

# AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE AÇAÍ (*Euterpe oleracea*) E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

João Tomé de Farias Neto<sup>1</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>2</sup>, Maria do Socorro Padilha de Oliveira<sup>1</sup>,  
Nelma Santos Amorim dos Santos<sup>3</sup>, Everton Luiz Canuto<sup>3</sup>, Oscar Lameira Nogueira<sup>1</sup>, Antônio Agostinho Muller<sup>1</sup>

(recebido: 29 de novembro de 2006; aceito: 26 de outubro de 2007)

**RESUMO:** Relata-se no presente trabalho a avaliação genotípica de progênies e indivíduos de açaí no estado do Pará para os caracteres altura (ALT), diâmetro (DIAM), número de folhas vivas (NFV), altura do primeiro cacho (AC), número de perfilhos (NP), presença de cachos (PC), comprimento do internódio (CI) e sobrevivência (SOB). Apresenta-se também estimativas de parâmetros genéticos e ambientais que permitem inferir sobre o controle genético e nível de variabilidade genética presente no material avaliado, assumindo um sistema reprodutivo misto com a ocorrência ao acaso de 12,9% de autofecundação. Foi empregada a metodologia REML/BLUP. De um modo geral, com exceção dos caracteres diâmetro e sobrevivência, todas as demais apresentaram variabilidade genética expressiva, evidenciando o grande potencial para a seleção na própria população experimental. Considerando as duas taxas de autofecundação (0% e 12,9%), as diferenças nas estimativas dos ganhos foram desprezíveis. A seleção individual apresentou maior estimativa de ganho genético para o caráter número de perfilhos relativamente ao estimado para a seleção de progênies. Usando técnicas de análise multivariada foram obtidos seis grupos divergentes, os quais podem orientar cruzamentos visando a busca de descendentes heteróticos.

Palavras-Chave: Herdabilidade, métodos de seleção, Reml/Blup, caracteres vegetativos.

## GENETIC EVALUATION OF PROGENIES OF AÇAIZEIRO (*Euterpe oleracea*) AND ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS

**ABSTRACT:** This work evaluated the genotypic of progenies and individuals of açai palm tree in the state of Pará for the following characters: height (ALT), plant diameter (DIAM), number of alive leaves (NFV), height of the first bunch (AC), number of tillers (NP), presence of bunches (PC), length of internode (CI) and survival of the plant (SOB). It also estimates of genetic and ambient parameters that allow to infer the genetic control and level of current genetic variability in the evaluated material, assuming a mixed mating reproductive system with the occurrence the rate of 12,9% of self-fertilization. Methodology REML/BLUP was used. In a general way with exception of the characters plant diameter and survival, all of it had presented excessively expressive genetic variability, evidencing the great potential for the selection in the proper experimental population. Considering the two rates of self-fertilization (0% and 12,9%) the differences in the estimates of the gain they had been worthless. The individual selection relatively presented estimate greater of genetic gain for the character number of tillers relatively for the selection of progenies. Using techniques of multivariate analysis six divergent groups had been gotten, which can guide crossings aiming at the search of heterotics descendants. The majority of the progenies was placed in a unique genetic group.

Key words: Heritability, selection methods, Reml/Blup, growth traits.

### 1 INTRODUÇÃO

Os principais produtos do açaizeiro (*Euterpe oleracea*), explorados pelos habitantes da Amazônia, são o fruto e o palmito. Do primeiro é obtido o suco denominado de açaí, por meio da maceração manual ou mecânica da polpa do fruto que é comercializada no mercado local e nacional “in natura” e congelada para a fabricação de sorvetes, picolés, como bebida energética, em academias de ginástica, e como complemento e/ou substituto das principais refeições das populações ribeirinhas (OLIVEIRA

et al., 2002), sendo esse, o principal motivo do plantio do açaizeiro em larga escala, atualmente tanto em áreas de várzea quanto em terra firme.

Para Calzavara (1988) a principal característica da espécie é formar agrupamentos de estipes (perfilhamento) denominados touceira. Os estipes são eretos, com cerosidade e atingem 10 a 15 cm de diâmetro, 10 a 30 metros de altura, quando em intensa fase reprodutiva. Através do perfilhamento, o açaizeiro reproduz indivíduos idênticos ao indivíduo original e, por conseguinte, com o mesmo genótipo. Para Ohashi & Kageyama (2004) nos trabalhos

<sup>1</sup>Pesquisadores da Embrapa Amazônia Oriental – Travessa Dr. Enéas Pinheiro, s/n – Cx. P. 48 – 66095-100 – Belém, PA – tome@cpatu.embrapa.br, spadilha@cpatu.embrapa.br, oscar@cpatu.embrapa.br, amuller@cpatu.embrapa.br

<sup>2</sup>Embrapa Florestas – Estrada da Ribeira, km 11 – Cx. P. 319 – 83411-000 – Colombo, PR – marcos.deon@gmail.com

<sup>3</sup>Engenheiro Agrônomo, bolsista do CNPq – Embrapa Amazônia Oriental – Travessa Dr. Enéas Pinheiro, s/n – Cx. P. 48 – 66095-100 – Belém, PA – egalvão@amazonline.com.br

de melhoramento da cultura a capacidade de perfilhamento deve ser levada em consideração, por possibilitar aumento de produtividade de frutos e a exploração contínua das touceiras. Também, segundo esses autores, é necessário intensificar as pesquisas para conhecer melhor o significado ecológico e genético do perfilhamento.

O programa de melhoramento genético do açaizeiro na Embrapa Amazônia Oriental é recente e os métodos de seleção empregados têm sido a seleção fenotípica individual ou seleção massal e a seleção com teste de progênies. A seleção fenotípica é o processo mais simples e consiste na escolha dos melhores indivíduos com base nos caracteres de produção de frutos, perfilhamento, precocidade de produção e estado fitossanitário das plantas (FARIAS NETO et al., 2005). A seleção com base em testes de progênies de polinização livre é sempre mais eficiente e tem sido empregada no melhoramento por cumprir tanto com os objetivos de seleção e melhoria genética, quanto com o estudo dos parâmetros genéticos (KAGEYAMA, 1983).

Resende (2002) ressalta o fato de que as espécies vegetais perenes apresentam aspectos biológicos peculiares como: sobreposição de gerações, longo ciclo reprodutivo, reprodução sexuada e assexuada, expressão das características ao longo das várias idades. Ainda segundo Resende (2002), existem vários fatores adicionais que devem ser levados em consideração no melhoramento das espécies perenes: i) a utilização dos indivíduos selecionados para produção durante vários anos, fato que demanda rigor e precisão nos métodos de seleção; ii) uso de avaliações repetidas em cada indivíduo ao longo do tempo; iii) seleção envolvendo comparações de indivíduos de diferentes gerações, portanto, avaliados em diferentes condições ambientais, fato que requer o uso de métodos de avaliação genética mais refinados; iv) seleção também para os efeitos não-aditivos dos alelos; v) relevância da unidade de seleção de indivíduo, em detrimento da unidade de seleção média de grupos de indivíduos, fato que demanda a predição dos valores genéticos (aditivos e não-aditivos) individuais para fins de seleção; vi) redução na taxa de sobrevivência das plantas, nos experimentos ao longo das idades, fato que, associado à sobreposição de gerações, tende a gerar dados desbalanceados para uso na estimação de parâmetros genéticos e na predição dos valores genéticos individuais.

Face ao exposto, objetivou-se nesse trabalho a avaliação genotípica de progênies e indivíduos de açaizeiro e estimação de parâmetros genéticos, para sete caracteres, empregando a metodologia REML/BLUP, considerando o sistema reprodutivo como misto.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram estabelecidos em março de 2003, na base experimental do município de Tomé-Açu, PA, 2 experimentos em látice 5 x 5, com duas repetições e 5 plantas por parcela. Cada experimento avaliou 25 progênies de polinização aberta, perfazendo 50 progênies. Os experimentos foram avaliados em março de 2006 (3 anos), ao nível de indivíduos para os caracteres altura da planta (ALT), diâmetro da planta à altura do colo (DIAM), número de folhas vivas (NFV), altura do primeiro cacho (AC), número de perfilhos (NP), presença de cachos (PC) e sobrevivência (SOB). Os dados de NFV e NP foram transformados para  $\sqrt{x+0,5}$ , enquanto PC e SOB para arcosin da raiz quadrada da proporção ( $\arcsin(x/100)$ )<sup>1/2</sup>.

Na análise, foi empregada a metodologia de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP), em delineamento em blocos incompletos, desbalanceado. Isso permitiu o ajuste para os gradientes ambientais de blocos e também a recuperação de informação genética interblocos incompletos, propiciando eficiente estimação de parâmetros e seleção a nível de indivíduos. Os efeitos de blocos foram considerados como aleatórios visando propiciar a recuperação de informação genética interblocos.

Os parâmetros genéticos foram estimados via REML e os valores genotípicos ou médias genotípicas ajustadas de progênies, bem como os valores genéticos aditivos e genotípicos individuais foram estimados pelo procedimento BLUP, por meio do software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002).

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação genética (RESENDE, 2002):

$$y = Xm + Za + Wp + Tb + e,$$

em que:

y, m, a, p, b, e = vetores de dados, de efeitos da média geral (fixo), de efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios), de efeitos de blocos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

X, Z, W, T = matrizes de incidência para m, a, p e b, respectivamente.

Associados a esse modelo tem-se as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

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

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A \sigma_a^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I \sigma_c^2)$$

$$b|\sigma_b^2 \sim N(0, I \sigma_b^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$$

As covariâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xm \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & TB & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 & 0 \\ BT' & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = A \sigma_a^2$$

$$C = I \sigma_c^2$$

$$B = I \sigma_b^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + T' I \sigma_b^2 T + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + TBT' + R.$$

As equações de modelo misto para a predição BLUP dos valores genéticos individuais equivalem a

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{c^2}$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - c^2 - b^2}{b^2}$$

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$  : herdabilidade individual no sentido restrito.

$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2)$  : correlação devida ao ambiente comum da parcela.

$b^2 = \sigma_b^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2)$  : correlação devida ao ambiente comum do bloco dentro de repetição.

$\sigma_a^2$  : variância genética aditiva.

$\sigma_c^2$  : variância entre parcelas.

$\sigma_b^2$  : variância entre blocos.

$\sigma_e^2$  : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva).

A: matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM equivalem a

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y - \hat{c}' W'y - \hat{b}' T'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s, \text{ em que:}$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}' \hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{44}] / \eta, \text{ em que:}$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr : operador traço matricial.

r(x) : posto da matriz X.

N, q, s, h : número total de dados, de indivíduos, de parcelas e de blocos, respectivamente.

Como as progênies são de polinização aberta, alguma taxa de autofecundação pode ter ocorrido durante a polinização. De fato, Souza (2002) determinou uma taxa de autofecundação de 12,9% para o açaizeiro em condições naturais. Assim, na estimação de parâmetros genéticos e predição dos valores genéticos considerou-se alternativamente as taxas de autofecundação de 0% e 12,9%. A metodologia, para avaliação genética sob sistema reprodutivo misto, baseou-se no procedimento proposto por Resende et al. (1995) e usado por Vencovsky et al. (2001).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verifica-se que os caracteres diâmetro e sobrevivência apresentaram herdabilidade igual a zero pois não apresentaram variabilidade genética, com coeficientes de variação genética entre progênies praticamente nulos. Para sobrevivência, isso é reflexo da alta taxa de sobrevivência (96,6%) verificada nos experimentos (Tabela 1). Para o caráter número de folhas vivas existem excelentes possibilidades para a seleção nessa população experimental híbrida, pois o mesmo apresentou herdabilidade individual igual a 24,73%, herdabilidade de médias de progênies igual a 39,72% e acurácia na seleção de progênies igual a 63%. Para altura da planta a herdabilidade foi menor mas, mesmo assim, existem possibilidades de seleção individual (Tabela 1).

Para presença de cachos constatou-se que apenas 47,1% da população experimental apresentou cachos nessa idade (Tabela 2). A herdabilidade individual no sentido restrito foi baixa (3,73%) mostrando que a seleção para esse caráter, nessa idade, será pouco efetiva. Já o caráter altura de cachos apresentou alta herdabilidade (44,63%), revelando excelentes possibilidades para a seleção com

herdabilidade de médias de progênies igual a 59,71% e acurácia na seleção de progênies igual a 77,3%. Os comentários se estendem ainda ao caráter número de perfilhos, com herdabilidade individual igual a 39,38%, herdabilidade de médias de progênies igual a 54,18% e acurácia na seleção de progênies igual a 73,6%. (Tabela 2).

A consideração do sistema reprodutivo como misto (taxa de autofecundação igual a 12,9%) conduziu a ligeiro decréscimo nas herdabilidades estimadas. Por exemplo, para altura da planta a herdabilidade individual reduziu de 11,55% para 9,38%. Para o caráter número de perfilhos reduziu de 39,38% para 30,97%. Isso conduz a pequenas diferenças na seleção e nas estimativas de ganho genético. Para o caráter NP, com a seleção dos 20 melhores indivíduos o ganho genético foi de 0,515 perfilhos (24,88%) para  $S = 0\%$  (Tabela 4) e 0,465 (22,5%) para o caso de  $S = 12,9\%$ . Essa diferença na estimativa de ganhos é desprezível. Geralmente, as espécies são consideradas como alógamas quando apresentam até 10% de autofecundação. O valor 12,9% está muito próximo desse limite, fato que explica as pequenas diferenças observadas.

As estimativas dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela foram entre 7% e 9%, para todos os caracteres (exceto para AC e SOB, cujos valores foram próximos de zero), revelando que pequena variação ambiental permaneceu dentro dos blocos. As estimativas do coeficiente de determinação dos efeitos de bloco foram altas (entre 12% e 19%) para os caracteres altura, diâmetro, comprimento do internódio e altura de cachos, revelando que o delineamento em látice foi importante para esses caracteres. Ajustes para todas essas variações entre parcelas e entre blocos foram realizados pelo procedimento REML/BLUP, o qual forneceu os valores genéticos livres de todos esses efeitos.

Apresentam-se na Tabela 3 os valores genotípicos das 10 melhores progênies para o caráter NP. Esse caráter foi escolhido pela sua importância para a produção de frutos e de palmito. Verifica-se que ganhos consideráveis podem ser obtidos com a seleção de progênies. Ganhos genéticos de 13,73% podem ser obtidos com a seleção das cinco melhores progênies.

**Tabela 1** – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura (ALT), diâmetro (DIAM), número de folhas vivas (NFV), comprimento do internódio (CI) e sobrevivência (SOB) em açazeiro, considerando taxa de autofecundação (S) iguais a 0% e 12,9%. Belém, PA. 2006.

**Table 1** – Estimates of genetic and phenotypic parameters for the characters height (ALT), diameter of plant (DIAM), number of alive leaves (NFV), length of internode (CI) and survival (SOB) in açai palm tree, considering equal tax of self-fertilization (s) 0% and 12,9%. Belém, Pará. 2006.

Parâmetro	ALT	DIAM	NFV	CI	SOB
Variância genética aditiva individual	0,078	0,078	0,464	2,468	0,0002
Variância entre parcelas	0,059	0,907	0,122	0,683	0,0001
Variância entre blocos	0,090	1,992	0,100	1,461	0,0002
Variância residual	0,448	7,341	1,190	3,497	0,032
Variância fenotípica	0,676	10,32	1,876	8,110	0,033
Herdabilidade aditiva individual (%) para $S = 0\%$	11,55	0,76	24,73	30,44	0,62
Herdabilidade aditiva individual (%) para $S = 12,9\%$	9,38	-	19,47	23,85	-
Coefficiente de determinação de parcelas (%)	8,7	8,8	6,5	8,4	0,2
Coefficiente de determinação de blocos (%)	13,4	19,3	5,3	18,0	0,7
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	7,39	1,641	7,200	10,43	1,476
Coefficiente de variação genotípica progênie (%)	3,695	0,820	3,60	5,215	0,738
Coefficiente de variação experimental (%)	10,59	9,050	6,927	8,789	8,402
Herdabilidade da média de progênie ajustada (%)	27,8	-	39,72	53,58	-
Herdabilidade dentro de progênie (%) para $S = 0\%$	11,55	0,80	22,63	34,62	0,47
Acurácia na seleção de progênie	52,7	-	63,0	73,2	-
Média Geral	3,782	17,07	9,46	15,06	96,6

**Tabela 2** – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura do primeiro cacho (AC), número de perfilhos (NP) e presença de cachos (PC) em açaizeiro, considerando taxa de autofecundação (S) iguais a 0% e 12,9%. Belém, PA. 2006.

*Table 2* – Estimates of genetic and phenotypic parameters for the characters height of the first bunch (AC), number of tillers (NP) and presence of bunches (PC) in açai palm tree, considering equal tax of self-fertilization (s) 0% and, 12,9%. Belém, Pará. 2006.

Parâmetro	AC	NP	PC
Variância genética aditiva individual	0,0675	0,4709	0,0093
Variância entre parcelas	0,0024	0,0814	0,0230
Variância entre blocos	0,0181	0,0008	0,0095
Variância residual	0,063	0,643	0,208
Variância fenotípica	0,151	1,196	0,250
Herdabilidade aditiva individual (%) pra S = 0%	44,63	39,38	3,73
Herdabilidade aditiva individual (%) para S = 12,9%	34,74	30,97	3,70
Coefficiente de determinação de parcelas (%)	1,6	6,8	9,2
Coefficiente de determinação de blocos (%)	11,9	0,07	3,8
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	13,90	33,190	20,511
Coefficiente de variação genotípica progênie (%)	6,952	16,595	10,255
Coefficiente de variação experimental (%)	8,494	25,619	54,613
Herdabilidade da média de progênie ajustada (%)	59,71	54,18	9,76
Herdabilidade dentro de progênie (%)	44,45	35,47	3,25
Acurácia na seleção de progênie	77,3	73,6	31,2
Média Geral	1,87	2,06	47,1

**Tabela 3** – Valores genotípicos ou médias genotípicas e ganho genético com a seleção de progênie de açaizeiro para o caráter número de perfilhos. Belém, PA. 2006.

*Table 3* – Genotypic values or mean genotypic and genetic gains with the selection of progenies of açai palm tree for the character number of tillers. Belém, Pará. 2006.

Ordem	Progênie	Valores Genotípicos	Ganho Genético (%)
1	13	2,4252	17,16
2	9	2,4009	15,99
3	23	2,3991	15,90
4	14	2,3542	13,73
5	38	2,3542	13,73
6	24	2,354	13,72
7	15	2,3535	13,70
8	25	2,3489	13,47
9	49	2,3309	12,60
10	44	2,2798	10,14

O procedimento BLUP tem sido usado no melhoramento de palmáceas para a seleção de progênie e indivíduos em pupunheira (FARIAS NETO & RESENDE,

2001) e palmeira real (BOVI et al., 2003, 2004). O presente trabalho usa o procedimento BLUP individual para esse propósito. Os resultados referentes à seleção de indivíduos

com base em seus valores genéticos aditivos são apresentados na Tabela 4. Esses resultados permitem inferências sobre a utilização de tais indivíduos via propagação sexuada por sementes, para plantios comerciais ou para uso como genitores em novos cruzamentos.

Verifica-se que ganhos consideráveis podem ser obtidos com a seleção de indivíduos. Para NP, ganhos acima de 25% podem ser obtidos com a seleção dos 18 melhores indivíduos. Esses ganhos são maiores do que aqueles estimados para a seleção de progênies, evidenciando o grande potencial para a seleção na própria população experimental. O tamanho efetivo populacional associado aos 20 melhores indivíduos equívale a 10. Isso previne a ocorrência de depressão endogâmica na geração de plantio. Os 20 melhores indivíduos estão distribuídos em 6 famílias entre as 8 melhores.

Usando técnicas de análise multivariada (distâncias genéticas e análise de agrupamento) procedeu-se ao agrupamento das progênies, pelo método de Tocher (aplicado sobre distâncias euclidianas médias de valores genotípicos obtidos pelo BLUP) relatado por Anderson & Bancroft (1954). Os resultados são apresentados na Tabela 5. Verifica-se que a maioria (33) das progênies foi alocada em um mesmo grupo genético. Ao todo foram obtidos 6 grupos divergentes. A progênie 1 mostrou-se a mais divergente de todas. O efeito da interação genótipos por ano pode estar influenciando os resultados referentes à diversidade entre progênies, já que a caracterização se deu em apenas um ano. Portanto, é conveniente a realização de novos estudos e o acompanhamento, no decorrer do tempo, de pesquisas utilizando essa metodologia, a fim de

**Tabela 4** - Valores genéticos aditivos individuais, ganho genético e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) com a seleção dos 20 melhores indivíduos na população experimental de açai para o caráter número de perfolhos, visando a propagação sexuada. Belém, PA. 2006.

**Table 4** - Individual additive genetic values, genetic profit and population size cash ( $N_e$ ) with the selection of the 20 best individuals in the experimental population of açai palm tree for the character number of tillers, aiming at the sexual propagation. Belém, Pará. 2006.

Ordem	Família	Planta	Valor Fenotípico	Valor Genético Aditivo	Ganho Genético Acumulado (%)	$N_e$
1	9	42	3	2,5937	25,42	1,00
2	9	43	3	2,5937	25,42	1,60
3	9	45	3	2,5937	25,42	2,00
4	23	236	3	2,5925	25,40	2,67
5	23	238	3	2,5925	25,40	3,51
6	23	240	3	2,5925	25,39	4,00
7	13	186	3	2,5915	25,38	4,74
8	13	187	3	2,5915	25,37	5,53
9	13	188	3	2,5915	25,36	6,00
10	13	190	3	2,5915	25,36	6,22
11	24	244	3	2,5795	25,30	6,96
12	24	245	3	2,5795	25,25	7,71
13	13	61	3	2,5793	25,21	7,72
14	13	62	3	2,5793	25,17	7,61
15	13	63	3	2,5793	25,14	7,44
16	13	65	3	2,5793	25,12	7,25
17	25	248	3	2,5673	25,06	7,96
18	25	249	3	2,5673	25,01	8,62
19	38	436	3	2,5587	24,94	9,37
20	38	438	3	2,5587	24,88	10,03

torná-la um instrumento importante no melhoramento genético, visando a busca de descendentes heteróticos.

**Tabela 5** – Grupos de progenitores estabelecidos pelo método de Tocher, em progênes de açazeiro. Belém, PA. 2006.

**Table 5** – Groups of ancestors established by the method of Tocher in açai palm tree progenies. Belém, Pará. 2006.

Grupos	Progênes
1	As demais 32 progênes
2	21,29, 32, 39, 40
3	3, 4, 5, 22, 37, 38
4	10, 13, 25
5	2, 11, 12
6	1

#### 4 CONCLUSÕES

- Com exceção dos caracteres diâmetro da planta e sobrevivência, todas as demais apresentaram variabilidade genética expressiva, evidenciando o grande potencial da população para ser explorado em termos de seleção.

- Considerando as duas taxas de autofecundação (0% e 12,9%), as diferenças nas estimativas dos ganhos genéticos foram desprezíveis.

- A seleção visando maximizar o ganho genético para o caráter número de perfilhos deve ser baseada na seleção individual, pois propicia maior ganho genético relativamente ao estimado para a seleção de progênes e mantém um tamanho efetivo ( $N_e$ ), que previne a ocorrência de depressão endogâmica na geração de plantio.

- Usando técnicas de análise multivariada foram obtidos seis grupos divergentes, os quais podem orientar cruzamentos visando a busca de descendentes heteróticos.

#### 5 AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Secretária de Ciência e Tecnologia do Estado do Pará (SECTAM/FUNTEC) e Agência de Desenvolvimento da Amazônia (ADA), pelo apoio financeiro.

#### 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDERSON, R.; BANCROFT, T. **Statistical theory in research**. New York: McGraw-Hill, 1954.

BOVI, M. L. A.; RESENDE, M. D. V.; SÁES, L. A.; UZZO, R. P. Genetic analysis for sooty mold resistance and heart of palm

yield in Archontophoenix. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 178-184, 2004.

BOVI, M. L. A.; RESENDE, M. D. V.; SPIERING, S. H. Genetic parameters estimation in King palm through a mixed mating system model. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 1, p. 93-98, 2003.

CALZAVARA, B. B. G. Importância do açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) como produtor de frutos e palmito para o Estado do Pará. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES EM PALMITO, 1., 1987, Curitiba. **Anais...** Curitiba: Embrapa-CNPQ, 1988. p. 249-259.

FARIAS NETO, J. T. de; OLIVEIRA, M. S. P. de; MULLER, A. A.; NOGUEIRA, O. L.; ANAISSI, D. F. S. P. Variabilidade genética em progênes jovens de açazeiro. **Cerne**, Lavras, v. 11, n. 4, p. 336-341, 2005.

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

KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades em progênes de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1983 146 f. Tese (Livre-Docente) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1983.

OHASHI, S. T.; KAGEYAMA, P. Y. Variabilidade genética entre populações de açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) do estuário amazônico. In: MOURÃO, L.; JARDIM, M. A.; GROSSMANN, M. **Açai: possibilidade e limites em processos de desenvolvimento sustentável no estuário amazônico**. Belém: CEJUP, 2004. p. 11-26.

OLIVEIRA, M. S. P. de; CARVALHO, J. E. U. de; NASCIMENTO, W. M. O. do; MULLER, C. H. **Cultivo do açazeiro visando à produção de frutos**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2002. 18 p. (Circular técnica).

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

RESENDE, M. D. V. de; VENCOVSKY, R.; FERNANDES, J. S. C. Selection and genetic gains in populations of Eucalyptus with a mixed mating system. In: CRCTHF-IUFRO CONFERENCE, 1995, Hobart. **Resumes...** Hobart: [s.n.], 1995, v. 1, p. 191-193.

**Cerne**, Lavras, v. 13, n. 4, p. 376-383, out./dez. 2007

SOUZA, P. C. A. de. **Aspectos ecológicos e genéticos de uma população natural de *Euterpe oleracea* Mart. no estuário amazônico**. 2002. 60 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2002.

VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M. B.; CRISOSTÓMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. F. Genética e melhoramento de populações mistas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C.; MELO, M. C. (Orgs.). **Recursos genéticos e melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 231-281.