

SARA MORRA COSER

**BREEDING *Acrocomia aculeata* FOR VEGETATIVE, PHENOLOGICAL,
REPRODUCTIVE AND PRODUCTIVE TRAITS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2016

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

C834b
2016 Coser, Sara Morra, 1986-
Breeding *Acrocomia aculeata* for vegetative, phenological,
reproductive and productive traits / Sara Morra Coser. – Viçosa,
MG, 2016.
xii, 53f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. *Acrocomia aculeata*. 2. Macaúba - Melhoramento
genético. 3. Macaúba - Parâmetros genéticos.
4. Biocombustíveis . I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação em
Genética e Melhoramento. II. Título.

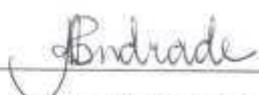
CDD 22 ed. 633.85

SARA MORRA COSER

**BREEDING *Acrocomia aculeata* FOR VEGETATIVE, PHENOLOGICAL,
REPRODUCTIVE AND PRODUCTIVE TRAITS**

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

APROVADA: 27 de julho de 2016.



Ana Paula de Souza Andrade



Gleison Augusto dos Santos



Marcos Deon Vilela de Resende



Thais Roseli Correa



Sérgio Yoshimitsu Motoike
(Orientador)

Dedico

Aos meus amados pais, Nicelda Luzia Morra Coser e José Lúcio Coser, pelo amor incondicional, pelo apoio, pelo incentivo, pela dedicação, pela paciência, pela confiança, pelos ensinamentos e aos quais devo tudo o que sou!

Ofereço

Aos meus queridos avós Neorizete e Rafael

“Toda a nossa ciência, comparada com a realidade, é primitiva e infantil, e, no entanto, é a coisa mais preciosa que temos.”

Albert Einstein

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade em realizar o curso, descobrir minhas capacidades e limitações ao conduzir esta pesquisa, e pelos quatro anos de crescimento pessoal e profissional inesquecíveis em minha vida.

Aos órgãos financiadores de pesquisa, CNPq e CAPES, pela concessão da bolsa e apoio financeiro durante a condução da pesquisa.

Ao professor Sérgio Motoike pela orientação, pelo apoio, pela paciência e pelas exigências que tanto me fizeram crescer.

Ao co-orientador, professor Marcos Deon, pelo auxílio no desenvolvimento dessa pesquisa, pelo tempo dedicado a análises de dados, pelas pacientes explicações, pelos sábios conselhos, pelas críticas que me ajudaram a evoluir, pela amizade, e pelo profissionalismo tão exemplar.

A todos os professores do programa de pós-graduação que tanto me ensinaram e ajudaram durante as disciplinas e convivência.

Ao professor Dr. Danny Singh, à Iowa State University, à Monsanto, e a toda a equipe do laboratório de Melhoramento de Soja, por terem me recebido de forma tão incrível durante o ano mais intenso da minha vida em crescimento profissional, cultural e pessoal.

Aos meus pais, irmão e familiares, que são a base do meu ser e desta conquista, pelo amor e apoio, pelo exemplo de vida, por me ensinarem a ter princípios, valores e caráter, pelo investimento e preocupação com minha educação e por terem me mostrado que ela é a base de tudo, por toda sabedoria e conselhos, por me ensinarem a lutar sempre, independente das adversidades da vida.

Às minhas primas do coração Elis e Maria Marta e a minha cunhada Hérika, por me mostrarem que família é muito mais que laços, pelo apoio e pelo carinho.

Aos amigos do grupo de pesquisa: Thiago, Heloisa, Néia, Sebastian, Manuela, Annanda, Rafael, Anderson, Samuel, Ana Paula, Vanessa e aos funcionários Elimarcio, Francisco, Telma, Emiliano e toda equipe do BAG-Macaúba, pelo companheirismo, ajudando e apoiando durante a execução da pesquisa, e pelos bons momentos de diversão e descontração nos congressos, coletas e nas longas horas no laboratório.

Aos grandes amigos e irmãos do programa de pós-graduação Lidiane, Italo, Geverson e Haroldo, por terem me presenteado com a amizade que tornou todo o

caminho mais simples, por terem compartilhado o conhecimento e a paciência nas longas horas de estudo, pelas risadas sem fim, pelas melhores histórias inesquecíveis, pelo apoio, vocês foram, são e sempre serão fundamentais.

Ao Felipe Augusto pelo apoio e compreensão durante a decisiva reta final.

Aos amigos que a cidade de Viçosa me trouxe Rebeca, Aquidauana, Paty, Luciana e Ricardo, pelos conselhos, pelas ajudas e apoios 24 horas.

Ao amigo de todas as horas Rodrigo, pela assistência em todas as situações, pelo apoio nos momentos difíceis, por compartilhar conselhos e experiências, pelas broncas sempre bem-vindas e pela amizade incondicional.

Aos anjos que a vida me trouxe em forma de pessoas, Cristiane e Marileila, por me erguerem e apoiarem nos momentos difíceis, pelo companheirismo, pelos conselhos, pelos cafés e bolos, pela convivência maravilhosa, por serem a família que sempre carregarei no coração.

Aos amigos que me acompanham desde a graduação e mestrado, Angélica, Erica e Leonardo, por estarem sempre por perto com seu melhor sorriso, amizade e histórias compartilhadas.

À amiga irmã que a vida me deu Thais Correa, por me mostrar todos os dias o significado de amizade, de parceria, de carinho, pelo apoio, pela contribuição, pelos estudos, pelas viagens, pelas histórias que compartilharemos quando estivermos bem velhinhas, por dividir um teto e uma vida comigo, por acreditar em mim mesmo quando eu não acredito, por estar presente mesmo quando eu estava do outro lado do hemisfério, por ser a amiga que poderei contar a vida inteira.

Aos amigos de pós-graduação, por terem compartilhado comigo as angústias, dúvidas, provas, trabalhos, tristezas, alegrias e descobertas.

As amigas Letícia e Lígia, que apesar da distância, sempre estão presentes na minha vida.

Aos amigos Carlos Nick, Fabiana e sua bela família pelo apoio, sábios conselhos, ensinamentos e carinho.

Às amigas Bruna Machado e Bruna Gonçalves, por serem minha alegria, por me adotarem nas tardes de pipoca, tapioca, conversas e risadas, por me contaminarem com o bichinho do forró, pelas aventuras, pelas histórias para contar, pelo carinho e por estarem sempre presentes mesmo com a distância de caminhos diferentes.

Aos amigos do Genmelhor, pelos bons momentos, pela parceria, pelos desafios e pelos ensinamentos.

Às amigadas feitas em Ames (IA) que tanto me confortaram e ajudaram Thales, Carol, Luana, Thais, Marcela e Daiane.

Aos funcionários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Marco Tulio e Odilon, por tornarem tudo mais simples, por tranquilizarem nossas aflições, por serem profissionais e pessoas maravilhosas e exemplares.

À todas as pessoas que contribuíram diretamente ou indiretamente para a realização deste trabalho e conclusão deste curso, todos foram fundamentais e insubstituíveis nessa caminhada.

À todos os caminhos que percorri para chegar até aqui, que foram vivenciados com a consciência de cada emoção em prol da evolução.

Muito Obrigada!

BIOGRAFIA

SARA MORRA COSER, filha de Nicelda Luzia Morra Coser e José Lúcio Coser, nasceu em 16 de fevereiro de 1986, na Cidade de Vitória, Estado do Espírito Santo. Concluiu o ensino fundamental no Colégio Linus Pauling em Serra, Espírito Santo. Em 2004, ingressou no curso de Geografia da Universidade Federal do Espírito Santo e, através do processo de reopção de cursos, ingressou no curso de Agronomia no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo, vindo a se graduar em julho de 2010, recebendo o título de Engenheira Agrônoma. Em agosto de 2010, ingressou no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCA–UFES/Alegre), na área de Biotecnologia e Ecofisiologia do Desenvolvimento de Plantas, tornando-se mestre em julho de 2012. Em agosto de 2012, iniciou o curso de doutorado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa - MG, submetendo - se a defesa de tese em 27 de julho de 2016.

SUMÁRIO

SUMÁRIO	vii
RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	2
REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
1. Taxonomia, distribuição geográfica e botânica	4
2. Banco de Germoplasma	10
3. Diversidade, parâmetros genéticos e melhoramento genético	11
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	12
CAPÍTULO I	16
ABSTRACT	17
1. INTRODUCTION	18
2. MATERIALS AND METHODS	19
2.1 Germplasm Bank	19
2.2 Evaluations	20
2.3 Statistical analyses	21
3. RESULTS	23
3.1 Genetic diversity and principal component analysis	23
3.2 Genetic Correlation	24
3.3 Genetic parameters and selection index	24
4. DISCUSSION	27
5. CONCLUSION	31
6. ACKNOWLEDGMENTS	31
7. REFERENCES	32
CAPÍTULO II	35
Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção de acessos e indivíduos de macaúba para precocidade, altura de emissão da espata e produção de óleo	35
RESUMO	36
ABSTRACT	37

1. INTRODUÇÃO	38
2. MATERIAL E MÉTODOS	39
2.1 Banco de Germoplasma.....	39
2.2 Avaliações	40
2.3 Análises Estatísticas	41
3. RESULTADOS.....	42
4. DISCUSSÃO	46
5. CONCLUSÃO	49
6. REFERÊNCIAS	50
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	53

RESUMO

COSER, Sara Morra, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Julho de 2016. **Breeding *Acrocomia aculeata* for vegetative, phenological, reproductive and productive traits.** Orientador: Sérgio Yoshimitsu Motoike.

O trabalho teve como objetivo contribuir para a caracterização dos acessos de macaúba do Banco de Germoplasma de Macaúba da Universidade Federal de Viçosa à fim de colaborar com o estabelecimento do programa de melhoramento de macaúba e selecionar os acessos potenciais que reúnam características a serem agregadas ao ideótipo final correspondente às necessidades do produtor e as demandas dos mercados potenciais para a espécie. Dessa maneira, os acessos foram avaliados em duas etapas. Na primeira etapa 52 acessos foram avaliados quanto a características vegetativas: altura da primeira espata (HFS), diâmetro a altura do peito (DBH), área da copa (AC); fenológicas: precocidade (PREC); e reprodutivas: total de espatas (TS); quanto a diversidade, estimação de parâmetros genéticos e estudo de correlação para a seleção dos acessos destaque para estas características. A diversidade genética resultou na formação de quatro grupos pela metodologia de Tocher que aliada aos valores de herdabilidade e coeficiente de variação representaram diversidade primordial para o melhoramento da espécie. A herdabilidade no sentido restrito, foi classificada como de magnitudes moderada (PREC, TS, CA) e alta (HFS e DBH) e os valores de acurácia foram classificados em moderados (PREC e CA) à altos (TS, HFS e DBH). A seleção de acessos para as características PREC, TS e HFS resultaram em ganhos superiores à 100% com destaque para os acessos 36, 44 e 4 de Minas Gerais. Na segunda etapa 36 acessos foram avaliados para as características precocidade (PREC), altura de emissão da primeira espata (APE), número total de frutos (NTF), teor de óleo na polpa (TOP) e produção de óleo por planta (PROD) através da estimação de parâmetros genéticos e correlação genética para realizar a predição de valores genéticos a fim de selecionar melhores indivíduos para compor a população de produção de sementes para um programa a curto prazo e a de melhoramento para um programa a longo prazo. A herdabilidade individual e a acurácia seletiva foram classificadas como de magnitude moderada para as características PREC, NTF e PROD e alta para APE e TOP, refletindo em sucesso e segurança na seleção. Os maiores valores de correlação foram encontrados entre as características PREC e APE, PREC e NTF e NTF e PROD, possibilitando ganhos indiretos através da seleção das características de mais simples mensuração. A

seleção dos 20 melhores indivíduos resulta em ganhos de 74,8% em relação a média para a característica PROD para a formação do pomar de sementes a curto prazo, já a seleção dos 52 melhores indivíduos resulta em ganhos de 40,5% para a formação da população de melhoramento a longo prazo. Considerando a seleção simultânea através do índice de seleção aditivo com pesos econômicos é possível obter ganhos diretos com a seleção para a característica PROD de 67,6%. Este trabalho foi pioneiro na avaliação destas características em um banco de germoplasma de macaúba e os resultados aqui encontrados revelam diversidade genética essencial à programas de melhoramento aliada à parâmetros genéticos com excelente potencial seletivo e ganhos com a seleção, base para o sucesso do programa de melhoramento da espécie com estabelecimento de populações de melhoramento a curto e longo prazo e desenvolvimento de cultivares com ideótipo demandado pelo mercado.

ABSTRACT

COSER, Sara Morra, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July de 2016. **Breeding *Acrocomia aculeata* for vegetative, phenological, reproductive and productive traits.** Adviser: Sérgio Yoshimitsu Motoike.

The study aimed to contribute to the characterization of Macaw Palm accessions from the Germplasm Bank of Macaw Palm in Federal University of Viçosa, in order to collaborate with the establishment of macaw palm breeding program and select potential accessions that meet characteristics to be aggregated to the final ideotype corresponding to the producer needs and demands of the potential markets for the species. Thus, the accessions were evaluated in two stages. In the first stage 52 accessions were evaluated for vegetative (HFS, DBH, AC), phenological (PREC) and reproductive (TS) characteristics, for diversity, estimation of genetic parameters and correlation study aiming selection of the superior accessions for these traits. Genetic diversity resulted in the formation of four groups by Tocher methodology coupled with the heritability values and coefficient of variation represented primordial diversity for the improvement of the species. Heritability in the narrow sense was classified as moderate (PREC, TS, CA) and high (HFS and DBH) magnitudes, and accuracy values were classified from moderate (PREC and CA) to high (TS, HFS and DBH). Selection of accessions for PREC, TS and HFS resulted in gains higher than 100% especially for accessions 36, 44 and 4 from Minas Gerais. In the second stage 36 accessions were evaluated for the traits precocity (PREC), first spathe height (APE), total number of fruits (NFT), pulp oil (TOP) and oil production per plant (PROD) through the estimation of genetic parameters and genetic correlation to proceed the prediction of breeding values to select the best individuals to compose the seed production population for a short-term program and the breeding population for a long-term program. The individual heritability and selective accuracy were classified as moderate magnitude for the traits PREC, NTF and PROD and high magnitude for APE and TOP, reflecting success and security in selection process. The highest correlation coefficients were found between the traits PREC and APE, PREC and NTF, and NTF and PROD, allowing indirect gains through selection of the simpler measurement trait. The selection of the top 20 individuals results in 74.8% gains over the average of PROD trait for a short-term seed orchard formation, since the selection of the top 52 individuals

results in 40.5% gains for the formation of long-term breeding population. Considering the simultaneous selection through additive selection index with economic weights is possible to obtain direct gains from selection for PROD characteristic of 67.6%. This was the first study to evaluate these characteristics in a germplasm bank of macaw palm and our findings reveal essential genetic diversity for breeding programs combined with genetic parameters with excellent selective potential and gains with the selection, the basis for the success of the breeding program for the species with the establishment of seed production population for a short-term program and the breeding population for a long-term program and the development of cultivars with the ideotype demanded by the market.

INTRODUÇÃO GERAL

A macaúba *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. é uma palmeira oleaginosa de ampla distribuição nas Américas Tropical e Subtropical, sendo o Brasil um de seus centros de origem (Lanes et al., 2015). Ocorre naturalmente em biomas caracterizados por florestas semi-decíduas, savanas e áreas antropizadas, como pastagens degradadas. Essa espécie vem sendo explorada por vários anos de forma extrativista, em maciços de populações naturais distribuídos em suas regiões endêmicas para os mais diversos fins (Wandeck e Justo, 1988).

Todavia, o recente interesse na palmeira reside no fato da mesma ser fonte de óleo vegetal, destinada ao setor de biodiesel, diante da demanda mundial por fontes energéticas alternativas e sustentáveis. Estimam-se produções de 4.500 litros de óleo por ha/ano (Roscoe et al., 2007), com potencial produtivo semelhante ao da palma de óleo (*Elaeis guineenses*) atualmente a mais explorada pelo setor de biocombustíveis (Pires et al, 2013; Motoike e Kuki, 2009). Tal cenário faz com que a macaúba se sobressaia como recurso fitogenético à ser explorado pelo setor de biocombustíveis.

Outro fato que merece destaque é que as culturas atualmente exploradas para a produção de biocombustíveis são a princípio cultivadas para produção de alimentos, de maneira que o setor de biodiesel só pode utilizar o óleo que exceda a demanda devido ao valor de mercado mais elevado para uso alimentar. Portanto, as plantas perenes como a macaúba, cujo óleo não é tradicionalmente destinado ao setor alimentício, são consideradas matérias-primas alternativas para a produção de biodiesel (Evaristo et al., 2016).

No entanto, para que a espécie seja cultivada comercialmente para a produção de biodiesel, é preciso um processo de domesticação concomitante a seleção de genótipos que atendam a demanda do mercado em produção de óleo, através do estabelecimento de programas de melhoramento para a espécie. A base e sucesso de todo programa de melhoramento de uma cultura está na diversidade presente no germoplasma da espécie. O Banco de Germoplasma de Macaúba (BAG – Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa possui 302 acessos (progênies de polinização aberta) totalizando 1322 plantas de macaúba, coletados em diversos estados do país, sendo o maior Banco de Germoplasma de recursos fitogenéticos de macaúba registrado no mundo.

Diante do desafio de estabelecer um programa de melhoramento para a espécie, o BAG – Macaúba é o primeiro a proporcionar o estudo do desenvolvimento da macaúba desde a fase de muda à fase de produção, dessa forma, características da fase juvenil à fase

produtiva podem ser estudadas através da diversidade genética, correlação entre caracteres, estimação de parâmetros genéticos e seleção de genótipos superiores.

A quantificação da diversidade genética e o entendimento de sua magnitude aliados a uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos, contribuem para o acerto na escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações, de modo a reduzir esforços e abreviar o tempo necessário para obtenção de cultivares. A seleção deve ser feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação (Farias Neto et al., 2013).

Além do conhecimento sobre a variabilidade genética, outro fator importante reside no entendimento de quanto determinadas características relacionam-se para a formação de genótipos com tipos agrônômicos desejáveis. A prática de seleção em um caráter pode alterar a média de todos os outros com as quais é correlacionado geneticamente, causando efeito indireto de seleção em tais caracteres (Vilarinho, 2001). Como a maioria dos programas de melhoramento leva em consideração muitas características simultaneamente, o entendimento da associação genética entre elas pode contribuir para a escolha dos procedimentos de seleção mais apropriados para maximizar o ganho genético por geração (Santos e Vencovsky, 1986).

Na seleção de genótipos superiores vários caracteres são considerados conjuntamente. Entretanto, há dificuldade de encontrar genótipos com alelos favoráveis para todos os caracteres simultaneamente. Dessa forma, a seleção para mais de um caráter ao mesmo tempo tem sido realizada com o emprego de índices de seleção, que constituem um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres a fim de otimizar o processo seletivo (Cruz et al., 2004).

Considerando as potencialidades de uma espécie nativa, como recurso fitogenético promissor para o setor de biocombustíveis, e o vasto número de acessos conservados nos bancos de germoplasma, este trabalho teve como objetivo estudar a diversidade genética, estimar parâmetros e investigar a correlação entre caracteres da fase juvenil vegetativa, reprodutiva e produtiva de acessos de macaúba a fim de selecionar genótipos promissores para estabelecer cultivares que atendam a demanda do mercado e do produtor de biocombustíveis.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa: UFV.

Evaristo, A.B., Grossi, J.A.S., Pimentel, L.D., de Melo Goulart, S., Martins, A.D., dos Santos, V.L., Motoike, S., 2016. Harvest and post-harvest conditions influencing macauba (*Acrocomia aculeata*) oil quality attributes. *Ind Crop Prod*, 85, 63-73.

Farias Neto, J.T., Clement, C.R., Resende, M.D.V., 2013. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no estado do Pará, Brasil. *Bragantia*. 32, 122-126.

Lanes, E.C.M., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Nick, C., Freitas, R.D., 2015. Molecular characterization and population structure of the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), ex situ germplasm collection using microsatellites markers. *J. Hered.* 1, 1-11.

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

Pires, T.P., dos Santos Souza, E., Kuki, K.N., Motoike, S.Y., 2013. Ecophysiological traits of the macaw palm: a contribution towards the domestication of a novel oil crop. *Ind. Crops Prod.* 44, 200–210.

Roscoe, R., Richetti, A., Maranhão, E., 2007. Análise de viabilidade técnica de oleaginosas para produção de biodiesel em Mato Grosso do Sul. *RPA*. 1, 48-59.

Santos, J., Vencovsky, R., 1986. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ci Prát.* 10, 265-272.

Vilarinho, A.A., 2001. Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.). 79f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.

Wandek, F.A., Justo, P.G.A., 1988. Macaúba, fonte energética e insumo industrial: sua significação econômica no Brasil. In: *Simpósio Sobre o Cerrado, Savanas*, 6. 1988, Brasília. *Anais. Planaltina: EMBRAPA, CPAC*, p. 541-577.

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1. Taxonomia, distribuição geográfica e botânica

A macaúba é uma espécie do gênero *Acrocomia*, pertencente à família *Arecaceae*, constituída por um grupo de espécies conhecidas como palmeiras, amplamente distribuída e adaptada a regiões que vão desde o México à Argentina, sendo encontrada em maior abundância nas Antilhas, Costa Rica, Paraguai e Brasil (Cetec, 1983) (Figura 1).



Figura 1. Distribuição geográfica da espécie *Acrocomia aculeata* (Fonte: New World Fruits, 2006 citado e adaptado por Nucci, 2007).

No Brasil ocorre naturalmente em agregados populacionais distribuídos em quase todo o território, considerada como a palmeira de maior dispersão. Suas maiores concentrações estão localizadas nos estados de Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás, São Paulo, Minas Gerais e Tocantins, sendo amplamente disseminada nos biomas do Cerrado e Pantanal (Ratter et al., 2003). Segundo Lanes et al. (2015) a região sudeste do Brasil é considerada um centro de origem da espécie.

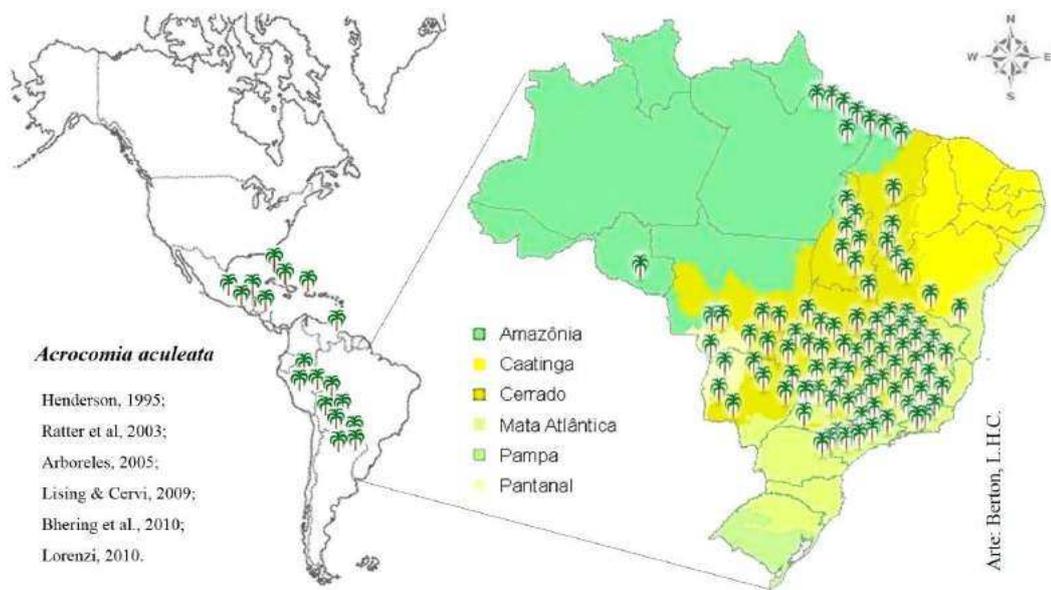


Figura 2. Distribuição geográfica de *Acrocomia aculeata* no território brasileiro (Fonte: Berton, 2013).

Sua principal característica é a presença de espinhos longos e pontiagudos na região dos nós (Lorenzi, 2006). O termo *Acrocomia* tem origem grega e descreve a forma como as folhas estão dispostas na planta, ‘Akron’ (cima) e ‘Kom’ (cabeleira), sugerindo o formato de coroa (Henderson et al., 1995). Por ser um gênero com ampla dispersão geográfica, podem ocorrer variações morfológicas dentro da mesma espécie (Figura 3).



Figura 3. Exemplo da variabilidade morfológica de acessos de macaúba presentes no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba da Universidade Federal de Viçosa (Fonte: REMAPE).

Estudo citogenético executado por Abreu et al. (2011) revelam que a macaúba possui número cromossômico de $2n=30$, valor $2C = 5.81$ pg e composição de base AT = 58.3%. O sistema reprodutivo desta espécie é classificado como predominantemente alógamo, com baixas taxas de autofecundação segundo investigado por Lanes et al. (2016).

A planta de macaúba possui um estipe que pode atingir até 15 m de altura, geralmente de configuração reta e diâmetro variando de 20 a 30 cm, coberto por espinhos com cerca de 10 cm de comprimento, e pecíolos que permanecem aderidos por longo período. As folhas são verdes, pinadas com comprimento variando de 4 a 5 m, apresentando aproximadamente 130 folíolos de cada lado e espinhos na região central (Arboles, 2005).

Sua inflorescência é em espádices de tons amarelados, pendentes, variando de 80 a 130 cm de comprimento e protegidas por uma espata revestida de acúleos. As flores são pequenas, monóicas, onde as flores masculinas distribuem-se no topo da inflorescência, enquanto as femininas situam-se na base (Figura 4). A floração ocorre entre agosto e novembro em populações naturais. Estas inflorescências apresentam marcada protoginia. A polinização ocorre principalmente por besouros, com o vento desempenhando um papel secundário. Os principais polinizadores são *Andranthobius* sp. (Curculionidae), *Mystrops* cf *mexicana* (Nitidulidae) e *Cyclocephala forsteri* (Scarabaeidae) (Brito, 2013).



Figura 4. Espata floral e raquias de *Acrocomia aculeata*. A- Ráquias curtas, com flores pistiladas na porção basal e estaminadas na porção restante; ráquila superior com flores

em antese e inferior em pré-antese; B- ráquila longa, em antese. Barra: 10cm (Fonte: REMAPE e Brito, 2013).

Os frutos são drupas globosas, com epicarpo liso, de coloração marrom-amarelada e diâmetro variando de 2,5 a 5,0 cm. O mesocarpo é uma polpa fibrosa de coloração amarelada, mucilaginosa, rica em glicerídeos, comestível. O endocarpo é rígido, de coloração escura com espessura que pode variar de 3 a 7 mm, em sua parte interna pode conter de uma a três amêndoas oleaginosas, comestíveis e revestida de uma fina camada de tegumento. As amêndoas são compostas por grande quantidade de endosperma, que contém alto teor de óleos e proteínas (Figura 5). (Henderson et al., 1995; Silva, 1994; Bondar, 1964). A dispersão das sementes de macaúba é feita principalmente por animais que se alimentam de seus frutos, como animais domésticos e mamíferos silvestres (Scariot, 1998).



Figura 5. Cacho, secção transversal e variabilidade em diâmetro de frutos de macaúba (Fonte: REMAPE, Berton 2013 e Cicconi, 2012).

A propagação da macaúba é feita basicamente através de sementes, no entanto, a semente é classificada como recalcitrante e possui um processo de germinação lento e irregular com taxas de aproximadamente 3% (Meerow, 1991). A Universidade Federal de

Viçosa - UFV desenvolveu uma técnica que possibilita a germinação da semente atingindo taxas de 60 - 80% (Universidade Federal de Viçosa, 2009). O procedimento foi licenciado pela empresa Acrotech, sendo atualmente fornecedora de sementes pré-germinadas de Macaúba.

2. Uso e potencial

Lima et al. (2003) destacam a importância das palmeiras do ponto de vista natural, econômico e ecológico. São rotineiramente utilizadas como alimento pelo homem na forma de palmito, frutos e até produtos elaborados como doces, bebidas e óleos, além de artesanato. No entanto o maior interesse e potencial da espécie está relacionado ao seu alto potencial produtivo de óleo, vista como uma excelente alternativa para a produção de biocombustível. Diante da expectativa de uma demanda cada vez maior provocada pelas crescentes dificuldades de exploração dos combustíveis fósseis e as questões ambientais relacionadas a esta exploração, e também por sua utilização como estratégia política, um programa para os biocombustíveis terá, cada vez mais, que levar em conta a utilização de plantas de alta produtividade como matéria-prima (Salles, 2008).

Segundo Décio Luiz Gozzoni, engenheiro agrônomo e pesquisador da Embrapa Soja, a demanda potencial do biodiesel para 2020, de acordo com a Agência Internacional de Energia (AIE), em apenas oito países, saltará de 34,7 milhões de toneladas em 2010 para 133,8 milhões em 2020, com um incremento próximo de 300%.

A matéria prima é um dos principais pontos para produção de biodiesel e se deve levar em conta: o valor comercial relativo ao alto valor agregado de alguns tipos de óleo, podendo impactar nos preços finais do biodiesel; o percentual de óleo no material vegetal e a produção por área; a maximização do balanço energético entre a energia consumida no processo de produção e a energia disponibilizada pelo combustível produzido; a vocação agrícola de cada região, identificando a maior disponibilidade e menor custo de matéria prima dentro da ampla diversidade de oleaginosas, que permite flexibilidade de produção; a manutenção da produção de alimentos, priorizando a produção do biodiesel a partir das matérias-primas não alimentares; o baixo custo de produção e alta escala que pode levar a priorizar óleos ou gorduras residuais em relação a óleos refinados ou reciclados (Quintela et al., 2004).

A macaúba tem um dos maiores potenciais de produção entre as plantas oleaginosas, com perspectivas de produzir entre 1.500 a 5.000 kg de óleo/ha-1, só ficando atrás de outra

palmeira, o dendê ou palma de óleo (*Elaeis guineensis*) (Figura 6), pois é uma espécie que já vem sendo melhorada geneticamente a décadas, inclusive com a existência de várias cultivares comerciais já lançadas. Isso torna a macaúba uma espécie com grande potencial para a produção de biodiesel (Figura 7), já que em condições naturais inicia a produção dos frutos a partir do quarto ou quinto ano e se mantém produtiva por mais de 50 anos (Teixeira, 2005).

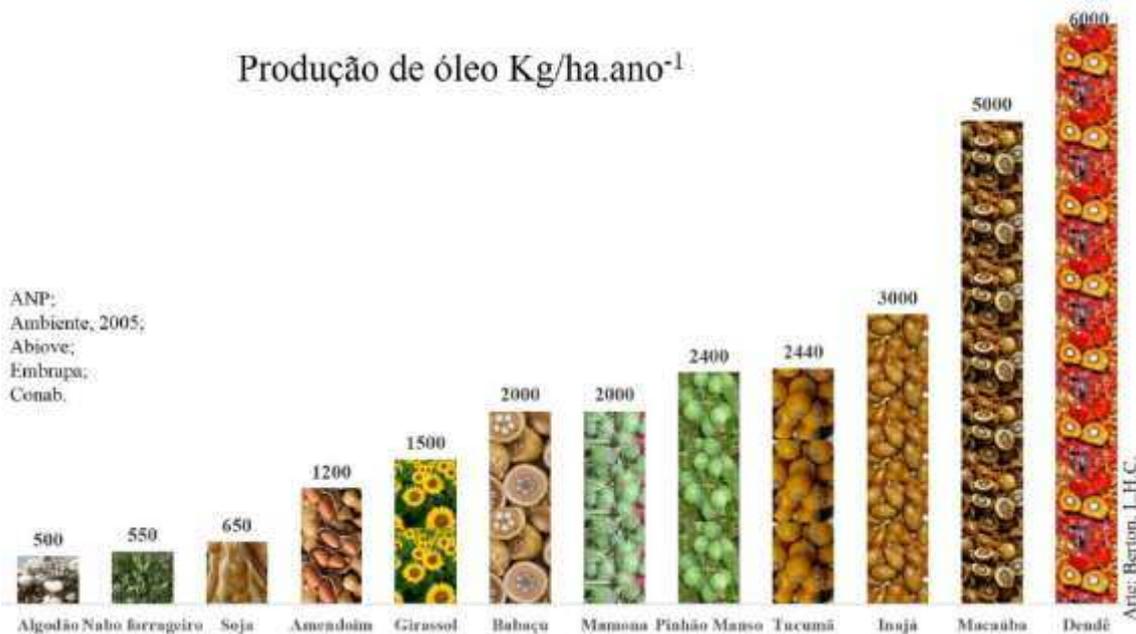


Figura 6. Comparação da produção de óleo de macaúba com a produção das principais oleaginosas destinadas a produção de biocombustíveis (Fonte: Berton, 2013).

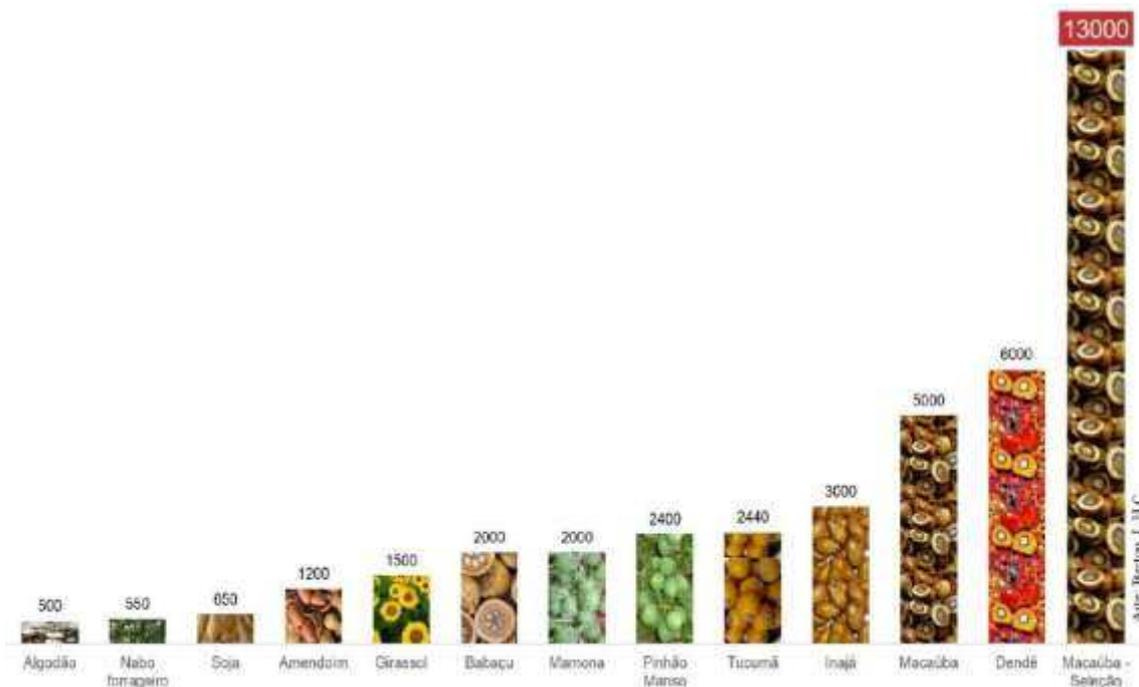


Figura 7. Comparação do potencial de produção de óleo no mesocarpo por ha.ano-1 de genótipo selecionado, com a produção das principais matérias primas estudadas e/ou cultivadas para a produção de biodiesel (Fonte: Berton, 2013).

2. Banco de Germoplasma

A exploração da macaúba é feita de forma extrativista, em maciços de populações naturais distribuídos em suas regiões endêmicas (Wandeck & Justo, 1988) sendo, portanto, preciso que a espécie passe por um processo de domesticação concomitante a estruturação de um programa de melhoramento para estabelecimento de cultivos agrônômicos.

A pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal é uma das atividades de inovação mais relevantes para o País, tendo produzido resultados que contribuíram significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos alcançados pela agricultura brasileira ao longo das últimas décadas. O processo de melhoramento genético é altamente dependente da amplitude da base genética disponível, que por sua vez é influenciada pelo acervo de recursos, na forma de materiais coletados e caracterizados, mantidos nos bancos de germoplasma, que são insumo importante para o desenvolvimento de novas cultivares.

Bancos de Germoplasma são unidades conservadoras de material genético de uso imediato ou futuro. Eles visam à conservação da diversidade genética das espécies vegetais,

especialmente daquelas de importância socioeconômica que estejam ameaçadas pela erosão genética e ou que demandem ações para o melhoramento genético (Berton, 2013).

O Banco de Germoplasma de Macaúba (BAG – Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa, localizado no município de Araponga – MG, possui 302 acessos, totalizando 1322 plantas de macaúba, coletados em diversos estados do país, sendo o maior Banco de Germoplasma de recursos fitogenéticos de macaúba registrado no mundo (registro nº 084/2013- SECEX/CGEN). Tal acervo é fundamental no desenvolvimento de novas cultivares, uma vez que possui genótipos que agregam características destinadas aos mais variados fins de cultivo.

3. Diversidade, parâmetros genéticos e melhoramento genético

A diversidade genética é essencial para a produção agrícola sustentável (Zhou et al., 2002), e por esse motivo estudos de divergência genética são de grande importância para orientar programas de melhoramento. O estudo da diversidade genética por meio de análises biométricas tem, dentre seus principais objetivos, o agrupamento de materiais genéticos similares e caracterização da variabilidade de recursos genéticos (Leão, 2009). A identificação da divergência genética através de características morfo-agronômicas é muito utilizada pelos melhoristas com a finalidade de identificar cruzamentos com potencial de se obter populações segregantes (Oliveira et al., 2007).

O estudo dos parâmetros genéticos, também é de grande relevância para orientação dos programas de melhoramento, uma vez que dependendo das magnitudes da variância genética, variância ambiental e do coeficiente de herdabilidade da característica, será adotada estratégia e decisão adequada para garantir o aumento do ganho com a seleção das características alvo.

Manfio (2012) estudou a diversidade genética e estimou parâmetros genéticos de acessos de macaúba coletados em diferentes biomas do Brasil para as características crescimento de plantas (0,87) e número de folhas emitidas (0,48), encontrando herdabilidades de magnitude alta e moderada, respectivamente. A mesma autora estimou ganhos com seleção para as mesmas características encontrando ganhos (%) de 32,71 e 36,31 respectivamente.

Berton (2013) estimou parâmetros genéticos em populações naturais de macaúba para características altura da planta (0,82), número de folhas (0,75), massa da semente (0,79),

espessura do estipe (0,79), e quantidade de espinho (0,84), todas consideradas herdabilidades de magnitude alta. O mesmo autor também estimou os parâmetros para a progênie de meios irmãos derivada de coletas em populações naturais para as características porcentagem de germinação de sementes (0,96) e índice de velocidade de germinação (0,97), também de magnitude alta. No entanto, estudos de estimação de parâmetros genéticos e ganhos com seleção para esta espécie ainda são escassos na literatura.

Considerando as potencialidades de uma espécie nativa, como recurso fitogenético, e o vasto número de acessos conservados nos bancos de germoplasma, mediante os crescentes desafios para o melhoramento genético de plantas, é indispensável à estruturação do programa de melhoramento de macaúba, para facilitar a identificação e o uso de características de interesse, em prol do futuro desta, como cultivo promissor as gerações futuras.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abreu, I.S., Carvalho, C.R., Carvalho, G.M.A., Motoike, S.Y. (2011). First karyotype, DNA C-value and AT/GC base composition of macaw palm (*Acrocomia aculeata*, Arecaceae) a promising plant for biodiesel production. *Australian Journal of Botany*, 59(2), 149-155.

Arboles del area del canal de Panamá *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. Disponível em: Acesso em: 28 jul. 2016.

Berton, L.H.C., de Azevedo Filho, J.A., Siqueira, W.J., Colombo, C.A. (2013). Seed germination and estimates of genetic parameters of promising macaw palm (*Acrocomia aculeata*) progenies for biofuel production. *Industrial Crops and Products*, 51, 258-266.

Berton, L.H.C.; Azevedo Filho, J.A.; Siqueira, W.J.; Colombo, C.A. Implantação e avaliação preliminar do banco ativo de germoplasma de macaúba (*Acrocomia aculeata*) do IAC/ APTA Leste Paulista. In: VII workshop agroenergia: matérias primas, 2013, Ribeirão Preto, SP. Anais... Campinas: IAC, 2013.

Bondar, G. Palmeiras do Brasil. São Paulo: Instituto de Botânica, São Paulo, n:2, p. 50-554, 1964.

Brito, A. C. (2013). *Biologia reprodutiva de macaúba: floração, polinizadores, frutificação e conservação de pólen.*

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

Henderson, A., Galeano, G., & Bernal, R. (1995). *Field Guide to the Palms of the Americas.* New Jersey: Princeton University.

Lanes, É.C., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Nick, C., Freitas, R.D. (2015). Molecular characterization and population structure of the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), ex situ germplasm collection using microsatellites markers. *Journal of Heredity*, esu073.

Lanes, É.C., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Resende, M.D., Caixeta, E.T. (2016). Mating system and genetic composition of the macaw palm (*Acrocomia aculeata*): Implications for breeding and genetic conservation programs. *Journal of Heredity*, esw038.

Leão, A.P. *Caracterização Morfoagronômica de Acessos de Coffea arabica L.* 2009. 64f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

Lima, E.S., Felfili, J.M., Marimon, B.S., Scariot, A. (2003). Diversidade, estrutura e distribuição espacial de palmeiras em um cerrado sensu stricto no Brasil Central-DF. *Revista Brasileira de Botânica*, 26(3), 361-370.

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

Manfio, C.E., Motoike, S.Y., Deon, M.D.R., Santos, C.E.M.D., Sato, A.Y. (2012). Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Brazilian Journal of Forest Research/Pesquisa Florestal Brasileira*, 32(69).

Meerow, A.W. (1991). Palm seed germination (Bulletin 274). Flórida: Cooperative extension service.

New World Fruits (2006). In: S. M. Nucci. (2007). Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba. Dissertação (Mestrado em agricultura tropical e subtropical). 82p. Instituto Agronômico, São Paulo.

Nucci, S.M. (2007). Desenvolvimento, caracterização e análise da utilidade de marcadores microssatélites em genética de população de macaúba. Dissertação (Mestrado em agricultura tropical e subtropical). 82p. Instituto Agronômico, Campinas - SP.

Oliveira, M.S.P.; Amorim, E.P.; Santos, J.B.; Ferreira, D.F. Diversidade genética entre subamostras de açaizeiro baseada em marcadores RAPD. *Ciência Agrotécnica*, 31, p. 1645-1653, 2007.

Quintela, C.M.; Teixeira, L.S.G.; Korn, M.G.A. Cadeia do biodiesel da bancada à indústria: uma visão geral com prospecção de tarefas e oportunidades para PD&I. *Química Nova*, v.32, n. 3, p. 301-304, 2004.

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

Remape. Disponível em: <<http://www.macauba.ufv.br/>>. Acesso em: 30 de jul. 2016.

Salles, G. Macaúba pode ser matéria-prima alternativa para biodiesel. Disponível em: <http://www.biodieselbr.com/noticias/biodiesel/macauba-materia-prima-alternativa-biodiesel-25-09-06.htm>. Acesso em: 30 jul. 2016.

Scariot, A.O. Seed dispersal and predation of the palm *Acrocomia aculeata*. *Principes*, Brasília, v.42, n.1, p.5-8, 1998.

Silva, J.C. Macaúba: fonte de matéria-prima para os setores alimentício, energético e industrial. 1994. 41f. Monografia (Cultivo de essências exóticas e nativas) - Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa-UFV. Viçosa.

Teixeira, L.C. Potencialidades de oleaginosas para produção de biodiesel. *Informe Agropecuário*, v.26, p. 18-27, 2005.

Universidade Federal de Viçosa – UFV (Viçosa – MG). Adauto Quirino de Sá Junior, Francisco de Assis Lopes, Mychelle Carvalho, Márcio Antônio da Rocha Oliveira & Sérgio Yoshimitsu Motoike. Processo de germinação e produção de sementes pré-geminadas de palmeiras do gênero *Acrocomia*. BR n° PI 0703180-7 A2, 20 de julho de 2007, 10 de março de 2009.

Wandeck, F.A., Justo, P.G. A macaúba, fonte energética e insumo industrial: sua significação econômica no Brasil. In: Simpósio Sobre o Cerrado, Savanas, 6. 1988, Brasília. Anais ... Planaltina: EMBRAPA, CPAC, 1988. p. 541-577.

Zhou, Z.; Robards, K.; Helliwell, S.; Blanchard, C. Ageing of stored rice: changes in chemical and physical attributes. *Journal of Cereal Science*, v. 35, p. 65-78, 2002.

CAPÍTULO I

Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics

ABSTRACT

Macaw palm (*Acrocomia aculeata*) is a promising species for use in biofuel production, and establishing breeding programs is important for the development of commercial plantations. The aim of the present study was to analyze genetic diversity, verify correlations between traits, estimate genetic parameters, and select different accessions of *A. aculeata* in the Macaw Palm Germplasm Bank located in Universidade Federal de Viçosa, to develop a breeding program for this species. Accessions were selected based on precocity (PREC), total spathe (TS), diameter at breast height (DBH), height of the first spathe (HFS), and canopy area (CA). The traits were evaluated in 52 accessions during the 2012/2013 season and analyzed by restricted estimation maximum likelihood/best linear unbiased predictor procedures. Genetic diversity resulted in the formation of four groups by Tocher's clustering method. The correlation analysis showed it was possible to have indirect and early selection for the traits PREC and DBH. Estimated genetic parameters strengthened the genetic variability verified by cluster analysis. Narrow-sense heritability was classified as moderate (PREC, TS, and CA) to high (HFS and DBH), resulting in strong genetic control of the traits and success in obtaining genetic gains by selection. Accuracy values were classified as moderate (PREC and CA) to high (TS, HFS, and DBH), reinforcing the success of the selection process. Selection of accessions for PREC, TS, and HFS by the rank-average method permits selection gains of over 100%, emphasizing the successful use of the accessions in breeding programs and obtaining superior genotypes for commercial plantations.

Keywords: Biofuel; Plant genetic resource; Genetic parameters; Genetic diversity; Heritability; *Acrocomia aculeata*

1. INTRODUCTION

Awareness of the consequences of exploiting non-renewable resources for fuel production, together with rising petroleum prices and increased emission of greenhouse gases, has stimulated researchers to develop alternative sustainable energy resources, and has boosted the demand for biofuels (Gan and Li, 2013).

Macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. (Arecaceae), stands out as a promising genetic resource in the biofuel sector. It is a native and rustic palm tree, with great potential for oil production and is widely distributed in the tropical and subtropical Americas, with Brazil being a center of origin (Lanes et al., 2015). These features make the macaw palm a major national genetic resource that can be managed for biofuel industries. Motoike and Kuki (2009) reported that the macaw palm has similar productive potential (4500 L oil production per ha/year; Roscoe et al., 2007) to African oil palm (*Elaeis guineensis*), which is among the highest oil-yielding plants in the world (FAO, 2013). This indicates the importance of the macaw palm in the biofuel sector. In addition, the high demand and use of its derivative products add value and sustainability to the production chain.

Conversely, macaw palm is currently exploited as an extractive activity (Wandek and Justo, 1988); therefore, domestication and breeding of this plant are essential to establish competitive plantations. In this scenario, plant breeding is a crucial step in agribusiness, since it permits the development of cultivars that meet the demands of markets and farmers permitting the establishment of these plantations.

The genetic diversity of the species, which is conserved as germplasm, is the key factor on which the success of plant breeding programs relies. The Macaw Palm Germplasm Bank of Universidade Federal de Viçosa contains 302 accessions (openpollinated progenies) totaling 1322 plants, collected from diverse Brazilian biomes, which makes this the main Germplasm Bank registered in the world for this palm tree.

Quantifying genetic diversity and determining its magnitude by efficient methods of estimation help to successfully select the best individuals to establish the next generation, maximizing genetic gains and efficiency in the development of new cultivars (Farias Neto et al., 2013).

Few studies have estimated the genetic parameters of *A. aculeata* (Manfio et al., 2012; Berton et al., 2013). However, no studies have investigated individual heritability and average heritability levels related to traits such as precocity (PREC), total of spathes (TS), diameter at breast height (DBH), height of the first spathe (HFS), and canopy area (CA), which are main features in the initial stage of selection for the crop ideotype.

Therefore, this study aimed to generate information for the breeding of *A. aculeata* by quantifying genetic diversity, estimating genetic parameters related to the genetic control of the traits, and identifying superior genotypes from the Macaw Palm Germplasm Bank in Universidade Federal de Viçosa. Accessions with favorable features were selected for the development of cultivars for commercial plantations, contributing to the rational exploitation of the species as a renewal biofuel source.

2. MATERIALS AND METHODS

2.1 Germplasm Bank

Evaluations were conducted using the Macaw Palm Germplasm Bank (BAGMacaúba), registration No. 084/2013, SECEX/CGEN, from Universidade Federal de Viçosa, located in Araponga, State of Minas Gerais. Fifty-two accessions represented open-pollinated progenies, 305 plants collected across Minas Gerais and São Paulo (Table 1) were introduced in 2009 and evaluated during the 2012/2013 season. Genotypes were arranged in a completely randomized design with variation from 2 to 10 plants per accession, accordingly, using the plants available for each accession in the germplasm bank.

Table 1 - Site of collection/source of the accessions from BAG – Macaúba.

ACCESSION	REGION	ACCESSION	REGION
BGP 1	Campos das Vertentes - MG	BGP 17	Belo Horizonte - MG
BGP 3	Campos das Vertentes - MG	BGP 21	Belo Horizonte - MG
BGP 5	Campos das Vertentes - MG	BGP 28	Belo Horizonte - MG
BGP 6	Campos das Vertentes - MG	BGP 29	Belo Horizonte - MG
BGP 14	Campos das Vertentes - MG	BGP 33	Belo Horizonte - MG
BGP 15	Campos das Vertentes - MG	BGP 36	Belo Horizonte - MG
BGP 24	Campos das Vertentes - MG	BGP 38	Belo Horizonte - MG
BGP 43	Campos das Vertentes - MG	BGP 48	Belo Horizonte - MG
BGP 53	Campos das Vertentes - MG	BGP 52	Belo Horizonte - MG
BGP 16	Centro - MG	BGP 45	Noroeste - MG
BGP 20	Centro - MG	BGP 19	Norte - MG
BGP 22	Centro - MG	BGP 25	Norte - MG
BGP 27	Centro - MG	BGP 30	Norte - MG
BGP 31	Centro - MG	BGP 49	Norte - MG
BGP 32	Centro - MG	BGP 26	Oeste - MG
BGP 37	Centro - MG	BGP 23	Sem Identificação
BGP 40	Centro - MG	BGP 41	Sem Identificação
BGP 46	Centro - MG	BGP 34	Sudeste - SP
BGP 50	Centro - MG	BGP 35	Sudeste - SP
BGP 54	Centro - MG	BGP 39	Sudeste - SP
BGP 2	Belo Horizonte - MG	BGP 42	Sudeste - SP
BGP 4	Belo Horizonte - MG	BGP 47	Sudeste - SP
BGP 7	Belo Horizonte - MG	BGP 51	Sudeste - SP
BGP 8	Belo Horizonte - MG	BGP 12	Triangulo Mineiro - MG
BGP 11	Belo Horizonte - MG	BGP 9	Zona da Mata - MG
BGP 13	Belo Horizonte - MG	BGP 44	Zona da Mata - MG

BGP: Banco de Germoplasma de Palmáceas; MG: Minas Gerais region; SP: São Paulo region.

2.2 Evaluations

The evaluated traits allowed information to be added to a species ideotype. The following vegetative biometric traits were considered: HFS (in meters, measured with a

Haglof EC II digital clinometer), DBH (in centimeters, measured with a caliper rule), and AC (in square-meters, measured through an aerial photo documentation technique). Phenological and reproductive traits such as PREC, which was determined by the age of the plant (days after planting) when the first spathe was emitted, and TS, which were counted every 15 days during the productive cycle season, were also calculated.

2.3 Statistical analyses

All analyses were performed using the software Selegen-REML/BLUP [Sistema Estatístico de Seleção Genética Computadorizada via restricted estimation maximumlikelihood (REML)/best linear unbiased predictor (BLUP)], 2014 version (Resende, 2002).

Genetic diversity and principal component analysis: Cluster analyses based on multivariate genotypic divergence were achieved by Mahalanobis distance with clusters delimited by Tocher's optimization method. Principal component analysis was based on the standardized genotypic values, permitting the identification of major variables by the highest absolute scores in the first components (Sokal and Rohlf, 1995).

Genetic correlation: Genotypic correlations were obtained through multivariate analyses between pairs of variables.

Genetic parameters and selection index: Estimations of variance components, genetic parameters, and genetic values were obtained by mixed-model methodology, REML/ BLUP procedures, following the model:

Model

$$y = Xb + Zg + e \quad (1)$$

where y , b , g , and e represent data vector, fixed effects (general mean), additive genetic effects (random), and random error, respectively. X and Z represent the incidence matrices for b and g , respectively.

X and Z: incidence matrices for b and g, respectively.

Mix Model Equation:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}((1-h^2)/h^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{b}} \\ \hat{\mathbf{g}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix} \quad (2)$$

Where $h^2 = \hat{\sigma}_g^2 / (\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2)$ represent the narrow-sense heritability.

Variance components estimators by EM Algorithm

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

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{\mathbf{g}}'\mathbf{A}^{-1}\hat{\mathbf{g}} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } \mathbf{C}^{22}] / N_g \quad (4)$$

where $r(\mathbf{X})$ represents the rank or number of linearly independent columns of X, and \mathbf{C}^{22} is:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{C}^{11} & \mathbf{C}^{12} \\ \mathbf{C}^{21} & \mathbf{C}^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1}(\hat{\sigma}_e^2 / \hat{\sigma}_g^2) \end{bmatrix}^{-1} \quad (5)$$

Where N_g is the number of random elements (individuals), A is the genetic additive kinship matrix, Tr is the trace operator of a matrix, given by the sum of diagonal elements of the X matrix, and N is total number of observations.

Predicted additive genetic values were used to calculate the selection index based on the rank-average (Mulamba and Mock, 1978) for the accessions. The following traits were considered for the selection process: PREC, TS, and HFS. The selection process aimed to associate favorable traits resulting in improved crops for all traits considered simultaneously. Thus, selected plants that have earlier production (PREC), with a greater number of spathes, are considered to yield high production, and with shorter height for spathe emission, thereby simplifying the harvesting and management of bunches.

3. RESULTS

3.1 Genetic diversity and principal component analysis

Cluster analyses of the 52 Macaw palm accessions using Tocher's method (Table 2) resulted in four main groups, from which the first group (G1) brought together 92% of the accessions. Two accessions from Minas Gerais grouped together in a separate group (G2) followed by two accessions collected in the São Paulo region, which formed two distinct clusters (G3 and G4).

Table 2 - Cluster analyses of 52 *Acrocomia aculeata* accessions established by Tocher's method based on the Mahalanobis distance.

Group	Accessions
G1	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 13 14 15 16 17 19 20 21 22 23 24 25 27 28 29 30 31 32 33 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 48 49 50 51 52 53 54
G2	12 26
G3	34
G4	47

Principal component analyses are able to distinguish the relevance of each character in relation to the total variation presented by the genotypes. CA was the trait that contributed most to the discrimination among accessions, showing the highest absolute score for the first and second principal components, followed by HFS, which showed the highest score in the third component. Together, CA and HFS were responsible for 92% of the observed variation (Table 3).

Table 3 - Estimation of eigenvectors associated with the principal components, obtained by the genetic correlations between five traits of *Acrocomia aculeata*.

Components	PREC	TS	DBH	CA	HFS	Accumulated Variation (%)
PC1	0.5301	0.3621	0.2365	-0.6968	0.2155	44.79
PC2	-0.4902	-0.4198	-0.2939	-0.7038	-0.0419	74.38
PC3	-0.4067	0.6005	0.2108	-0.1247	-0.6434	92.55
PC4	-0.206	0.5721	-0.6603	0.0519	0.4378	97.5
PC5	0.5205	-0.0686	-0.6142	-0.0301	-0.5884	100

PREC = precocity; TS= total spathe; DBH = diameter at breast highness; CA = canopy area; HFS = height of the first spathe.

3.2 Genetic Correlation

The traits PREC and TS, DBH and HFS, and DBH and CA showed correlation values considered satisfactory for indirect selection (Table 4), with values higher than 0.5, which can be used in breeding programs when seeking to obtain gains in one trait by the selection of another.

Table 4 - Genetic correlation matrix for five traits of *Acrocomia aculeata*.

Trait	PREC	TS	DBH	CA	HFS
PREC	1	-0.7499	-0.1116	-0.077	0.4385
TS	-0.7499	1	0.0422	0.0358	-0.3564
DBH	-0.1116	0.0422	1	0.5326	-0.6042
CA	-0.077	0.0358	0.5326	1	0.0377
HFS	0.4385	-0.3564	-0.6042	0.0377	1

PREC = precocity; TS= total spathe; DBH = diameter at breast highness; CA = canopy area; HFS = height of the first spathe.

3.3 Genetic parameters and selection index

According to Resende (2002), individual heritability values lower than 0.15 are classified as “low”, values from 0.15 to 0.50 are classified as “moderate”, and values higher than 0.5 are classified as “high”. For the estimated genetic parameters (Table 5), narrow sense heritability (h^2_a) presented moderate values for PREC, TS, and CA, and high values for DBH and HFS.

Table 5 - Genetic parameters estimation obtained for 52 *Acrocomia aculeata* accessions, related to the traits precocity (PREC), total spathe (TS), diameter at breast highness (DBH), canopy area (CA) and height of the first spathe (HFS).

Parameters	PREC	TS	DBH	CA	HFS
Vg	4923.74	5.28	25.44	3.41	0.57
Ve	20976.54	14.21	27.46	18.88	0.60
Vf	25900.29	19.49	52.90	22.29	1.17
CVg	4.48	26.78	12.67	12.82	34.79
h²a	0.34 ± 0.14	0.48 ± 0.17	0.85 ± 0.19	0.27 ± 0.10	0.87 ± 0.22
h²mp	0.44	0.55	0.77	0.46	0.72
Accuracy	0.66	0.74	0.88	0.68	0.85
M	1567.82	8.58	39.81	14.40	2.17

Vg: genetic variance among accessions; Ve: residual variance; Vf: individual phenotypic variance; CVg: coefficient of genetic variation; h²a: heritability of individual plants in the narrow sense; h²mp: heritability at progeny means level; M: overall mean.

According to Resende (2002), accuracy values between 0.40 and 0.70 are classified as “moderate” and values higher than 0.70 are classified as “high”. The traits PREC and CA showed moderate accuracy values for progeny selection, while the traits TS, DBH, and HFS showed high values.

By the average-rank selection index (Mulamba and Mock, 1978), based on genotypic values (Table 6), accessions were ranked for selection of the traits PREC, TS, and HFS. The lower rank-average values indicate a more favorable combination of traits established for the selection in the classification rank (Corrêa et al., 2015).

Table 6 - Classification based on rank sum related to traits precocity (PREC), total spathe (TS) and height of the first spathe (HFS) for 52 *Acrocomia aculeata* accessions.

Order	Accession	PREC	TS	HFS	Average-rank
1	36	3	6	2	3.7
2	44	10	4	3	5.7
3	4	2	2	16	6.7
4	2	5	7	9	7.0
5	35	6	11	10	9.0
6	11	7	18	4	9.7
7	3	13	9	8	10.0
8	30	12	3	18	11.0
9	23	9	8	17	11.3
10	47	4	1	32	12.3
11	6	8	24	12	14.7
12	49	11	13	20	14.7

13	14	14	20	11	15.0
14	15	18	16	14	16.0
15	26	1	5	43	16.3
16	31	23	17	15	18.3
17	8	16	15	25	18.7
18	13	15	38	5	19.3
19	29	21	33	6	20.0
20	43	30	10	23	21.0
21	42	29	12	29	23.3
22	1	20	34	24	26.0
23	7	17	30	31	26.0
24	9	44	21	13	26.0
25	21	19	31	30	26.7
26	5	35	45	1	27.0
27	52	39	37	7	27.7
28	27	25	14	45	28.0
29	39	22	23	42	29.0
30	19	34	22	34	30.0
31	33	27	36	28	30.3
32	28	31	27	35	31.0
33	50	24	29	40	31.0
34	38	49	25	22	32.0
35	48	37	32	27	32.0
36	41	36	26	41	34.3
37	51	33	28	44	35.0
38	46	28	43	39	36.7
39	40	42	19	50	37.0
40	53	50	40	21	37.0
41	25	46	35	33	38.0
42	54	45	44	26	38.3
43	12	26	39	51	38.7
44	24	40	41	38	39.7
45	17	52	51	19	40.7
46	22	38	42	49	43.0
47	34	32	50	48	43.3
48	37	47	47	36	43.3
49	45	48	48	37	44.3
50	20	43	46	46	45.0
51	16	41	52	52	48.3
52	32	51	49	47	49.0

For the proposed ideotype, selection of the top 20 accessions resulted in selection gains higher than 100%. Two accessions corresponding to progenies from São Paulo were selected (35 and 47), and the others corresponded to the Minas Gerais region.

4. DISCUSSION

Diversity of plant genetic resources provides plant breeders the opportunity to develop new and improved cultivars with desirable characteristics, which include both farmer- and breeder-preferred traits (Govindaraj et al., 2015).

In the present diversity study, cluster analysis showed the formation of four main groups (Table 2). The first group (G1) contained the greatest proportion of the accessions (92% of the total), from which, 67% collected in São Paulo were grouped together with 96% of the accessions from Minas Gerais.

Additionally, four accessions stand out for their high dissimilarity, and formed separate groups, where two genotypes from São Paulo grouped separately in G3 and G4, showing they have high divergence from the other accessions and from each other. Even with the high similarity among the genotypes collected in Minas Gerais, two stood out, forming a separate group (G2), where both were collected in different and specific regions of Minas Gerais as compared with the other accessions (Table 1). Oliveira et al. (2012) and Lanes et al. (2015) also reported that subpopulations exist among *A. aculeata* accessions collected in the Minas Gerais region, based on molecular markers, strengthening the existence of genetic diversity among accessions collected in this region. Manfio et al. (2012) found a good correlation among geographic collection sites and genetic divergence of *A. aculeata* genotypes for juvenile traits in cluster analysis. Principal component analysis revealed that the trait contributing most to the formation of the observed clusters was CA, which had the highest score in the first and second principal components (Table 3), and was responsible for 74% of the observed variation. Principal component analysis revealed that the trait that most contributed to the formation of the observed clusters was canopy area (CA), which had the highest score in the first and second principal components (Table 3), responsible for 74% of the observed variation.

Correlation calculations were based on genotypic estimates; components of which are only the genetic factors of the genotypes (Table 4). Genetic correlations of moderate magnitude were found between PREC and TS (-0.7499), DBH and HFS (-0.6042), and DBH and CA (0.5326). Information on correlations between traits is important for breeding programs, since it provides an understanding of how selecting a trait can cause simultaneous changes in other traits, in addition to informing on the pleiotropic action of genes (Farias Neto et al., 2008), for which selection strategies need to account for.

Correlation between traits is an important information for breeding programs, since it provides understanding on how selecting a trait can cause simultaneous changes in others, besides of informing on the pleiotropic action of genes (Farias Neto et al., 2008), that needs to be accounted for the selection strategies.

The negative association between PREC and TS indicates that the more precocious the accession, the greater the number of spathes, as the sooner production begins, the longer the available period to accumulate spathes during the productive season.

Thus, selection for precocious individuals would result in positive gains for total spathe. Breeding programs for perennial plants are expensive and involve long cycles, making the selection of superior genotypes an important activity, which should be carried out with all possible rigor for efficient experiments and accurate selection (Massaro et al., 2010). If positive associations are found between the number of spathes and production traits in future studies, it would be possible to proceed with early selection for the precocity trait.

The negative correlation between DBH and HFS indicates that selection for either of them could conversely affect the other, such that, the larger the DBH, the lower the HFS. Conversely, the positive correlation between DBH and CA indicates that selection for either of these traits can favorably affect the other, that is, the larger the DBH, the greater the CA.

DBH is a simple and fast trait to be measured, along with high heritability (85%); therefore, the correlation permits the selection of one of these traits when the other is difficult to select due to low heritability, and/or, measuring and identification problems, optimizing the process of the selection gain for this trait. In this case, due to the correlation between CA and HFS, where both traits are difficult to measure, DBH can be used as a trait for indirect selection.

Heritability is the genetic parameter of greatest importance for application in plant breeding programs (Corrêa et al., 2015). Its relevance is related to its ability to show how the genetic effects are presented in the individual's phenotype, since it is the genetic value that interests and influences the next generation (Falconer and Mackay, 1996). Narrow-sense heritability measures the proportion of the genetic variance that can be attributed to the additive genetic variance, which is associated with allelic effects that are transmitted to the next generation.

According to Resende (2002), the majority of quantitative characters of economic importance in perennial plants have individual heritability values of approximately 20%. The h^2_a values found in the present study were classified as moderate for the traits PREC, TS, and CA, and high for the traits DBH and HFS (Table 5), indicating that the traits have satisfactory genetic control and great potential to be transmitted to future generations, enabling selection of the best individual among families, as a selection unit.

The values for heritability at the progeny means level were similar in the present study and were classified as being of moderate (CA and PREC) and high (TS, DBH and HFS) magnitude. This demonstrates that the average phenotypic value of the progenies is a good predictor of genetic values and the phenotypic selection among progenies can be effective, allowing selection between families, which can be considered at the first selection stage as an option for the breeding program.

Heritability values of 38, 36, and 45% were found in previous studies for the trait number of bunches in oil palm, açai palm, and peach palm, respectively (Lopes et al., 2012; Farias Neto et al., 2008, 2013), consistent with the heritability value for TS found in the present study. In addition, Lopes et al. (2012) reported a heritability value of 75% for the trait height of the first bunch, which is classified as high, as the value found for HFS.

Genetic variability can also be confirmed and quantified by the coefficient of genetic variation (Cvg), which expresses the magnitude of genetic variation in relation to the trait average (Farias Neto et al., 2013). The estimated Cvg values in the present study reinforce the genetic variability present among accessions (Table 5), as shown by cluster analysis (Table 2) and by the heritability values presented above. This confirms the potential of the accessions to establish a breeding population, since considerable genetic gain is expected by applying appropriate selection procedures.

The selection accuracy shows that there is a correlation between the real and predicted genetic values, and the higher the value, the more reliable the individuals' evaluation. According to the classification of heritability and accuracy in terms of magnitude and their associations as proposed by Resende (1997), the values found in this study were considered to be of moderate and high magnitude, indicating that there are advantages of performing selection using the evaluated traits. According to Resende (2002), values of this magnitude are appropriate in the early stages of breeding programs.

The selection process acts by promoting changes in the allelic frequencies at loci that control the character under selection, leading to changes in the genotypic average of the population in the desired direction. The selection method by rank-average index permits the selection of genotypes considering more than one character in the same selection cycle. This enables the selection to be optimized, resulting in simultaneous gains for all characters.

Considerable gains can be obtained through the selection of accessions for the proposed traits. The selection gains of the top 20 accessions exceeded 100%. Among those accessions, two from São Paulo were selected (BGP 35 and 47), and the remaining were from the Minas Gerais region, from where the top three accessions originated (BGP 36, 44 and 4).

This was the first study to investigate genetic diversity, genetic parameters, and correlations for vegetative, phenological, and reproductive traits in *A. aculeate* aiming to aggregate these traits to the final ideotype of the crop. For future studies, it will be necessary to investigate the correlation between these traits with the productivity and oil content to verify the possibility of early selection or indirect gain in the early stage of the breeding program for these productive traits.

5. CONCLUSION

In conclusion, accessions from BAG-Macaúba exhibit great genetic variability, as evidenced by diversity analyses, estimated heritability, and genetic variation coefficients. Such variability is essential for breeding programs of this species. The traits presented moderate-to-high narrow-sense heritability coefficients, revealing strong genetic control, which facilitates the breeding process. Correlations between traits permit genetic gains by indirect and early selection. Therefore, genetic selection gains considering all traits can be achieved, especially with the contribution of the accessions from Minas Gerais and São Paulo.

6. ACKNOWLEDGMENTS

The authors thank Petrobras SA for funding the research project and the National Council for Scientific and Technological Development of Brazil (CNPq) for granting scholarships.

7. REFERENCES

Berton, L.H.C., Azevedo Filho, J.A., Siqueira, W.J., Colombo, C.A., 2013. Seed germination and estimates of genetic parameters of promising macaw palm (*Acrocomia aculeata*) progenies for biofuel production. *Ind. Crop. Prod.* 51, 258-266.

Corrêa, T.R., Motoike, S.Y., Coser, S.M., Silveira, G. da, Resende, M.D.V., Chia, G.S., 2015. Estimation of genetic parameters for in vitro oil palm characteristics (*Elaeis guineensis* Jacq.) and selection of genotypes for cloning capacity and oil yield. *Ind. Crop. Prod.* 77, 1033-1038.

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. *Introduction to quantitative genetic*. Fourth ed. Essex: Longman.

FAO, 2013. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTATDatabase <http://faostat3.fao.org/home/E>.

Farias Neto, J.T., Resende, M.D.V., Oliveira, M.S.P., Nogueira, O.L., Falcão, P.N.B., Santos, N.S.A., 2008. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. *Rev. Bras. Frutic.* 30, 1051-1056.

Farias Neto, J.T., Clement, C.R., Resende, M.D.V., 2013. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no estado do Pará, Brasil. *Bragantia.* 32, 122-126.

Gan, P.Y.; Li, Z.D., 2013. Econometric study Malaysia's palm oil position in the world market to 2035. *Renewable Sust. Energ. Rev.* 39, 740-747.

Govindaraj, M., Vetriventhan, M., Srinivasan, M., 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genet. Res. Int*, 2015, 1-14.

Lanes, E.C.M., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Nick, C., Freitas, R.D., 2015. Molecular characterization and population structure of the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), ex situ germplasm collection using microsatellites markers. *J. Hered.* 1, 1-11.

Lopes, R., Cunha, R.N.V., Resende, M.D.V., 2012. Produção de cachos e parâmetros genéticos de híbridos de caiaué com dendezeiro. *Pesq. Agropec. Bras.* 47, 1496-1503.

Manfio, C.E., Motoike, S.Y., Resende, M.D.V.de, Santos, C.E.M.dos, Sato, A.Y., 2012. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Pesqui. Florest. Bras.* 32, 63-69.

Massaro, R.A.M., Bonine, C.A.V., Scarpinati, E.A., Paula, R.C., 2010. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. *Ci. Fl.* 20, 597-609.

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

Mulamba, N.N., Mock, J.J., 1978. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breending for plant traits. *Egypt. J. Genet. Cytol.* 7, 40-51.

Oliveira, D.A., Melo Júnior, A.F., Brandão, M.M., Rodrigues, L.A., Menezes, E.V., Ferreira, P.R.B., 2012. Genetic diversity in populations of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) in the northern region of Minas Gerais, Brazil. *Genet. Mol. Res.* 11, 531-538.

Resende, M.D.V., Avanços da genética biométrica Florestal. In: Encontro sobre temas de Genética e Melhoramento. 1997. Piracicaba. Anais. Piracicaba: ESALQ-USP.150-158.

Resende, M.D.V., 2002. Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.

Roscoe, R., Richetti, A., Maranhão, E., 2007. Análise de viabilidade técnica de oleaginosas para produção de biodiesel em Mato Grosso do Sul. RPA. 1, 48 -59.

Sokal, R.R., Rohlf, F.J., 1995. Biometry. Freeman Press, San Francisco.

Wandeck, F.A., Justo, P.G.A., 1988. Macaúba, fonte energética e insumo industrial: sua significação econômica no Brasil. In: Simpósio Sobre o Cerrado, Savanas, 6. 1988, Brasília. Anais. Planaltina: EMBRAPA, CPAC, p. 541-577

CAPÍTULO II

Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção de acessos e indivíduos de macaúba para precocidade, altura de emissão da espata e produção de óleo

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivos estimar parâmetros genéticos, verificar a correlação genética e realizar a predição de valores genéticos a fim de selecionar acessos de macaúba do Banco de Germoplasma de Macaúba da Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, utilizando a metodologia REML/BLUP para as características precocidade (PREC), altura de emissão da primeira espata (APE), número total de frutos (NFT), teor de óleo na polpa (TOP) e produção de óleo por planta (PROD). Trinta e seis acessos foram avaliados, com número de plantas variando de dois a dez. O programa computacional Selegen- Reml/Blup foi utilizado para as análises genéticas e a identificação dos melhores indivíduos para compor a população de produção de sementes para um programa a curto prazo e a de melhoramento para um programa a longo prazo. A herdabilidade individual e a acurácia seletiva foram classificadas como de magnitude moderada para as características PREC, NFT e PROD e alta para APE e TOP, refletindo em sucesso e segurança na seleção. Os maiores valores de correlação foram encontrados entre as características PREC e APE, PREC e NFT e NFT e PROD, possibilitando ganhos indiretos através da seleção das características de mais simples mensuração. A seleção dos 20 melhores indivíduos resulta em ganhos de 74,8% em relação a média para a característica PROD para a formação do pomar de sementes a curto prazo, já a seleção dos 52 melhores indivíduos resulta em ganhos de 40,5% para a formação da população de melhoramento a longa prazo. Considerando a seleção simultânea através do índice de seleção aditivo com pesos econômicos é possível obter ganhos diretos com a seleção para a característica PROD de 67,6%. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam excelente potencial seletivo dos acessos e variabilidade genética suficiente para o estabelecimento de populações para o melhoramento genético da macaúba.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*, biometria, melhoramento, parâmetros genéticos, biocombustíveis.

ABSTRACT

This study aimed to estimate genetic parameters, verify the genetic correlation and perform the prediction of breeding values in order to select macaw palm accessions from the Germplasm Bank in Federal University of Viçosa, Minas Gerais, using REML/BLUP methodology for the following traits: precocity (PREC), first spathe height (APE), total number of fruits (NTF), pulp oil (TOP) and oil production per plant (PROD). Thirty-six accessions were evaluated with number of plants ranging from two to ten. The computer program Selegen- Reml / Blup was used for genetic analysis and identification of the best individuals to compose the seed production population for a short-term program and the breeding population for a long-term program. The individual heritability and selective accuracy were classified as moderate magnitude for the traits PREC, NTF and PROD and high magnitude for APE and TOP, reflecting success and security in selection process. The highest correlation coefficients were found between the traits PREC and APE, PREC and NTF, and NTF and PROD, allowing indirect gains through selection of the simpler measurement trait. The selection of the top 20 individuals results in 74.8% gains over the average of PROD trait for a short-term seed orchard formation, since the selection of the top 52 individuals results in 40.5% gains for the formation of long-term breeding population. Considering the simultaneous selection through additive selection index with economic weights is possible to obtain direct gains from selection for PROD characteristic of 67.6%. Estimates of genetic parameters obtained show excellent selective potential of accessions and sufficient genetic variability for the establishment of populations for genetic breeding of macaw palm.

Keywords: *Acrocomia aculeata*, biometrics, breeding, genetic parameters, biofuels.

1. INTRODUÇÃO

A macaúba *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. é uma palmácea nativa distribuída nos mais diversos biomas brasileiros. Esta espécie destaca-se como recurso fitogenético para a produção de biodiesel (Nucci, 2007), devido ao seu alto potencial produtivo de óleo, comparável às principais espécies atualmente exploradas pelo setor de biocombustíveis.

A demanda por biocombustíveis nos próximos anos é crescente, devido a pressão ambiental para a redução da emissão de gases de efeito estufa e a busca pela sustentabilidade através do uso de fontes renováveis para a produção de combustíveis (Gan e Li, 2014). O uso da macaúba como um recurso fitogenético para a produção de biodiesel depende da adaptação da espécie para cultivo e a aplicação de tecnologias que contribuam para canalizar o potencial produtivo de óleo. Uma das tecnologias que mais tem contribuído para o incremento real na produção de óleo é o melhoramento genético (Nugroho et al., 2014; Corrêa et al., 2015). O melhoramento genético tem como objetivo selecionar os melhores indivíduos para constituir as próximas gerações, incrementando os valores das características alvo da seleção, de modo a reduzir esforços e abreviar o tempo necessário para obtenção de materiais genéticos superiores para cultivos comerciais (Farias Neto et al., 2013).

Para a obtenção de genótipos superiores é importante que estes apresentem boa performance para os caracteres sob seleção. Nesse sentido, uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos constitui base fundamental para o sucesso do processo seletivo, uma vez que estes dependerão dos valores genéticos aditivos estimados (Farias Neto et al., 2013). A precisa estimação de parâmetros genéticos e a eficiente seleção podem ser obtidas por meio da metodologia de modelos mistos.

Outro fator importante no melhoramento de plantas é o conhecimento da associação entre caracteres, uma vez que a seleção de um caráter pode resultar em alterações em outros correlacionados. Também a correlação é importante quando a seleção de um caractere é dificultada, em razão da baixa herdabilidade ou de problemas de mensuração e identificação (Cruz et al., 2004).

O estabelecimento de um ideótipo da cultura, definido como modelo hipotético de planta que apresenta características correlacionadas com a produtividade (Borém & Miranda, 2009), é também uma etapa crucial para o direcionamento do programa de melhoramento. Tais características são baseadas na demanda do mercado e dos produtores, de forma a atenderem as necessidades fitotécnicas e financeiras da cadeia produtiva. Com base no estudo

das características eleitas para a composição do ideótipo da cultura, serão adotadas estratégias de seleção que permitam agregar as características ideais em um único genótipo.

O processo seletivo pode ter como alvo uma única característica ou um conjunto de características. Para selecionar genótipos considerando uma combinação de características desejáveis, utilizam-se índices de seleção que permitam obter ganhos equilibrados para as características envolvidas (Freitas et al., 2014).

Diante do exposto o estudo teve como objetivo investigar a associação entre caracteres, estimar parâmetros genéticos e predizer os valores genéticos aditivos a partir da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), a fim de identificar e selecionar os materiais genéticos superiores no Banco de Germoplasma de Macaúba da Universidade Federal de Viçosa para composição das populações de melhoramento. Foram também quantificados o ganho genético e o tamanho efetivo populacional para o melhoramento de curto e longo prazos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Banco de Germoplasma

As avaliações foram realizadas no Banco de Germoplasma de Macaúba (BAG – Macaúba) registro nº 084/2013- SECEX/CGEN da Universidade Federal de Viçosa, localizado no município de Araponga, Minas Gerais. Foram avaliados 44 acessos, compostos por progênies de polinização aberta, coletados nos estados de Minas Gerais e São Paulo (Tabela 1), introduzidas em fevereiro de 2009. O delineamento adotado foi o DIC com número de plantas variando de dois a dez, de acordo com a disponibilidade de plantas por acesso que compõem o BAG – Macaúba.

Tabela 1. Local de coleta/origem dos acessos do BAG – Macaúba.

ACESSO	REGIÃO	ACESSO	REGIÃO
BGP 1	Campos das Vertentes - MG	BGP 13	Belo Horizonte - MG
BGP 3	Campos das Vertentes - MG	BGP 17	Belo Horizonte - MG
BGP 5	Campos das Vertentes - MG	BGP 21	Belo Horizonte - MG
BGP 6	Campos das Vertentes - MG	BGP 29	Belo Horizonte - MG
BGP 14	Campos das Vertentes - MG	BGP 33	Belo Horizonte - MG
BGP 15	Campos das Vertentes - MG	BGP 36	Belo Horizonte - MG
BGP 43	Campos das Vertentes - MG	BGP 38	Belo Horizonte - MG
BGP 53	Campos das Vertentes - MG	BGP 48	Belo Horizonte - MG
BGP 16	Centro – MG	BGP 52	Belo Horizonte - MG
BGP 20	Centro – MG	BGP 45	Noroeste - MG
BGP 22	Centro – MG	BGP 25	Norte - MG
BGP 27	Centro – MG	BGP 30	Norte - MG
BGP 31	Centro – MG	BGP 49	Norte - MG
BGP 32	Centro – MG	BGP 26	Oeste - MG
BGP 37	Centro – MG	BGP 23	Sem Identificação
BGP 40	Centro – MG	BGP 41	Sem Identificação
BGP 50	Centro – MG	BGP 35	Sudeste - SP
BGP 2	Belo Horizonte – MG	BGP 39	Sudeste - SP
BGP 4	Belo Horizonte – MG	BGP 42	Sudeste - SP
BGP 7	Belo Horizonte – MG	BGP 47	Sudeste - SP
BGP 8	Belo Horizonte – MG	BGP 9	Zona da Mata - MG
BGP 11	Belo Horizonte – MG	BGP 44	Zona da Mata - MG

BGP: Banco de Germoplasma de Palmáceas; MG: Minas Gerais; SP: São Paulo.

2.2 Avaliações

Os acessos foram avaliados quanto à precocidade (PREC), através da idade (em dias após o transplante) de emissão da primeira espata floral de cada acesso. A altura de emissão da primeira espata (APE - m) foi mensurada com clinômetro digital Haglof EC II. O número de frutos foi quantificado através da contagem total de frutos por cacho. A polpa dos frutos foi seca em estufa a 105°C/24 horas e em seguida foram pesadas individualmente em balança de precisão para obtenção da massa seca (g). A avaliação do teor de óleo da polpa (%) foi realizada através de espectrometria de infravermelho próximo - NIR (Varian® FT-IR 660),

sendo os espectros obtidos no mesocarpo de cada fruto. Para obtenção da produção de óleo por planta (Kg), foi feito o produto: (número de frutos) x (massa seca da polpa) x (teor de óleo).

2.3 Análises Estatísticas

Todas as análises foram efetuadas no software Selegen-Reml/Blup (Sistema Estatístico de Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos) – versão 2014 (Resende, 2002).

Correlação entre caracteres: foram obtidas as correlações genótípicas ou correlação entre os valores genóticos através de análise multivariada entre pares de variáveis; Parâmetros genéticos: As estimativas dos componentes de variância, parâmetros genéticos e valores genéticos foram obtidos pela metodologia de modelos mistos, procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita)/BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada) (Resende, 2007), conforme modelo:

$$y = Xb + Zg + e, \text{ em que:}$$

y, b, g, e: vetores de dados, de efeitos fixos (média geral), de efeitos genéticos aditivos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

X e Z: matrizes de incidência para b e g, respectivamente.

Equações de Modelo Misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}((1-h^2)/h^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

$h^2 = \hat{\sigma}_g^2 / (\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2)$: herdabilidade individual no sentido restrito.

Estimadores dos Componentes de Variância via Algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y] / [N - r(X)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \left[\hat{g}'A^{-1}\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22} \right] / N_g, \text{ em que:}$$

r(X): posto ou número de colunas linearmente independentes de X.

$$C^{22} \text{ é da forma } \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2 / \sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}$$

N_g : número de elementos aleatórios (indivíduos).

A: matriz de parentesco genético aditivo.

tr: operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz.

N: número total de dados.

Índice de seleção: O índice aditivo é estabelecido por uma combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos, como apresentado a seguir:

$$I = (pVG)_{PREC} + (pVG)_{APE} + (pVG)_{NTF} + (pVG)_{TOP} + (pVG)_{PROD}$$

Em que: p é o peso econômico estabelecido para o caráter e VG é o valor genotípico predito. Em um amplo contexto, o caráter de maior importância no melhoramento de macaúba é a produção de óleo (PROD). Para a composição do índice de seleção a determinação dos pesos econômicos dos caracteres foi baseada nas correlações genéticas envolvendo os vários caracteres e a característica PROD, pela expressão peso caráter $p_i = (\text{correlação}(i, \text{PROD})) / (\text{soma das correlações entre cada caráter } i \text{ e a PROD})$ segundo proposto por Resende (2007).

O ideótipo proposto para o índice de seleção tem como foco plantas mais produtivas (PROD), com maior número total de frutos (NTF), maior teor de óleo na polpa (TOP), precoces (PREC) e com menor altura de emissão da primeira espata (APE). Os valores genéticos preditos pela metodologia BLUP, foram usados para calcular o índice de seleção aditivo com pesos econômicos.

3. RESULTADOS

Os valores de herdabilidade individual podem ser classificados em três classes conforme proposto por Resende (2002): valores menores que 0,15 são classificados como “baixos”, valores entre 0,15 e 0,50 são considerados “moderados” e valores superiores à 0,50 são considerados “altos”. Dentre os parâmetros genéticos estimados (Tabela 2), a herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) apresentou valores moderados para as características PREC, NTF e PROD, já as características APE e TOP apresentaram valores classificados como altos.

O mesmo autor também propõe classes para os valores de acurácia, onde valores de acurácia seletiva entre 0,40 e 0,70 são considerados “moderados” e valores superiores a 0,70 “altos”. As variáveis PREC, NTF e PROD apresentaram valores de acurácia moderados para a seleção de acessos enquanto as variáveis APE e TOP apresentaram valores altos.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos obtidos da análise de 44 acessos de *Acrocomia aculeata*, em relação à cinco características fenológicas e produtivas.

Parâmetro	PREC	APE	NTF	TOP	PROD
Vg	3239.29	0.39	8115.37	2.13	0.24
Ve	24100.26	0.51	45428.40	4.51	1.05
Vf	27339.55	0.90	53543.77	6.65	1.30
CVg	3.74	32.20	31.60	2.6	44.13
h ² a	0.21 ± 0.14	0.76 ± 0.28	0.27 ± 0.16	0.57 ± 0.24	0.33 ± 0.18
h ² mp	0.26	0.63	0.31	0.52	0.36
Acurácia	0.51	0.80	0.55	0.72	0.60
M	1520.69	1.94	285.03	56.16	1.11

Vg = variância genética entre progênies; Ve = variância residual; Vf = variância fenotípica individual; CVg = coeficiente de variação genotípica; h²a = herdabilidade individual no sentido restrito; h²mp = herdabilidade da média de progênies; M = média geral do experimento; PREC = precocidade; APE = altura da primeira espata; NTF = número total de frutos; TOP = teor de óleo na polpa; PROD = produção de óleo/kg; Taxa de autofecundação = 0,5.

Na análise de correlação genética (Tabela 3), as características PROD e NTF, PREC e APE e PREC e NTF, apresentaram correlações de magnitude alta (0.89) e moderadas (0.54 e -0.40) respectivamente, possibilitando ganhos indiretos com a seleção e conhecimento sobre a direção das alterações que a seleção em uma característica poderá causar na outra correlacionada.

Tabela 3. Matriz de correlação genética para cinco características fenológicas e produtivas de acessos de *Acrocomia aculeata*.

Característica	PREC	APE	NTF	TOP	PROD
PREC	1.00	0.54	-0.40	0.02	-0.30
APE	-	1.00	0.10	-0.34	0.15
NTF	-	-	1.00	0.18	0.89
TOP	-	-	-	1.00	0.18
PROD	-	-	-	-	1.00

PREC = precocidade; APE = altura da primeira espata; NTF = número total de frutos; TOP = teor de óleo na polpa; PROD = produção de óleo/kg.

O ganho genético predito e as novas médias para a seleção de acessos para a característica PROD são apresentados na Tabela 4. A seleção dos 20 melhores indivíduos englobou 9 acessos distintos, elevando a média da população de 1.11 kg para 1.94 kg de óleo/planta, ou seja, ganho genético de 74.8%. Tamanho efetivo adequado tanto para a

seleção a curto prazo quanto a longo prazo são obtidos com a seleção de 20 ($N_e = 13.12$) e 52 ($N_e = 30.09$) indivíduos, respectivamente.

Tabela 4. Valores genéticos aditivos individuais, ganho genético e tamanho efetivo populacional (N_e) com a seleção dos melhores indivíduos no BAG-Macaúba para o caráter produção de óleo por planta (Kg), visando a propagação sexuada.

Ordem	Acesso	f	A	u+a	Ganho	Nova Média	Ne
1	8	8.43	2.50	3.63	2.50	3.63	1.00
2	8	4.33	1.39	2.52	1.95	3.07	1.60
3	8	3.34	1.13	2.25	1.67	2.80	2.00
4	37	4.53	1.12	2.25	1.53	2.66	2.67
5	49	3.93	0.92	2.05	1.41	2.54	3.66
6	43	3.68	0.89	2.01	1.33	2.45	4.65
7	26	3.04	0.76	1.89	1.24	2.37	5.63
8	36	3.43	0.71	1.83	1.18	2.31	6.62
9	26	2.73	0.67	1.80	1.12	2.25	7.25
10	47	3.02	0.65	1.78	1.07	2.20	8.23
11	38	3.46	0.65	1.78	1.04	2.16	9.21
12	43	2.75	0.64	1.76	1.00	2.13	9.83
13	26	2.50	0.61	1.74	0.97	2.10	10.11
14	8	1.37	0.59	1.72	0.95	2.07	10.13
15	8	1.22	0.55	1.68	0.92	2.05	9.99
16	50	2.76	0.51	1.64	0.89	2.02	10.90
17	26	2.12	0.51	1.64	0.87	2.00	11.08
18	36	2.66	0.50	1.63	0.85	1.98	11.76
19	47	2.26	0.45	1.58	0.83	1.96	12.44
20	50	2.30	0.39	1.52	0.81	1.94	13.12
21	27	2.35	0.38	1.51	0.79	1.92	14.01
22	8	0.49	0.36	1.49	0.77	1.90	13.77
23	26	1.55	0.36	1.48	0.75	1.88	13.82
24	43	1.66	0.34	1.47	0.73	1.86	14.30
25	6	2.28	0.33	1.46	0.72	1.85	15.15
26	29	2.39	0.31	1.44	0.70	1.83	16.01
27	50	2.01	0.31	1.44	0.69	1.82	16.48
28	15	2.18	0.29	1.42	0.67	1.80	17.34
29	36	1.88	0.29	1.42	0.66	1.79	17.81
30	47	1.62	0.28	1.41	0.65	1.78	18.28
31	27	1.85	0.24	1.37	0.63	1.76	18.96
32	16	1.82	0.23	1.36	0.62	1.75	19.82
33	43	1.23	0.23	1.35	0.61	1.74	20.09
34	41	1.85	0.22	1.35	0.60	1.73	20.94
35	1	1.89	0.19	1.32	0.59	1.71	21.81
36	41	1.74	0.19	1.32	0.57	1.70	22.48
37	47	1.24	0.17	1.30	0.56	1.69	22.74
38	22	1.59	0.16	1.29	0.55	1.68	23.61
39	50	1.42	0.15	1.28	0.54	1.67	23.87

40	27	1.50	0.15	1.28	0.53	1.66	24.35
41	35	1.59	0.15	1.28	0.52	1.65	25.20
42	36	1.33	0.14	1.27	0.51	1.64	25.48
43	53	1.95	0.14	1.27	0.51	1.63	26.33
44	6	1.50	0.12	1.25	0.50	1.63	27.00
45	32	1.92	0.12	1.25	0.49	1.62	27.86
46	50	1.30	0.12	1.25	0.48	1.61	27.94
47	15	1.53	0.12	1.25	0.47	1.60	28.61
48	22	1.32	0.09	1.22	0.46	1.59	29.28
49	43	0.69	0.08	1.21	0.46	1.59	29.37
50	36	1.10	0.08	1.21	0.45	1.58	29.48
51	26	0.50	0.07	1.20	0.44	1.57	29.43
52	38	1.23	0.05	1.18	0.43	1.56	30.09

f: valor fenotípico individual ou medição de campo; a: efeito genético aditivo predito; u + a: valor genético aditivo predito;

A seleção dos 16 melhores acessos para o índice de seleção aditivo com pesos está apresentada na Tabela 5. O acesso 8 foi destaque para ganhos simultâneos para as características concentradas no ideótipo proposto, seguido dos acessos 26, 49, 37 e 46, com valores de índice superiores a dois. A seleção destes acessos para a composição das populações de melhoramento resultará em cultivares produtivas, precoces e com baixa altura de emissão dos cachos.

Tabela 5. Índice aditivo com pesos econômicos para os 16 melhores acessos do BAG-Macaúba.

Ordem	Genitor	Índice
1	8	3.5601
2	26	2.4073
3	49	2.3705
4	37	2.2083
5	47	2.0067
6	36	1.7728
7	35	1.6507
8	43	1.5907
9	50	1.3363
10	6	1.1713
11	14	1.1456
12	13	1.1317
13	16	0.9916
14	38	0.9698
15	23	0.8504
16	41	0.8216
Média		0.8115

Na Tabela 6 estão os resultados dos ganhos diretos para a seleção focado na característica produção de óleo por planta (Kg) e os ganhos indiretos para as demais características apresentadas em porcentagem em relação à média. A seleção foi realizada para os cinco melhores indivíduos dos seis melhores acessos ranqueados pelo índice aditivo com pesos. Foi possível obter ganhos que resultaram em indivíduos mais precoces, com menor altura de emissão dos cachos e maior número de frutos. O ganho obtido para teor de óleo na polpa (TOP), no entanto, foi baixo em cada caráter, conforme esperado na seleção simultânea para várias características.

Tabela 6. Ganhos com seleção direta para a característica PROD e com a seleção indireta para as demais características resultantes da seleção dos cinco melhores indivíduos dos seis melhores acessos selecionados pelo índice de seleção aditivo com pesos.

Ganho/Caractere	PROD	PREC	APE	PFT	TOP
GSD (%)	67.6	-	-	-	-
GSI (%)	-	-3.23	-5.31	45.35	0.37

GSD = ganho com seleção direta; GSI = ganho com seleção indireta.

4. DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação genética expressam em porcentagem da média geral a quantidade de variação genética existente. As características tiveram valores expressivos para os caracteres APE, NTF e PROD (32.20, 31.60 e 44.13, respectivamente) e moderados para PREC e TOP (3.74 e 2.6, respectivamente) (Tabela 2). Esses resultados sugerem que a população estudada pode ser considerada um conjunto geneticamente promissor para o programa de melhoramento genético de *A. aculeata*, sendo possível a obtenção de ganhos expressivos via seleção.

Segundo Resende (2002), a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica apresentam herdabilidade individual em torno de 20%, corroborando com os valores aqui estimados (Tabela 2). Os valores de herdabilidade individual para as cinco características foram classificados de moderados à altos, representando bom controle genético das características e sucesso na transmissão destas às gerações futuras. Os valores de herdabilidade individual foram similares aos valores de herdabilidade média de progênes, dessa forma, é possível optar por ambas estratégias de seleção, ou pelo BLUP, que usa simultaneamente essas duas herdabilidades, possibilitando ganhos genéticos consideráveis em resposta à seleção. Farias Neto et al. (2008, 2013) encontrou valores de herdabilidade

também classificados como moderados para peso total de frutos em açazeiro e pupunheira (0,29 e 0,21 respectivamente).

Outro parâmetro genético que está intimamente ligado à herdabilidade do caráter, é a acurácia seletiva, esta por sua vez apresenta uma correlação entre os valores genéticos verdadeiros e preditos, e quanto maior o seu valor, mais pleno é a confiança na avaliação dos indivíduos (Resende, 2002). Os valores de acurácia seletiva foram classificados de moderados a altos, tais valores refletem a eficiência da estimativa acerca do valor genotípico do indivíduo, contribuindo com a eficiente seleção dos acessos (Farias Neto et al., 2013). A associação dos valores estimados de herdabilidade com os valores de acurácia revelam excelentes possibilidades de seleção no BAG-Macaúba.

As estimativas de correlações genotípicas entre os cinco caracteres, que refletem associações de natureza herdável, são apresentadas na Tabela 3. O estudo das correlações permite identificar características que causem efeito indireto na seleção (Vilarinho, 2001). A correlação genotípica de maior magnitude foi a que envolveu PTF e PROD (0.89), indicando que é possível aumentar a produção de kg de óleo por planta por intermédio da seleção indireta para peso total de frutos. A característica precocidade apresentou correlação de magnitude moderada com as características APE e NTF (0.54 e -0.40, respectivamente). A primeira associação positiva indica que quanto mais precoce o acesso, menor a altura de emissão da primeira espata, já a segunda associação negativa indica que alterações em um sentido nesta característica geram alterações em sentido contrário na outra, ou seja, quanto mais precoce o acesso maior o número total de frutos. A característica altura da primeira espata também apresentou correlação negativa e moderada com teor de óleo na polpa (-0.34), ou seja, quanto menor a altura de emissão de espatas maior o teor de óleo na polpa. As demais características apresentaram correlações de baixa magnitude, com destaque para a correlação entre PREC e PROD (-0.30), que revela a possibilidade de seleção de acessos produtivos em kg de óleo por planta e precoces, ideótipo de grande interesse para a cultura da macaúba.

Foram estabelecidos um tamanho efetivo mínimo de 13 e 30 para a composição das populações de produção de sementes a curto prazo e de melhoramento a longo prazo, respectivamente. Verificam-se altos ganhos genéticos empregando as duas modalidades de seleção. O tamanho efetivo populacional (N_e) refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva, referindo-se à representatividade genética dos mesmos. Dessa maneira, o manejo de Bancos de Germoplasma deve levar em consideração a conservação genética de forma a reter determinado nível de variabilidade genética considerando a

endogamia na geração de plantio, para a composição da população de produção de sementes e a manutenção de tamanho efetivo populacional compatível com a obtenção do limite seletivo para a composição da população de melhoramento (Resende & Bertolucci, 1995).

A seleção dos 20 melhores indivíduos para estabelecimento de um pomar de sementes pela metodologia do BLUP para incremento no caractere PROD (kg de óleo por planta), resultou em ganhos de 74.8%, elevando a média de 1.11 kg para 1.94 kg de óleo por planta, com tamanho efetivo populacional de 13.12, suficiente para prevenir a ocorrência de depressão endogâmica na geração de plantio (Tabela 4). Dentre esses 20 indivíduos selecionados (Tabela 3), há contribuição de 9 acessos diferentes (8, 26, 36, 37, 38, 43, 47 e 49), onde os indivíduos pertencentes ao acesso 8 contribuíram com cinco indivíduos, dos quais três ocuparam as três primeiras posições.

Por outro lado, a seleção dos 52 melhores indivíduos correspondente a, aproximadamente, 37% do total dos indivíduos existentes no experimento para o estabelecimento de uma população de melhoramento, simulando programa a longo prazo, é constituída por 20 famílias e proporcionou um ganho estimado de 40.5% em relação à média, elevando a média populacional de 1.11 kg para 1.56 kg e um tamanho efetivo de 30, suficiente para a manutenção da variabilidade genética e a obtenção de ganhos em ciclos subsequentes de seleção. Vale ressaltar que os valores genéticos aditivos são também úteis no planejamento dos cruzamentos para avaliação no próximo ciclo seletivo, podendo os indivíduos com os maiores valores genéticos aditivos participarem de maior número de cruzamentos (Farias Neto et al., 2008).

Para aumentar a probabilidade de sucesso em um programa de melhoramento, pode-se considerar a seleção de várias características de interesse simultaneamente, a fim de reunir em um único genótipo alelos que sejam favoráveis para essas características (Mendes et al., 2009). Dessa maneira, pode-se usar os índices de seleção, que constituem um caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres (Cruz et al., 2004).

O índice de seleção aditivo com pesos econômicos foi proposto para a seleção de acessos destinados a composição de um ideótipo final de plantas de macaúba produtivas em óleo, precoces, uma vez que quanto mais cedo o cultivar iniciar a produção, maior o retorno para o produtor e com baixa altura de emissão dos cachos a fim de facilitar o manejo da colheita. O acesso destaque para esse ideótipo que maximizou os ganhos para as características e pesos envolvidos foi o acesso 8, seguido dos acessos 26 e 49.

Para maximizar os ganhos e o N_e , a contribuição equitativa de genitor é sempre desejável, assim, foram selecionados os cinco melhores indivíduos dentro das seis melhores

famílias ranqueadas pelo índice aditivo para quantificação dos ganhos diretos para a característica produção de óleo por planta (Kg). O ganho direto para a PROD correspondeu a 67.7% em relação a média, resultando em ganhos de -3.23 e -5.31% em relação a média das características PREC e APE, como a intenção é que os valores de ambas sejam menores, os ganhos são consequentemente negativos. O ganho indireto para o número total de frutos (NTF) foi de 45.3% em relação a média, sendo um alto ganho e correspondente a alta correlação entre os caracteres PROD e NTF (0.89). O menor ganho indireto foi para a característica teor de óleo na polpa (TOP), com 0.37% em relação a média.

Este foi o primeiro estudo a avaliar características fenológicas e produtivas de macaúba em um banco de germoplasma, a fim de selecionar genótipos que possam direcionar a composição da população base de melhoramento para obtenção de cultivares de macaúba destinadas as demandas do setor de biocombustíveis. Por tratar-se de um banco de germoplasma em estágio inicial de produção, estudos futuros são recomendados para avaliar a estabilidade temporal de produção dos acessos e correlação com demais características que possam proporcionar seleção precoce.

5. CONCLUSÃO

Os acessos do BAG-Macaúba apresentaram considerável variabilidade genética, fato primordial e que permite a continuidade do programa de melhoramento desta espécie e de excelentes possibilidades para aumento da produção de óleo via seleção.

Os valores de correlação possibilitam ganhos indiretos para as características, especialmente para as de maior correlação, NTF e PROD, indicando que a seleção para produção de óleo por planta (Kg) pode ser realizada por meio da seleção daquela de mais fácil mensuração.

Ganho genético para a seleção tanto de uma característica quanto de múltiplas podem ser obtidos.

A seleção dos 20 melhores indivíduos para o caráter produção de óleo por planta (Kg) resultou em ganhos de 74% através do BLUP, já a seleção com base no índice de seleção resultou em ganhos de 67.7% para a mesma característica.

As estimativas dos parâmetros genéticos e do tamanho efetivo populacional obtidos revelam excelente potencial seletivo da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da população a curto e longo prazos.

6. REFERÊNCIAS

- Borém, A., Miranda, G.V., 2009. *Melhoramento de Plantas*. 5ª ed., Viçosa: UFV, 529p.
- Corrêa, T.R., Motoike, S.Y., Coser, S.M., Silveira, G. da, Resende, M.D.V., Chia, G.S., 2015. Estimation of genetic parameters for in vitro oil palm characteristics (*Elaeis guineensis* Jacq.) and selection of genotypes for cloning capacity and oil yield. *Ind. Crop. Prod.* 77, 1033-1038.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S., 2004. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3 ed. Viçosa: UFV.
- Farias Neto, J.T., Resende, M.D.V., Oliveira, M.S.P., Nogueira, O.L., Falcão, P.N.B., Santos, N.S.A., 2008. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênes de polinização aberta de açaizeiro. *Rev. Bras. Frutic.* 30, 1051-1056.
- Farias Neto, J.T., Clement, C.R., Resende, M.D.V., 2013. Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênes de polinização aberta de pupunheira no estado do Pará, Brasil. *Bragantia.* 32, 122-126.
- Freitas, I.L. de J., do Amaral Junior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.F., da Silva Cabral, P., Vittorazzi, C., Conceição Silva, T.R., 2014. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *PAB.* 48, 1464-1471.
- Gan, P.Y.; Li, Z.D., 2013. Econometric study Malaysia's palm oil position in the world market to 2035. *Renewable Sust. Energ. Rev.* 39, 740-747.
- Lanes, E.C.M., Motoike, S.Y., Kuki, K.N., Nick, C., Freitas, R.D., 2014. Molecular characterization and population structure of the macaw palm, *Acrocomia aculeata* (Arecaceae), ex situ germplasm collection using microsatellites markers. *J. Hered.* 1, 1-11.

Manfio, C.E., Motoike, S.Y., Resende, M.D.V.de, Santos, C.E.M. dos, Sato, A.Y., 2012. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Pesqui. Florest. Bras.* 32, 63-69.

Manfio, C.E., Motoike, S.Y., Santos, C.E.M.D., Pimentel, L.D., Queiroz, V.D., Sato, A.Y., 2011. Repeatability in biometric characteristics of macaw palm fruit. *Cienc. Rural*, 41, 70-76.

Mendes, F.F., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B., 2009. Índice de seleção para escolha de populações segregantes de feijoeiro-comum. *PAB.* 44, 1312-1318.

Mulamba, N.N., Mock, J.J., 1978. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt. J. Genet. Cytol.* 7, 40-51.

Mulato, B.M., Möller, M., Zucchi, M.I., Quecini, V., Pinheiro, J.B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. *PAB.* 45, 276-283, 2010.

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

Nugroho, Y.A., Sumertajaya, I.M., Wiendi, N.M.A., Toruan-Mathius, N., 2014. Estimation of genetic parameters for in vitro culture traits and selection best progenies for Tenera oil palm tissue culture. *Energy Procedia* 4, 316–322.

Oliveira, D.A., Melo Júnior, A.F., Brandão, M.M., Rodrigues, L.A., Menezes, E.V., Ferreira, P.R.B., 2012. Genetic diversity in populations of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) in the northern region of Minas Gerais, Brazil. *Genet. Mol. Res.* 11, 531-538.

Oliveira, M.D.S.P.D., Amorim, E.P., Santos, J.B.D., Ferreira, D.F., 2007. Diversidade genética entre acessos de açazeiro baseada em marcadores RAPD. *Ciênc. agrotec.* 31, 1645-1653.

Resende, M.D.V., 2002. *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes*. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília.

Resende, M.D.V., 2007. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 435 p.

Scariot, A.O., Lleras, E., Hay, J.D., 1991. Reproductive biology of the palm *Acrocomia aculeata* in central Brazil, *Biotropica* 23, 12-22.

Vilarinho, A.A., 2001. Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.). 79f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os acessos do BAG-Macaúba exibiram grande diversidade genética tanto para as características da fase juvenil, fenológica e reprodutiva quanto para as características de produção, fato primordial para o sucesso no estabelecimento de um programa de melhoramento para a espécie.

Os parâmetros genéticos estimados de herdabilidade e acurácia apresentaram valores de magnitude alta à moderada, revelando forte controle genético das características resultando no sucesso do processo seletivo e transmissão das características as gerações futuras às quais se desejam agregar as características de interesse.

O estudo da correlação genética entre os caracteres revelou a possibilidade de seleção precoce, obtenção de ganhos indiretos e descarte de características redundantes, o que resulta em redução do ciclo seletivo e maior rentabilidade ao processo de melhoramento.

Consideráveis ganhos com a seleção de características individuais ou um conjunto de características podem ser obtidos.

A variação apresentada para as características avaliadas possibilita a seleção de acessos para estabelecer populações de melhoramento a curto e longo prazo.

Este foi o primeiro trabalho a avaliar acessos de Macaúba em um Banco de Germoplasma desde a fase juvenil a fase produtiva contribuindo para enriquecer os conhecimentos a respeito do controle genético de caracteres da espécie e estabelecimento e planejamento do programa de melhoramento da mesma.