

Análise de trilha e diversidade genética de  
*Euterpe edulis* Martius para caracteres vegetativos e de frutosPath analysis and genetic diversity of  
*Euterpe edulis* Martius for vegetative and fruit traitsWagner Bastos dos Santos Oliveira<sup>1</sup>, Adésio Ferreira<sup>2</sup>, José Henrique Soler Guilhen<sup>3</sup>,  
Tiago de Souza Marçal<sup>3</sup>, Marcia Flores da Silva Ferreira<sup>2</sup> e João Felipe de Brites Senra<sup>4</sup>**Resumo**

A *Euterpe edulis* Martius (juçara) é uma espécie em risco de extinção causado pela exploração indiscriminada do palmito que produz. E com a fragmentação das populações naturais de *E. edulis* (juçara), pode estar ocorrendo aumento da variabilidade genética interpopulacional devido à redução no tamanho das populações e aumento do cruzamento entre indivíduos aparentados. Por isso, objetivou-se quantificar a diversidade genética interpopulacional de juçara baseada em caracteres relacionados à produção de frutos como forma de gerar informações a serem utilizadas em programas de melhoramento da espécie. O experimento foi realizado em 20 fragmentos florestais da região Sul e Caparaó do Espírito Santo. Foram avaliadas dez caracteres nas plantas, os quais foram analisados via modelos mistos pelo procedimento RELM/BLUP para predição dos valores genéticos. De posse das correlações genéticas foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade e aplicadas técnicas de análise de trilha, análise de correspondência e componentes principais para verificar as relações e inter-relações entre os caracteres e a diversidade genética entre as populações. Observou-se que as populações GU3, AL4, JM1, MI1 e MQ1 oriundas de municípios diferentes são as que apresentam maiores divergências genéticas interpopulacionais entre as 20 populações estudadas.

**Palavras-chave:** Juçara, Melhoramento genético. Variabilidade genética.

**Abstract**

*Euterpe edulis* (juçara) is a species in risk of extinction caused by its indiscriminate exploration. With the fragmentation of *E. edulis* natural populations, an increase on inter-population genetic variability may be occurring due to the reduction on the population size and an increase of mating of related individuals. For this reason, the objective of this work was to quantify the inter-population genetic diversity of juçara based on characters related to fruit production as a way to generate information to be used in the improvement programs of the species. The experiment was carried out in 20 forestry fragments in the South region and in Caparaó in the state of Espírito Santo. Ten characters were evaluated on the plants, which were analyzed by mixed models with the procedure RELM/BLUP for genetic value prediction. With the genetic correlations, the multi-co-linearity diagnosis was carried out and techniques for the path analysis, correspondence analysis and principal component analysis were applied to verify the relations and interrelations among the characters and the genetic diversity among populations. It was found that the populations GU3, AL4, JM1, MI1 and MQ1 derived from different municipalities are the ones which present higher inter-population genetic divergence among the 20 studied populations.

**Keywords:** Juçara, Genetic improvement, Genetic variability.

**INTRODUÇÃO**

No final do século XV, a Mata Atlântica estendia-se ao longo de toda costa Atlântica do país, cobrindo aproximadamente 15% do território

brasileiro, cerca de 1.300.000 Km<sup>2</sup>. Atualmente, restam apenas 7,9% de cobertura original da Mata Atlântica, ou seja, 102.012 Km<sup>2</sup> (ROBERTI; RANCURA, 2010).

<sup>1</sup>Mestre em Produção Vegetal. UFES - Universidade Federal do Espírito Santo / Departamento de Produção Vegetal, Campus Alegre, 29500-000, Alegre, ES. E-mail: wobastos@yahoo.com.br; joaofelipeagronomo@gmail.com.

<sup>2</sup>Doutor(a) Professor (a) Adjunto. UFES - Universidade Federal do Espírito Santo / Departamento de Produção Vegetal, Campus Alegre, 29500-000, Alegre, ES. E-mail: adesioferreira@gmail.com; mfloressf@gmail.com.

<sup>3</sup>Graduando em Agronomia. UFES - Universidade Federal do Espírito Santo / Departamento de Produção Vegetal, Campus Alegre, 29500-000, Alegre, ES. E-mail: jhguilhen@gmail.com; tiagosmaragronomia@gmail.com.

<sup>4</sup>Doutor em Genética e Melhoramento. UFES - Universidade Federal do Espírito Santo / Departamento de Produção Vegetal. Campus Alegre - 29500-000 - Alegre, ES. E-mail: joaofelipeagronomo@gmail.com

O bioma Mata Atlântica assume grande importância ecológica por apresentar elevada riqueza e diversidade de espécies da flora e da fauna (ROCHELLE et al., 2011). No estado do Espírito Santo restam apenas 11% dessa cobertura natural e a maior parcela da vegetação é secundária, tendo sido alterada pela ação do fogo, extração de madeiras nobres e desmatamento. Poucas áreas em locais de mais difícil acesso foram poupadas dessas transformações.

A Serra do Caparaó é uma das áreas, localizada na divisa dos estados do Espírito Santo e Minas Gerais, onde se encontram as terras de maiores altitudes da região sudeste do Brasil. Na Serra do Caparaó, o relevo é fortemente ondulado, com altitudes variando de 997 até 2.890 m no seu ponto culminante, o Pico da Bandeira, o terceiro pico mais alto do país (DRUMOND, 2009). A cobertura natural no conjunto dos municípios da região do Caparaó Capixaba alcançaram 11%, o que coincide com a média do estado, destacando-se os municípios de Divino de São Lourenço, Ibitirama, Dolores do Rio Preto e Muniz Freire como os de maior cobertura florestal com essências nativas (PEDEAG, 2009).

Outra região de extrema importância no Espírito Santo é a região Sul composta por 17 municípios. Juntos a cobertura natural da região é de 13%, com destaque para os municípios fronteiriços às regiões do Caparaó e Serrana como os de maior cobertura. Dentro dessa diversidade da flora nativa no Caparaó e Sul Capixaba, uma espécie de planta importante é a *Euterpe edulis* (juçara), uma palmeira nativa da Mata Atlântica produtora de palmito e que produz grande quantidade de frutos (FADINI et al., 2009).

*Euterpe edulis* (juçara) pode ser considerada uma espécie-chave da Mata Atlântica, pois seus frutos ficam maduros em uma época de escassez geral de alimentos na floresta, e, portanto, são consumidos por grande número de aves e mamíferos (REIS; KAGEYAMA, 2000, GENINI et al., 2009).

Atualmente, as populações de *Euterpe edulis* vem sofrendo grandes reduções no seu tamanho com o processo de fragmentação das florestas, além de ter sua regeneração natural drasticamente reduzida pela intensa exploração em virtude do alto valor alimentício e comercial do palmito que produz (LIMA et al., 2008, SHIMIZU et al., 2011).

Devido ao fato de *Euterpe edulis* necessitar de seis a nove anos para produzir sementes, a retirada do palmito em plantas jovens que nunca

floresceram ou frutificaram, impede que a árvore complete seu ciclo reprodutivo, provocando, assim, o seu desaparecimento da floresta (SEONE, 2007).

Por esses motivos, a espécie encontra-se extinta em várias áreas de ocorrência natural e está na Lista da Flora Ameaçada do Espírito Santo e também na Lista Brasileira das Espécies Ameaçadas de Extinção (BRASIL, 2008, BRANCALION et al., 2012, SGROTT et al., 2012).

Com a destruição do seu habitat e a consequente fragmentação das suas populações naturais, é possível que esteja ocorrendo uma diminuição da variabilidade genética inter e intrapopulacional e a redução na capacidade de adaptação às mudanças ambientais, devido ao aumento do cruzamento entre indivíduos aparentados, gerando endogamia (YOUNG et al. 1996; YOUNG; BOYLE, 2000).

A endogamia altera a frequência de certos alelos em relação ao total da população (BORÉM; MIRANDA, 2013), daí a importância de quantificar os níveis de variabilidade dentro das populações e caracterizarem o nível de estruturação genética entre e dentro destas populações (HAMRICK, 1983, BIERNASKI et al., 2012).

Nesse contexto, o presente estudo visa gerar informações sobre a diversidade genética de espécies vegetais arbóreas presentes em fragmentos florestais da região do Caparaó e Sul Capixaba. O objetivo é quantificar a diversidade genética interpopulacional de *E. edulis* baseada na relação entre caracteres relacionados à produção de frutos *Euterpe edulis* como forma de gerar informações que possam ser utilizadas em programas de melhoramento da espécie.

## MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido no período de Agosto de 2012 a Outubro de 2013, nas regiões Caparaó e Sul do Espírito Santo em seis municípios onde foram identificados 20 fragmentos florestais (Tabela 1).

Nos diferentes fragmentos, foram amostrados dez indivíduos de *E. edulis* aleatoriamente que possuíam pelo menos um cacho com cerca de 100 frutos maduros para serem colhidos. Entretanto, no estrato Guaçuí 4 foram avaliados oito genótipos, dando um total de 198 plantas.

As variáveis analisadas foram: massa de cem frutos (MCF) e massa de cem sementes (MCS) em gramas; rendimento em polpa (RP) em porcentagem; diâmetro do caule a 1,5 m do solo

(D1,5), diâmetro do caule a 1,0 m do solo (D1,0) e diâmetro do caule a 0,5 m do solo (D0,5) em milímetros; número de cachos (NC); comprimento do cacho (CC) em centímetros; número de ráquias (NR); e altura até o cacho (AC) em metros.

Os dados obtidos foram analisados utilizando o modelo misto número 20 do programa Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2002). Esse modelo permite obter as médias corrigidas para o efeito genotípico.

O modelo aditivo univariado utilizado no estudo pode ser escrito na forma matricial como em [1] e sua solução pode ser obtida pelas equações apresentadas em [2] (RESENDE, 2002). A solução para os efeitos de  $\hat{r}$  e  $\hat{g}$  apresentada em [2] depende das estimativas dos componentes de variância do erro ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) [3] e do ambiente permanente ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) [4], que normalmente são desconhecidas.

Segundo Resende (2002), o método de máxima verossimilhança restrita (REML) é o mais indicado para estimativa de componentes de variância em estudos genéticos, pois, ao contrário do procedimento de máxima verossimilhança (ML), o método REML corrige o viés gerado pela perda de graus de liberdade. Além disso, as estimativas dos componentes de variância são sempre positivas.

O procedimento REML envolve processo iterativo, sendo o algoritmo do tipo EM ("Expectation Maximization") de Dempster et al. (1977) o utilizado no programa Selegen. Esse algoritmo

possui como vantagem a precisão nas estimativas dos componentes de variância (RESENDE, 2002).

Em [3] e [4] são mostrados os estimadores iterativos para a variância do erro e genotípica respectivamente, sendo que a estimativa da variância genotípica necessita de  $C^{22}$  [5] que é a submatriz da inversa generalizada da matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos. Em seguida são apresentadas as estruturas de média e variâncias mostradas em [6], [7] e [8] (RESENDE, 2002).

$$y = Xr + Zg + \varepsilon \quad [1]$$

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_e^2 \\ \hat{\sigma}_g^2 \end{pmatrix} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad [2]$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'y - \hat{r}'X'y - \hat{g}'Z'y}{N - p(X)} \quad [3]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{\tilde{g}'\tilde{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})}{S} \quad [4]$$

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \begin{pmatrix} \hat{\sigma}_e^2 \\ \hat{\sigma}_g^2 \end{pmatrix} \end{bmatrix}^{-1} = C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} \quad [5]$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad [6]$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} y \\ g \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ G'Z & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix} \quad [7]$$

**Tabela 1.** Localização dos fragmentos florestais na região Sul e Caparaó do Espírito Santo.

**Table 1.** Location of forest fragments in the region South and Caparaó of Espírito Santo.

Região	Município	Fragmento	Latitude	Longitude	Altitude (m)
Caparaó	*Alegre	1	20°42'47.38"S	41°35'31.52"O	625
	Alegre	2	20°52'23.51"S	41°27'57.53"O	714
	Alegre	3	20°52'40.17"S	41°28'30.88"O	693
	Alegre	4	20°52'2.07"S	41°28'4.89"O	707
	Alegre	5	20°53'11.62"S	41°27'41.51"O	861
	Alegre	6	20°49'47.93"S	41°37'5.02"O	800
	Alegre	7	20°48'46.35"S	41°36'43.92"O	650
	Alegre	8	20°48'18.52"S	41°36'20.82"O	770
	Guaçuí	1	20°46'6.77"S	41°38'28.13"O	735
	Guaçuí	2	20°49'27.61"S	41°37'7.80"O	779
	Guaçuí	3	20°50'3.30"S	41°36'41.00"O	815
	Guaçuí	4	20°48'28.68"S	41°38'36.10"O	601
	Ibitirama	1	20°34'47.03"S	41°38'33.82"O	736
	Ibitirama	2	20°32'3.37"S	41°39'22.04"O	747
Ibitirama	3	20°33'36.53"S	41°38'28.83"O	793	
Sul	Jerônimo Monteiro	1	20°52'54.30"S	41°27'19.50"O	810
	Mimoso do Sul	1	21°1'27.26"S	41°16'48.54"O	365
	Mimoso do Sul	2	20°53'34.63"S	41°29'4.10"O	768
	Mimoso do Sul	3	20°54'32.45"S	41°27'36.60"O	680
	Muqui	1	20°59'9.77"S	41°17'8.76"O	404

\*Símbolo dos fragmentos: Alegre (AL), Guaçuí (GU), Ibitirama (IB), Jerônimo Monteiro (JE), Mimoso do Sul (MI) e Muqui (MU).

$$\begin{aligned} G &= I\sigma_g^2 \\ R &= I\sigma_\varepsilon^2 \\ V &= ZGZ' + R \\ y | r, V &\sim N(Xr, V) \quad [8] \\ g | G, \sigma_g^2 &\sim N(0, G) \\ \varepsilon | G, \sigma_\varepsilon^2 &\sim N(0, R) \end{aligned}$$

em que:

y = Vetor que possui a variável a ser analisada;

r = Vetor de efeitos de bloco assumidos como fixos e somados a média geral;

g = Vetor de efeitos genotípicos assumidos como aleatórios;

$\varepsilon$  = Vetor de erros aleatórios;

X = Matriz de incidência para os efeitos fixos;

Z = Matriz de incidência para os efeitos genotípicos;

$\sigma_\varepsilon^2$  = Estimativa da variância residual;

$\sigma_g^2$  = Estimativa da variância genotípica;

N = Número de observações;

p(X) = Posto da matriz X;

S = Número de colunas da matriz Z;

tr = Operador de traço matricial;

C = matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;

G = Matriz de variância e covariância para os efeitos genotípicos;

R = Matriz de variância e covariância residual;

V = Matriz de variância e covariância y;

I = Matriz identidade.

Após a obtenção das médias corrigidas foram estimadas as correlações genéticas entre as variáveis analisadas, utilizando-se o modelo número 102 do programa Selegen (RESENDE, 2002). Esse modelo utiliza o estimador mostrado em [9].

$$\hat{r}_g = \frac{\text{cov}(\hat{X}_g, \hat{Y}_g)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\hat{X}_g}^2 \hat{\sigma}_{\hat{Y}_g}^2}} \quad [9]$$

em que:

$\hat{r}_g$  = Estimativa da correlação genética entre a variável X e Y;

cov = Operador de covariância;

$\hat{X}_g$  = Estimativa do valor genotípico para a variável X;

$\hat{Y}_g$  = Estimativa do valor genotípico para a variável Y;

$\hat{\sigma}_{\hat{X}_g}^2$  = Estimativa da variância genética do valor genotípico estimado para a variável X;

$\hat{\sigma}_{\hat{Y}_g}^2$  = Estimativa da variância genética do valor genotípico estimado para a variável Y.

Posteriormente, as correlações genéticas serviram como base para o diagnóstico de multi-

colinearidade, no intuito de verificar se os dados atendiam à condição de multicolinearidade fraca proposta por Montgomery e Peck (1981), em que o número de condições, representado pela relação entre o maior e o menor autovalores associados à matriz de correlações genéticas entre as variáveis deve ser inferior a 100 ( $NC < 100$ ) para evitar prejuízos as análises multivariadas de trilha e de componentes principais realizadas na sequência.

O diagnóstico de multicolinearidade realizado com base nas correlações genéticas revelou um número de condições (NC) (relação entre o maior e o menor autovalor) que condiciona multicolinearidade moderada a forte (MONTGOMERY; PECK, 1981), podendo trazer prejuízos as análises multivariadas realizadas.

Verificado o problema da multicolinearidade, procedeu-se com o descarte de variáveis para que o NC se tornasse inferior a 100, atingindo assim a condição de multicolinearidade fraca (MONTGOMERY; PECK, 1981). As variáveis MCS, D1.5 e D1.0 foram as candidatas ao descarte, após sua retirada o número de condições baixou e então procedeu-se com as análises de trilha e de componentes principais.

Atendido o critério de multicolinearidade, foi realizada a análise de trilha no programa Genes (CRUZ, 2013), utilizando a matriz de correlações genéticas obtida pelo programa Selegen através do modelo 102. Esse programa utiliza um estimador de mínimos quadrados [10] para desdobrar as correlações em efeitos diretos e indiretos como mostrado em [11].

$$X'X\beta = X'y \quad [10]$$

$$\begin{bmatrix} 1 & \hat{r}_{12} & \hat{r}_{13} & \dots & \hat{r}_{1j} \\ \hat{r}_{21} & 1 & \hat{r}_{23} & \dots & \hat{r}_{2j} \\ \hat{r}_{31} & \hat{r}_{32} & 1 & \dots & \hat{r}_{3j} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{r}_{i1} & \hat{r}_{i2} & \hat{r}_{i3} & \dots & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\rho}_{01} \\ \hat{\rho}_{02} \\ \hat{\rho}_{03} \\ \vdots \\ \hat{\rho}_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{r}_{01} \\ \hat{r}_{02} \\ \hat{r}_{03} \\ \vdots \\ \hat{r}_i \end{bmatrix} \quad [11]$$

em que:

$X'X$  = Matriz de correlações genéticas entre variáveis explicativas;

$\beta$  = Coeficientes da análise de trilha;

$X'y$  = Correções genéticas da variável de efeito principal com as variáveis explicativas.

A estimação das componentes principais foi realizada no programa R (TEAM, 2013) resolvendo o sistema mostrado em [12], utilizando-se a matriz de covariância entre médias (S) [13] (CRUZ et al., 2012) obtida através das variáveis em estudo, que tiveram suas médias corrigidas

com o efeito fenotípico permanente (genotípico + ambiente permanente).

$$|\hat{S} - \lambda I| = 0 \quad [12]$$

$$\hat{S} = \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_{11}^2 & \hat{\sigma}_{12} & \hat{\sigma}_{13} & \dots & \hat{\sigma}_{1p} \\ \hat{\sigma}_{21} & \hat{\sigma}_{22}^2 & \hat{\sigma}_{23} & \dots & \hat{\sigma}_{2p} \\ \hat{\sigma}_{31} & \hat{\sigma}_{32} & \hat{\sigma}_{33}^2 & \dots & \hat{\sigma}_{3p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \hat{\sigma}_{p1} & \hat{\sigma}_{p2} & \hat{\sigma}_{p3} & \dots & \hat{\sigma}_{pp}^2 \end{bmatrix} \quad [13]$$

em que:

$\hat{S}$  = Estimativa da matriz de variâncias e covariâncias entre médias;

$\lambda$  = Autovalores;

I = Matriz identidade;

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

$\hat{\sigma}$  = Estimativa da covariância.

Posteriormente, foi realizada a análise de correspondência no programa R (TEAM, 2013) na tentativa de verificar a existência de relação entre o tamanho dos frutos e os fragmentos florestais onde foram feitas as coletas, através de uma dispersão gráfica. Os frutos foram classificados em extragrandes (GG), grandes (G), médios (M) e pequenos (P) com base nos quartis 4º, 3º, 2º e 1º, respectivamente.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A estimativa de correlação genética foi alta entre os caracteres: MCF x MCS (0,95), D1,5 x D1,0 e D1,5 x D0,5 (0,99 e 0,97, respectivamente) (Tabela 2). Isso indica que a seleção baseada em qualquer uma das cinco caracteres poderá proporcionar alterações no outro, uma vez que esses caracteres apresentam correlação positiva em palmáceas (OLIVEIRA et al., 2000).

**Tabela 2.** Matriz de Correlação Genética das características massa de cem frutos (MCF), massa de cem sementes (MCS), rendimento em polpa (RP), diâmetro a 1,5 m do solo (D1,5), diâmetro a 1,0 m do solo (D1,0), diâmetro a 0,5 m do solo (D0,5), número de cachos (NC), comprimento do cacho (CC), número de ráquilas (NR) e altura até o cacho (AC) de 20 fragmentos de *Euterpe edulis*.

**Table 2.** Genetic Correlation Matrix of the mass of one hundred fruits (MCF), weight of one hundred seeds (MCS), pulp (RP), diameter at 1.5 m height (D1.5), the 1.0 m diameter characteristics from the ground (D1.0), diameter at 0.5 m height (D0.5), number of clusters (NC), the bunch length (CC), rachilles number (NR) and height to the curl (AC) on 20 fragments of *Euterpe edulis*.

Características	MCF	MCS	RP	D1,5	D1,0	D0,5	NC	CC	NR	AC
MCF	1,00	0,95	0,03	0,38	0,40	0,36	-0,35	0,16	0,44	0,39
MCS		1,00	-0,28	0,43	0,45	0,40	-0,38	0,18	0,52	0,42
RP			1,00	-0,15	-0,14	-0,12	0,20	-0,10	-0,36	-0,21
D1,5				1,00	0,99	0,97	-0,20	0,65	0,61	-0,01
D1,0					1,00	0,99	-0,28	0,60	0,59	0,00
D0,5						1,00	-0,33	0,58	0,55	-0,04
NC							1,00	-0,02	-0,27	-0,11
CC								1,00	0,56	0,03
NR									1,00	0,56
AC										1,00

Outra associação importante é a comparação das estimativas de correlação genética entre as MCF x NR (0,44), mostrando que a correlação entre as duas são positivas. Dessa forma, quanto maior a massa de cem frutos maior o número de ráquilas.

Corroborando com Farias Neto et al. (2008), ao avaliarem um ano de produção em progênies de polinização aberta de *Euterpe oleraceae* (açaizeiro), cultivadas em sistema irrigado, encontraram estimativas de correlações genéticas semelhantes entre a produção de frutos e o número de ráquilas por cacho (0,49), podendo a seleção simultânea desses caracteres fornecer ganhos na produção de frutos de forma mais eficiente.

Quanto à relação MCF x NC (-0,35), houve uma relação inversa, ou seja, quanto maior a massa de cem frutos menor o número de cachos. Farias Neto et al. (2008) e Oliveira et al. (2000), em estudos com *Euterpe oleraceae* (açai) obtiveram estimativas positivas de correlação entre o número de cachos e a produção de frutos (0,89 e 0,86, respectivamente).

Altas e positivas associações podem ser realizadas comparando-se as estimativas de correlação genética entre NR x CC (0,56) e NR x AC (0,56). O cacho é dividido em raque (central) e diversas extensões saindo do eixo principal chamada ráquilas (SOARES et al., 2013). Logo, quanto maior a ráquila maior o comprimento do cacho.

Na análise de trilha das estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos seis caracteres relacionados à MCF, observa-se que o caractere que mais afeta este componente é NR, com efeitos diretos positivos e de magnitude razoável quando comparada aos efeitos das demais (Tabela 3). Como consequência deste maior efeito direto, ela deve ser considerada em avaliações da espécie, pois pode promover consideráveis ganhos genéticos indiretos para a massa de cem frutos.

**Tabela 3.** Estimativa de efeitos diretos e indiretos das variáveis dependentes rendimento em polpa (RP) em porcentagem, diâmetro a 0,5 m do solo (D0,5) em centímetros, número de cachos (NC), comprimento do cacho (CC) em centímetros, número de ráquias (NR) e altura até o cacho (AC) em metros, sobre a variável principal massa de cem frutos (MCF) através da análise de trilha baseada nas correlações genéticas obtidas de 20 fragmentos de *Euterpe edulis*.

**Table 3.** Estimation of direct and indirect effects of the dependent variables yield pulp (RP) in percentage, diameter at 0.5 m height (D0.5) in centimeters, number of clusters (NC), the bunch length (CC) in centimeters, number of rachilles (NR) and height to the curl (AC) in meters, above the main mass of a hundred fruits variable (MCF) through genetic correlations based on 20 fragments of *Euterpe edulis* path analysis.

EFEITOS	RP	D0,5	CC	NC	NR	AC
EFEITO direto sobre MCF	0,196	0,086	-0,303	-0,226	0,580	-0,288
EFEITO indireto via RP	---	-0,024	-0,019	0,039	-0,071	-0,046
EFEITO indireto via D0,5	-0,011	---	0,049	-0,028	0,047	-0,024
EFEITO Indireto via CC	0,029	-0,174	---	0,008	-0,169	0,104
EFEITO Indireto via NC	-0,045	0,074	0,006	---	0,060	0,006
EFEITO Indireto via NR	-0,211	0,318	0,323	-0,154	---	0,019
EFEITO Indireto via AC	0,067	0,080	0,099	0,008	-0,010	---

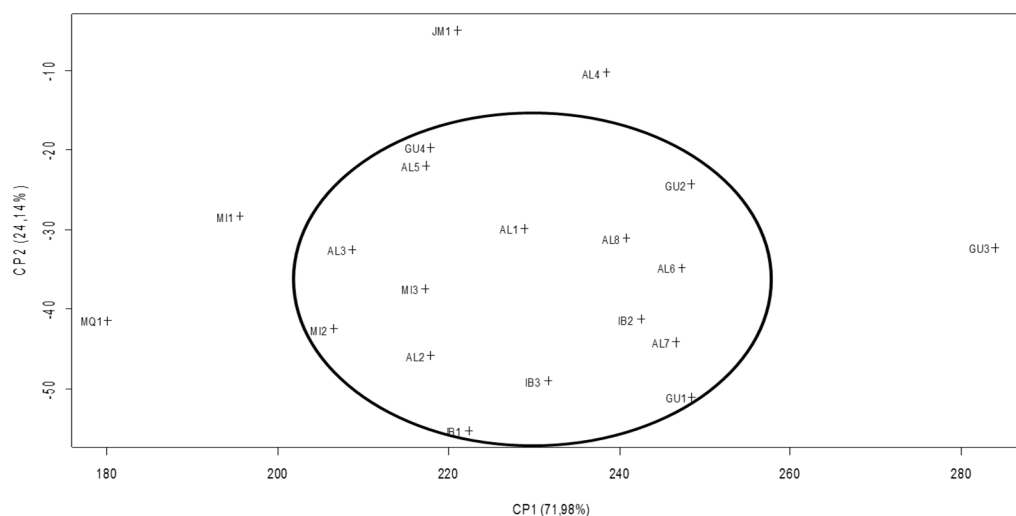
O caráter NR é a principal determinante na variação da massa de cem frutos, e a seleção direta poderá ser eficaz, dependendo de suas estimativas da herdabilidade. Teixeira et al. (2012), avaliando *Euterpe oleraceae* (açai), o número de cachos colhidos e o peso de frutos por cacho foram os caracteres mais influentes, com efeitos diretos semelhantes e coeficientes de caminhamento superiores a correlação com a produção de frutos. Este resultado reforça a importância da variável MCF no processo seletivo para incremento da produção do *Euterpe oleraceae* (açai) (TEIXEIRA et al., 2012).

Os efeitos indiretos causados pela NR foram marcantes para a maioria dos caracteres avaliados, em especial sobre CC (Tabela 3). Este não é o primeiro estudo a verificar a influência do número de ráquias do cacho sobre a produção de frutos em palmeiras. Teixeira et al. (2012), evidenciaram que esse é um caráter que pode aumentar o progresso genético na produção de fru-

tos, uma vez que possui elevado efeito direto em um dos principais determinantes da produção e sofre menor influência do ambiente. Farias Neto et al. (2008), também estudando açai, constataram altas estimativas da herdabilidade para esse caráter, o que reforça a pouca influência do ambiente no número de ráquias do cacho.

No estudo referente aos componentes principais, observa-se que os dois primeiros componentes principais explicaram 96,1% da variação total (Figura 1). Assim, o estudo de dispersão gráfica dos fragmentos foi realizado no plano bidimensional.

Para Cruz et al. (2012), o acúmulo de 80% da variação total já é suficiente para o estudo de diversidade. Além disso, a existência da divergência se confirma pelo acúmulo de grande parte da variação total nos primeiros componentes. A característica que mais influenciou para a discriminação das plantas no primeiro e segundo componentes principais foi MCF.



**Figura 1.** Dispersão gráfica dos escores dos dois primeiros componentes principais para 20 fragmentos florestais de *Euterpes edulis*.

**Figure 1.** Graphical Scatter scores of the first two principal components for 20 forest fragments in *Euterpes edulis*.



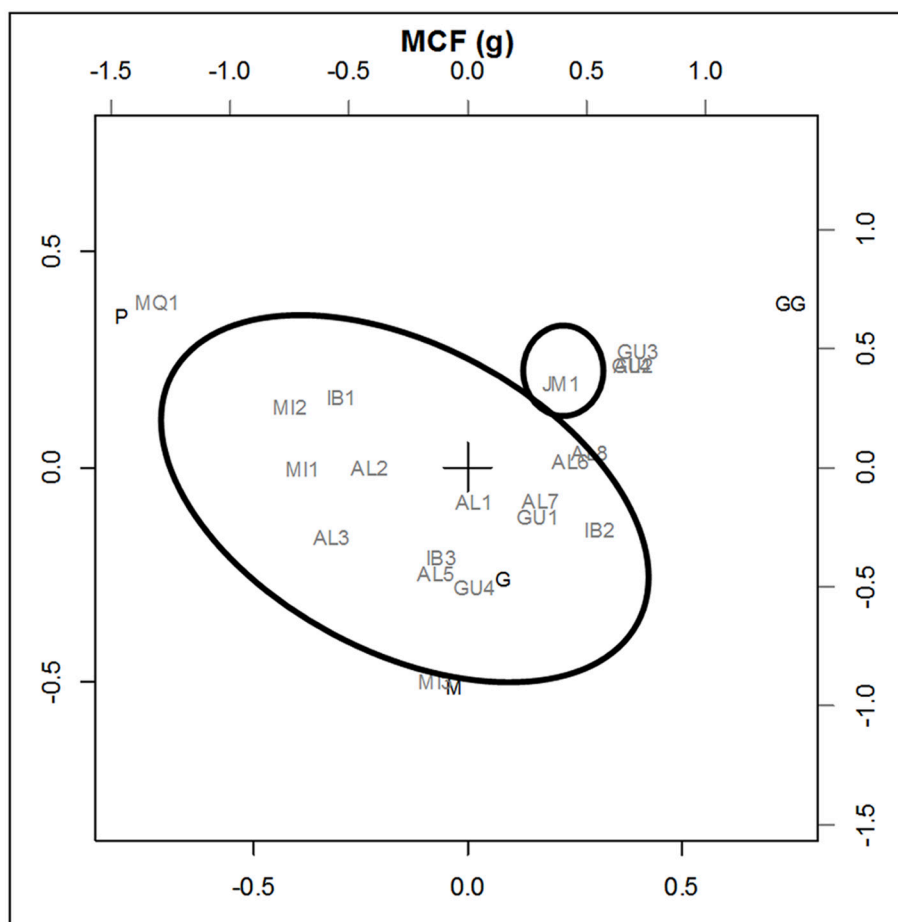
De modo geral, apesar da separação geográfica, observa-se que a maioria dos fragmentos (Alegre 1, 2, 3, 5, 6, 7 e 8, Guaçuí 1, 2 e 4, Ibitirama 1, 2 e 3 e Mimoso 2 e 3) se concentram próximos no centro da Figura 1, mostrando-se menos divergentes entre si. Esta proximidade entre os indivíduos pode acarretar uma diminuição da variabilidade genética interpoblacional, reduzindo na capacidade de adaptação às mudanças ambientais, devido ao aumento do cruzamento entre indivíduos aparentados (YOUNG et al., 1996; YOUNG; BOYLE, 2000).

Entretanto, nota-se cinco fragmentos dispersos dos outros 15 fragmentos concentrados no centro da Figura 1, que são: GU3 a direita, AL4 e JM1 na parte superior e MI1 e MQ1 a esquerda que são oriundos dos fragmentos Guaçuí 3, Alegre 4, Jerônimo 1, Mimoso 1 e Muqui 1 respectivamente. Essa dispersão dos cinco fragmentos oriundos de municípios diferentes confirma a grande divergência genética interpoblacional dos mesmos.

O estudo de análise de correspondência para a variável massa de cem frutos, considerada uma das principais entre os dez caracteres estudados,

observa-se uma concentração dos fragmentos estudados no peso considerado grande (184,14 g a 211,53 g), formando um grupo composto por 15 fragmentos oriundos de cinco municípios diferentes (Figura 2 círculo grande). Observa-se também que os fragmentos Guaçuí 2 (GU2), Guaçuí 3 (GU3) e Alegre 4 (AL4) em destaque (Figura 2 círculo pequeno), possuem indivíduos produtores de massa de cem frutos extragrandes (211,54 g a 352,24 g) o que os tornam importantes fontes de seleção para essa característica.

Vale ressaltar, que o município de Guaçuí, dos quatro fragmentos avaliados, possui dois com grande potencial para produção de frutos extragrandes, comparando com Alegre que teve oito fragmentos avaliados e apenas um ficou em destaque com frutos extragrande, isso prova o potencial dos fragmentos do município de Guaçuí em relação aos demais. A massa de cem frutos médios (163,04 a 184,14 g) parece ser uma característica única do fragmento Mimoso 3 (MI3). Outro fragmento que se isolou entre os 20 estudados é o Muqui 1 (MQ1) que tem como característica a massa de cem frutos pequenos (90,160 g a 163,035 g) (Figura 2).



**Figura 2.** Análise de correspondência entre as populações e as classificações de sementes obtidas pelos quartis de cada variável (extragrande (GG), grande (G), média (M), pequena (P)) em 20 fragmentos de *Euterpes edulis*.

**Figure 2.** Analysis of correspondence between the populations and ratings seeds obtained by quartiles of each variable (Oversized (GG), large (G), medium (M), small (P)) on 20 fragments of *Euterpes edulis*.

## CONCLUSÕES

A correlação genética entre os caracteres MCF x NR (0,44) é positiva. A característica NR é a principal determinante na variação da MCF e a seleção indireta poderá ser eficaz, dependendo de suas estimativas da herdabilidade.

Os fragmentos GU3, AL4, JM1, MI1 e MQ1 oriundos de municípios diferentes são os que apresentam maior divergência genética interpoblacional entre os 20 fragmentos estudados.

Os fragmentos GU2, GU3 e AL4 possuem indivíduos produtores de massa de cem frutos extragrandes (211,54 a 352,24 g) o que os tornam importantes fontes de seleção para utilização em programas de melhoramento genético de juçara.

## AGRADECIMENTOS

Agradecemos à Fundação de Amparo e Pesquisa do Espírito Santo-FAPES e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico-CNPq, pelo fomento financeiro.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BIERNASKI, F. A.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D. Variabilidade genética para caracteres juvenis de progênies de *Cedrela fissilis* VELL.: subsídio para definição de zonas de coleta e uso de sementes. *Revista Árvore*, Viçosa, v. 36, n. 1, p. 49-58, 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6.ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.

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*, v. 284, p. 78–85, 2012.

BRASIL. Instrução Normativa N° 6, de 23 de setembro de 2008. Lista Oficial das Espécies da Flora Brasileira Ameaçadas de Extinção. **Diário Oficial da União, Brasília**, n. 185, (Seção 1), p. 75-83. 2008.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

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

DEMPSTER, A. P.; LAIRD, N. M.; RUBIN, D. B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistic Society*, London, v. 39, n. 1, p. 1-38, 1977.

DRUMOND, M. A. **Prioridades para Investimento do Fundo para Áreas Protegidas da Mata Atlântica**. Relatório informativo do Critical Ecosystem Partnership Fund – CEPE. 2009. Disponível em: . Acesso em: 18 nov. 2013.

FADINI, R. F.; FLEURY, M.; DONATTI, C. I.; GALETTI, M. Effects of frugivore impoverishment and seed predators on the recruitment of a keystone palm. *Acta Oecologica*, Paris, v. 35, n. 2, p. 188–196, 2009.

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, v. 30, n. 4, p. 1051-1056, 2008.

GENINI, J.; GALETTI, M.; MORELLATO, L. P. C. Fruiting phenology of palms and trees in an Atlantic rainforest land-bridge island. *Flora*, Holzwiesenstr, v. 204, n. 2, p. 131–145, 2009.

HAMRICK, J. L. The distribution of genetics variation within and among natural plant populations. In: SCHONEWALD-COX, C. M.; CHAMBERS, S. M.; MACBRYDE, B.; THOMAS, W. L. (Eds.). **Genetic and conservation**. Menlo Park: Benjamin Cummings, 1983. p. 335-348.

LIMA, L. S. H.; FRANCO, E. T. H.; SCHUMACHER, M. V. Crescimento de mudas de *Euterpe edulis* Martius em resposta a diferentes doses de fósforo. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 18, n. 4, p. 461-470, 2008.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley, 1981. 504 p.

OLIVEIRA, M. S. P.; LEMOS, M. A.; SANTOS, V. F.; SANTOS, E. O. Correlação fenotípica entre caracteres vegetativos e de produção de frutos em açaizeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 22, n. 1, p. 1-5, 2000.



- ESPÍRITO SANTO (Estado). **Plano Estratégico de Desenvolvimento da Agricultura: novo PEDEAG 2007-2025**. Vitória: Secretaria de Estado da Agricultura, Abastecimento, Aquicultura e Pesca (SEAG), 2009.
- REIS, A.; KAGEYAMA, P. Y. Dispersão de sementes do palmitheiro. *Sellowia*, Itajaí, n. 49-52, p. 60-92, 2000.
- RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP** - Seleção genética computadorizada: manual do usuário. Colombo: Embrapa-CNPF, p. 67, 2002.
- ROBERTI, F. A. V. V.; RANCURA, K. G. O. **A mata atlântica como instrumento de ensino**. São Paulo: Fundação Parque Zoológico de São Paulo, 2010.
- ROCHELLE, A. L. C.; CIELO FILHO, R.; MARTINS, F. R. Tree community structure in an Atlantic forest fragment at Serra do Mar State Park, southeastern Brazil. *Biota Neotropica*, Campinas, v. 11, n. 2, p. 337-346, 2011.
- SEOANE, C. E. S. **Efeitos da fragmentação florestal sobre o sistema de reprodução e a imigração de sementes em remanescentes populacionais de *Euterpe edulis* Martius**. Colombo, 2007. (EMBRAPA Florestas, Documentos, 152).
- SGROTTI, A. F.; BOOZ, M. R.; PESCADOR, R.; HECK, T. C.; STÜRMER, S. L. Arbuscular mycorrhizal inoculation increases biomass of *euterpe edulis* and *archontophoenix alexandrae* after two years under field conditions. *Revista Brasileira de Ciências do Solo*, Viçosa, v. 36, n. 4, p. 1103-1112, 2012.
- SHIMIZU, M. M.; MELO, G. A.; SANTOS, A. B.; BOTTCHEER, A.; CESARINO, I.; ARAÚJO, P.; MOURA, J. C. M. S.; MAZZAFERA, P. Enzyme characterisation, isolation and cDNA cloning of polyphenol oxidase in the hearts of palm of three commercially important species. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 49, n. 9, p. 970-977, 2011.
- SOARES, K. P.; PIMENTA, R. S.; GUIMARÃES, C. A. Duas novas espécies de *Syagrus* Mart. (Arecaceae) para o Brasil. *Ciência Florestal*, Santa Maria, v. 23, n. 3, p. 417-426, 2013.
- TEAM, R. D. C. **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 23 nov. 2013.
- TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açazeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 34, n. 4, p. 1135-1142, 2012.
- YOUNG, A.; BOYLE, T. Forest fragmentation. In: YOUNG, A.; BOYLE, T.; BOSHIER, D. (Eds.). **Forest conservation genetics**. Melbourne: CISRO, 2000, p. 123-132.
- YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends Ecology Evolutionary*, Oxford, v. 11, n. 10, p. 413-418, 1996.

Recebido em 30/04/2014

Aceito para publicação em 18/12/2014

