	302x920	4,82	456x443	2,23	700x253	5,63	920x777	2,93
122x919	3,36	416x302	3,63	456x564	2,48	700x302	5,05	920x919	4,32
124x209	3,17	416x424	3,54	456x919	3,40	700x634	3,13	924x253	4,93
124x777	3,58	416x564	2,67	456x944	2,81	700x919	2,43	924x302	4,05
124x919	5,20	416x628	4,37	503x302	3,94	768x253	4,66	924x424	3,39
206x124	5,27	416x634	2,85	503x603	3,02	768x302	4,04	924x564	3,40
206x302	3,33	416x919	3,92	503x628	3,31	768x443	2,81	924x634	2,89
206x436	4,68	424x124	4,65	503x919	4,97	768x564	3,10	924x919	3,24
206x603	4,98	424x253	5,07	503x953	3,88	768x919	2,88	939x253	5,29
206x824	5,71	424x302	5,21	503x978	3,79	768x944	3,15	939x302	5,35
206x907	5,58	424x434	4,12	564x302	3,61	770x253	4,67	939x443	3,89
209x114	3,34	424x824	3,38	564x579	2,26	770x287	3,13	939x564	3,46
209x302	2,60	424x907	3,44	564x953	4,12	770x302	4,35	944x114	4,85
209x424	3,43	427x302	3,87	564x978	4,59	770x443	3,17	944x253	4,37
209x628	3,90	427x441	4,41	579x124	5,08	770x824	3,27	944x302	3,41
209x907	3,63	427x603	2,81	579x285	3,38	770x944	3,61	944x920	3,81
209x919	3,91	427x628	4,29	579x436	4,22	777x253	5,39	944x939	4,27
216x114	2,31	427x919	5,05	579x824	4,80	777x285	4,75	953x114	4,64
216x302	3,06	427x978	3,69	579x907	4,86	777x443	3,76	953x216	3,62
216x424	4,08	434x302	3,77	579x920	4,62	777x824	2,46	953x253	5,38
216x628	4,15	434x564	3,52	603x302	4,07	777x944	3,66	953x285	4,25
216x907	3,69	434x628	5,21	603x424	3,94	778x253	5,25	953x824	1,51
253x124	5,10	434x634	3,67	603x564	3,94	778x302	4,45	953x939	3,08
253x302	3,01	434x919	3,92	603x634	3,58	778x443	2,95	957x124	4,55
253x603	5,30	436x114	4,26	603x919	3,34	778x564	3,65	957x253	4,93
253x824	6,82	436x302	3,86	628x124	5,24	778x919	3,00	957x824	2,40
253x907	6,33	436x634	4,06	628x436	5,23	778x944	3,43	957x907	2,90
254x302	4,03	436x919	3,20	628x603	5,44	824x216	4,61	957x920	3,84

254x441	4,64	436x920	2,81	628x824	6,02	824x285	5,38	978x253	6,16
254x603	3,30	439x302	3,13	628x978	5,58	824x564	5,44	978x302	4,96
254x628	4,13	439x603	3,47	634x253	4,82	824x634	3,75	978x424	3,32
254x919	5,30	439x628	2,49	634x287	3,52	824x944	3,38	978x443	3,63
254x978	4,01	439x700	3,61	634x302	4,95	839x124	4,05	978x919	1,99
285x114	4,03	439x824	4,74	634x939	3,76	839x253	4,40	9x114	3,72
285x628	3,95	439x907	3,94	634x944	4,08	839x302	3,82	9x216	2,83
285x907	5,16	441x114	4,89	643x253	4,59	839x824	2,64	9x253	4,65
285x919	5,40	441x253	5,14	643x287	3,36	839x907	2,92	9x302	4,01
285x920	3,62	441x302	4,71	643x302	4,51	839x920	3,27	9x824	2,38
285x957	4,42	441x824	2,80	643x436	3,55	907x564	4,59	9x907	2,40
287x302	4,27	441x907	3,54	643x443	3,35	907x919	2,78	--	--
287x603	2,67	441x920	3,94	643x824	3,33	907x944	4,14	--	--

d_{ii} '= dissimilaridade entre o genótipo i e o genótipo i' ; nos casos em que os cruzamentos eram determinados entre genótipos iguais, o mesmo foi representado apenas uma vez.

Anexo II

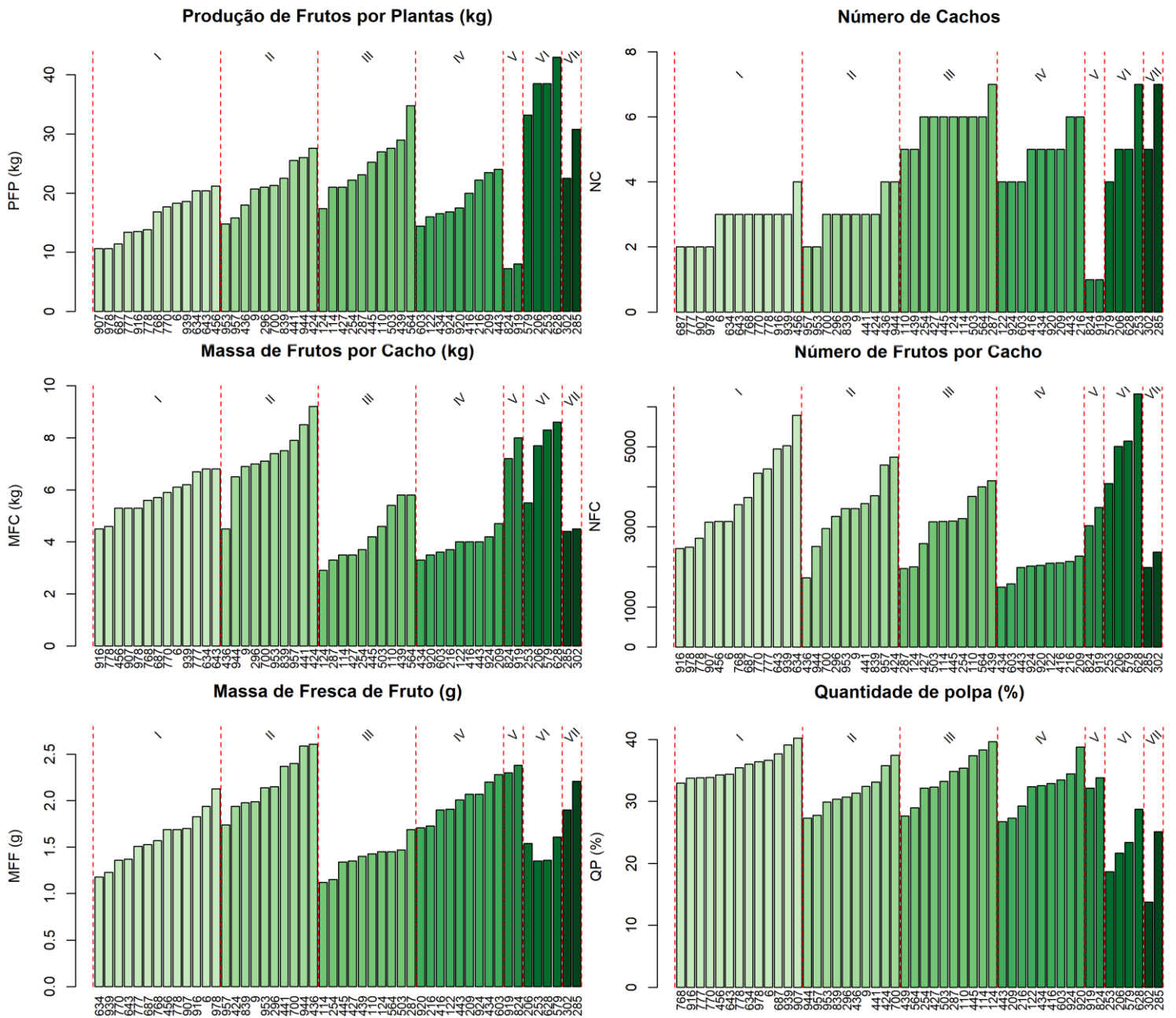


Figura 6 – Gráfico de barra para as médias individuais para os 50 genótipos selecionados em separadas por cada grupo para as variáveis seletivas. I= grupo 1, II grupo 2, III= grupo 3, IV= grupo 4, V= grupo5, VI = grupo 6, VII= grupo7.