

HAROLDO SILVA RODRIGUES

**SELEÇÃO, DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES EM PROGÊNIES
DE MEIO-IRMÃOS DE PUPUNHEIRA PARA PRODUÇÃO DE PALMITO**

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
2017

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

T

R696s
2017

Rodrigues, Haroldo Silva, 1986-
Seleção, diversidade genética e correlações em progênies de
meio-irmãos de pupunheira para produção de palmito / Haroldo
Silva Rodrigues. – Viçosa, MG, 2017.
xi, 68f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Aluizio Borém de Oliveira.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Pupunheira. 2. Palmito - Melhoramento genético -
Amazônia. 3. Sementes - Qualidade. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação
em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 634.9745

HAROLDO SILVA RODRIGUES

**SELEÇÃO, DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES EM PROGÊNIES
DE MEIO-IRMÃOS DE PUPUNHEIRA PARA PRODUÇÃO DE PALMITO**

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: 4 de abril de 2017.



Renato Domiciano Silva Rosado



Antonio Carlos Baião de Oliveira



Cosme Damião Cruz
(Coorientador)



Ricardo Lopes
(Coorientador)



Aluízio Borém de Oliveira
(Orientador)

À DEUS,

Aos meus pais Manoel José Lobato Rodrigues e Selma Silva Pantoja Lobato, irmãos Humberto Silva Rodrigues e Manoel Teixeira Rodrigues Neto, à minha família, à Laís e toda família Batalha e amigos, os quais me incentivaram e me deram força para concluir mais este projeto de vida.

DEDICO.

“Não acreditem em nada só porque lhes foi dito. Não acreditem na tradição apenas porque foi passada de geração em geração. Não acreditem em nada só porque está escrito nos seus livros sagrados. Não acreditem em nada apenas por respeito à autoridade de seus mestres. Mas qualquer coisa que, depois do devido exame e análise, vocês achem que leva ao bem, ao benefício e ao bem-estar de todos os seres – nesta doutrina creiam e aferrem-se a ela e a tomem como guia.”

Buda

“Não basta saber, é preciso também aplicar; Não basta querer, é preciso também agir.”

Goethe

“Ciência sem religião é manca. Religião sem ciência é cega.”

Albert Einstein

“Somos o que pensamos. Tudo o que somos surge com nossos pensamentos. Como nossos pensamentos, fazemos nosso mundo.”

Buda

“Seja você a mudança que espera ver no mundo.”

Gandhi

“Tentem aprender algo sobre tudo e tudo sobre algo.”

Thomas Henry Huxley

“Escolha um trabalho que ames e não terás que trabalhar um único dia de sua vida.”

Confúcio

“Escrevam algo que valha a pena ler ou façam algo que valha a pena escrever.”

Benjamin Franklin

“Feliz aquele que transfere o que sabe e aprende o que ensina.”

Cora Coralina

“Os benefícios que possamos obter e as ações que tomamos devem sempre ter em mente
a sociedade como um todo”

“Nunca te orgulhes de haver vencido a um adversário, ao que venceste hoje poderá
derrotar-te amanhã. A única vitória que perdura é a que se conquista sobre a própria
ignorância.”

Jigoro Kano

“Meu filho, olhe o meu sapato, está furado, não vou comprar outro amanhã nem semana
que vem, mês que vem quem sabe, mas hoje eu tomei café, almocei e pretendo jantar”

“O meu trabalho, eu tomo café almoço e janto.”

Manoel José Lobato Rodrigues.

AGRADECIMENTOS

A DEUS por sempre me dar forças e iluminar o meu caminho.

Aos meus pais Manoel José Lobato Rodrigues e Selma Silva Pantoja Lobato e aos meus irmãos Humberto e Manoel pelo amor e apoio infinitos.

À Universidade Federal de Viçosa – UFV, professores, funcionários e amigos.

À EMBRAPA Amazônia Ocidental, todos os funcionários e amigos.

Ao Prof. Aluizio Borém pela orientação, apoio, amizade e ensinamentos.

Aos meus coorientadores Cosme Damião Cruz, Ricardo Lopes e Marcos Deon Vilela de Resende, pelos ensinamentos e orientações durante o curso e pelo apoio na realização deste experimento. Obrigado!

Ao professor Cosme Damião Cruz por todo apoio e amizade dado ao longo do trabalho e do curso.

Aos colegas e amigos do laboratório de bioinformática Ricardo, Rafael, Caio, Vinícius, Gislâyne, João, Luiza, Marciane, Gabi, Lais, Juninho, Ivan, Cristiano, Daiana, Isabela, Iara e Francyse.

Aos grandes amigos do Programa Soja – UFV, em especial Amilton, Francisco, André e Micheli (Programa Feijão - UFV), pelos momentos de descontração e muito trabalho na casa de vegetação na UFV.

Aos queridos amigos de república, Otávio, Amilton, Vidormar, Gabriel Feijoli, Gabriel Bonini, Brendow Roberto, Alex Junior, Luiz, Matheus, e Diego.

A FAPEMIG pela concessão da bolsa de estudos.

OBRIGADO.

BIOGRAFIA

HAROLDO SILVA RODRIGUES, filho de Manoel José Lobato Rodrigues e Selma Silva Pantoja Lobato, nascido em 28 de maio de 1986, em Parintins, no estado do Amazonas.

Cursou o ensino fundamental e médio na rede pública na cidade de Parintins/AM, em 2004 iniciou a graduação em Engenharia Agrônômica/Bacharelado, na Universidade Federal do Amazonas – UFAM.

Em 2006 iniciou como bolsista de iniciação científica pelo CNPq trabalhando com “INFLUÊNCIA DA DISPOSIÇÃO DOS TUBETES E DA APLICAÇÃO DE FERTILIZANTES DE LIBERAÇÃO LENTA, DURANTE O PRÉ-VIVEIRO, NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE DENDEZEIRO (*Elaeis guineensis* JACQ.)”, sob orientação do Dr. Paulo Cesar Teixeira, na EMBRAPA Amazonia Ocidental, onde permaneceu por um ano.

Em 2008 participou do programa de extensão universitária da University of Minnesota em Minnesota/EUA, onde trabalhou na área de fruticultura, atuando ativamente no sistema de produção de cerejas em Traverse City – MI, pelo período de oito meses.

Em 2010 foi bolsista de iniciação científica pelo CNPq, no Instituto de Pesquisa da Amazônia/INPA, onde realizou o trabalho “AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE DAS ESTIRPES DE RIZÓBIOS DA COLEÇÃO DO LABORATÓRIO DE MICROBIOLOGIA DO SOLO DO INPA-CPCA”, sob orientação do Dr. Luiz Augusto Gomes de Souza.

Em agosto de 2010 iniciou o projeto de conclusão de curso na EMBRAPA Amazônia Ocidental, sob orientação da Dr. Maria Tereza Gomes Lopes, trabalhando com “CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE PUPUNHEIRA PARA PRODUÇÃO DE PALMITO NO ESTADO DO AMAZONAS”, monografia aprovada em 22 de fevereiro de 2011.

Em julho de 2011 foi selecionado pelo programa de Pós-Graduação, Mestrado *Stricto Sensu*, em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa. Sob orientação do professor Aluizio Borém, realizou seus experimentos na Embrapa

Amazônia Oriental – CPAA, trabalhando com caracterização de banco de germoplasma de sacha inchi, resultando na dissertação intitulada “CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA, MORFOLÓGICA E AGRONÔMICA DE GERMOPLASMA DE SACHA INCHI (*Plukenetia volubilis* L.) NO ESTADO DO AMAZONAS”. A dissertação foi aprovada em 18 de julho de 2013.

Em agosto de 2013 iniciou o curso de doutorado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Ao longo do curso participou do programa de doutorado sanduíche, onde passou seis meses como Visiting Scholar no Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT), trabalhando no programa de melhoramento de milho para regiões de clima tropical sob a orientação do Dr. Felix San Vicente. Juntamente com o professor Cosme Damião Cruz, criou a página no Facebook e o canal no Youtube de suporte ao software GENES, ambos intitulados “GENES News”. Em 04 de abril de 2017 defendeu a tese intitulada “SELEÇÃO DE PROGÊNIES, ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA E CORRELAÇÕES EM PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DE PUPUNHEIRA PARA PRODUÇÃO DE PALMITO”, sendo ela aprovada pela banca avaliadora.

RESUMO

RODRIGUES, Haroldo Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2017. **Seleção de progênies, estudo de diversidade genética e correlações em progênies de meio-irmãos de pupunheira para produção de palmito.** Orientador: Aluizio Borém de Oliveira. Coorientadores: Cosme Damião Cruz, Ricardo Lopes e Marcos Deon Vilela de Resende.

A falta de sementes melhoradas de pupunheira para produção de palmito é um grande impedimento para o aumento da produtividade e da qualidade desse produto. Visando fornecer material melhorado, a Embrapa vem realizando um trabalho de melhoramento de pupunheira para produção de palmito visando o norte do país. Além de fornecer sementes melhoradas, espera-se alcançar melhorias sócias e ambientais, principalmente para pequenos produtores. Foi instalado na Embrapa Amazônia Ocidental um experimento em delineamento de blocos casualizados, composto por 72 progênies de pupunheira e 36 repetições. Esse experimento foi iniciado em 2006 e foi analisado por cinco anos consecutivos. As variáveis mensuradas foram peso do palmito basal, peso do palmito apical, que compreende ao palmito de segunda, peso do palmito, correspondente ao palmito de primeira, número de toletes de 9 cm de comprimento, diâmetro do palmito e comprimento do palmito. Foram realizadas análises visando seleção das melhores progênies e dos melhores indivíduos via modelos mistos, utilizando REML / BLUP, análise de repetibilidade e diversidade genética, além de estudos de correlações e análise de correlações canônicas e rede de correlações entre caracteres relacionados à massa produzida e caracteres associados ao volume de palmito. Este estudo revelou a superioridade de algumas progênies, destacando-se a progênie 157, que segundo o estudo de diversidade, pode ser utilizada como base para futuros cruzamentos. Por outro lado, o estudo de repetibilidade indica que grande número de medições é necessário para obtenção de medidas confiáveis. Existe alta correlação entre algumas variáveis, sendo possível a obtenção de plantas de baixo porte e com grande potencial produtivo, facilitando a colheita do palmito.

ABSTRACT

RODRIGUES, Haroldo Silva, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2017. **Progenie selection, genetic diversity and correlation studies in half-sibs progenies of peach palm for heart of palm production.** Adviser: Aluizio Borém de Oliveira. Co-advisers: Cosme Damião Cruz, Ricardo Lopes and Marcos Deon Vilela de Resende.

The lack of improved seeds of peach palm for palmito production is a major impediment to increasing the productivity and quality of this product. In order to supply improved material, Embrapa has been carrying out a work to breed peach palm for palmito production in the north of the country. In addition, to providing improved seeds, it is expected to achieve social and environmental improvements, especially for small producers. It was installed in Embrapa Western Amazon an experiment in a randomized block design, composed of 72 progenies of peach palm and 36 replications. This experiment was started in 2006 and analyzed for five consecutive years. The variables measured are heart of palm basal weight, heart of palm apical weight, and heart of palm weight, billets number, heart of palm diameter, and heart of palm length. Analyzes were carried out in order to select the best progenies and the best individuals using mixed models, trough REML / BLUP, analysis of repeatability and genetic diversity, as well as studies of correlations, analysis of canonical correlations and correlation between characters related to mass produced and characters Associated with the volume of palm heart. This study revealed the superiority of some progenies, highlighting the progeny 157, which according to the study of diversity, can be used as a basis for future crosses. On the other hand the repeatability study indicates that large numbers of measurements are required to obtain reliable measurements. There is a high correlation between some variables, being possible to obtain plants of low size and with great productive potential, facilitating the harvest of the palm heart.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REFERENCIAS BIBLIOGRÀFICAS.....	7
3. OBJETIVO.....	10
4. ARTIGOS CIENTÍFICOS.....	11
GENETIC VARIABILITY AND PROGENY SELECTION OF PEACH PALM VIA MIXED MODELS (REML / BLUP).....	12
ABSTRACT.....	12
RESUMO.....	12
INTRODUCTION.....	13
MATERIALS AND METHODS.....	14
RESULTS AND DISCUSSION.....	18
CONCLUSIONS.....	27
ACKNOWLEDGMENTS.....	27
REFERENCES.....	27
VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE PUPUNHEIRA VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP).....	30
RESUMO.....	30
ABSTRACT.....	30
INTRODUÇÃO.....	31
MATERIAL E MÉTODOS.....	32
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
CONCLUSÕES.....	48
AGRADECIMENTOS.....	48
REFERÊNCIAS.....	48
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE PALMITO DE PUPUNHEIRA.....	52
RESUMO.....	52
ABSTRACT.....	53
INTRODUÇÃO.....	53
MATERIAL E MÉTODOS.....	55
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	57
CONCLUSÃO.....	64
AGRADECIMENTOS.....	64
REFERÊNCIAS.....	65

5. CONSIDERAÇÕES GERAIS	68
-------------------------------	----

1. INTRODUÇÃO GERAL

A produção brasileira de palmito é tradicionalmente baseada no extrativismo. Dentre as muitas espécies das quais o palmito é extraído, têm-se sobressaído a juçara (*Euterpe edulis* Mart.) e o açai (*Euterpe oleraceae* Mart.). À medida que as reservas naturais de juçara esgotaram-se no sul do País, paulatinamente foi incrementada a exploração dos açazais da Amazônia, que hoje também se vêm esgotando, ambos devido à exploração predatória sem práticas de manejo (GOMES, 2007).

A pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth.), palmeira que precocemente produz palmito e perfilha (rebrotar), oriunda da Amazônia e da América Central, vem sendo cultivada com sucesso em todas as regiões brasileiras (GOMES, 2007). Gomes (2007) também evidencia que dentre as opções de cultivos agrícolas, esta espécie é uma excelente alternativa de melhoria de renda familiar e um agronegócio interessante para os mercados interno e externo, além de reduzir a pressão sobre a juçara e o açai e contribuir, por suas características peculiares, com a manutenção do meio ambiente.

É uma palmeira ereta que se desenvolve em forma de touceira, podendo apresentar de 3 a 5 troncos frutificando simultaneamente (FERREIRA et al., 1986). Segundo Mora Urpí et al. (1984), a estipe principal possui numerosos perfilhos brotando de seu colo formando uma touceira. O tronco tem internódios cobertos com espinhos, que variam de 15 a 25 cm de comprimento, alternando com nós sem espinhos, formados por cicatrizes das folhas. A folha é geralmente maior que dois metros de comprimento e possui mais de 200 folíolos (BERMEJO e LEON, 1994).

A inflorescência da pupunheira possui milhares de flores masculinas e centenas de flores femininas, as quais precisam ser polinizadas por outra planta, pois elas são geneticamente incompatíveis (MORA URPI et al., 1984). É coberta por duas brácteas, a externa é curta e grossa, a interna rodeia a inflorescência até sua maturação (BERMEJO e LEON, 1994). O fruto ocorre em drupa de tamanho variado – 0,5g em espécies

silvestres a 250g em espécies domesticadas – com um exocarpo fino, vermelho ou amarelo, um mesocarpo que pode possuir diferentes tons de laranja e um endocarpo escuro e duro. O tamanho da semente depende do ecotipo, em plantas cultivadas elas pesam aproximadamente 4g, são recalcitrantes e precisam de 45 a 95 dias para germinar. O número de cromossomos da espécie é $2n = 28$ e (BERMEJO e LEON, 1994, LAM et al. 1998).

Ferreira et al. (1986), descreveram as raízes da pupunheira como uma raiz fasciculada de crescimento superficial, localizada em sua maioria sob a copa, com raízes terciárias e quaternárias responsáveis pela absorção de água e nutrientes, sendo essas também infectadas por micorrizas, as raízes secundárias têm a função de transporte de nutrientes e as raízes primárias responsáveis principalmente pela sustentação da planta.

Clement e Santos (2005) analisaram a situação da pupunha no estado do Amazonas, foi observado que entre os anos 1996 e 1999 o enfoque dos pomares era a produção de frutos, mas com o início da expansão da produção de palmito, a partir de 2000, a produção tornou-se exclusivamente o palmito. A expansão de pupunha para palmito no Estado do Amazonas começou em meados da década de 1990, como reflexo à expansão vigorosa no Sudeste do país e com o incentivo do Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia (INPA) a alguns grupos empresariais perto de Manaus. O Instituto de Desenvolvimento Agropecuário do Amazonas (IDAM) também incentivou o palmito entre os pequenos produtores, às vezes com a intenção de processar junto a uma das empresas, outras vezes com a intenção de implantar fábricas.

O hábito de utilização de palmito na alimentação se consolidou, por volta de 1932, na região sul e sudeste do Brasil. Suas características organolépticas peculiares fizeram com que o consumo fosse sempre crescente, até atingir uma grande demanda (YUYAMA, 2005).

É denominado palmito o produto comestível, o qual é constituído por folhas ainda não desenvolvidas e imbricadas que saem a partir do meristema apical de palmeiras (UZZO, 2002). O palmito em conserva é um produto muito apreciado, tanto no mercado interno quanto no mercado externo, sendo o Brasil o principal país produtor e exportador (SEBRAE/AM, 2000).

O cultivo para palmito ocorre em plantações de monocultivo, com cinco a dez mil pés por hectare. Neste tipo de cultivo, a planta é cortada para obter o palmito logo que a estipe aparece no nível do solo, muito antes de chegar à fase reprodutiva. Se a touceira é bem cuidada, pode sobreviver a décadas de corte, sem chegar à fase reprodutiva (BORÉM et al., 2009).

No entanto, no setor industrial há evidências cada vez maiores da escassez progressiva de matéria-prima, motivada pela extração irracional da juçara (*Euterpe edulis*), no sul e sudeste, e do açáí (*Euterpe oleracea*), no estado do Pará, que tem implicado no fechamento ou na ociosidade operacional de muitas fábricas, colocando em questão a necessidade de o Brasil buscar alternativas de suprimento de matéria-prima, que garantam a qualidade, por um lado, e a regularidade de fornecimento do produto, por outro. A solução, portanto, mais evidente para o suprimento da matéria-prima é o cultivo racional (SEBRAE/AM, 2000).

Segundo Ferreira (1987), o palmito da pupunheira normalmente é tido como um produto secundário obtido quando os troncos velhos são cortados. O fato de a pupunheira produzir perfilhos torna esta palmeira uma excelente opção para o cultivo racional de palmito.

Gomes e Arkoll (1987) avaliaram a influência de três espaçamentos diferentes em níveis ótimos de adubação NPK sobre a produção de palmito da pupunheira e observaram que a produção de palmito da pupunheira é muito superior à produção de palmito do açáí, sendo a pupunheira aproximadamente sete vezes mais produtiva em

palmito que o açazeiro, quando cortada aos sete anos, podendo ter um rendimento de 700 g contra 100 g do açai na mesma idade.

O palmito obtido da pupunha apresenta a característica de não sofrer escurecimento após o descascamento, o que é comum tanto no palmito de açai quanto no de juçara. O não escurecimento é uma característica favorável para o processo industrial, pois elimina o procedimento de manter os palmitos em solução de espera (solução anti-oxidante), entre o período logo após o descascamento e o processamento propriamente dito (FLORI e D'OLIVEIRA, 1995).

Bermejo e León (1994) citaram que a pupunheira cultivada deve ser considerada uma espécie sintética, o resultado da domesticação independente sobre diversas espécies selvagens. A origem da pupunha é desconhecida, mas provavelmente pode ser encontrada na distribuição de *B. gasipaes* var. *chichagui* do tipo 1, até agora encontrado apenas no sudoeste da Amazônia (SILVA e CLEMENT, 2005).

Segundo Clement et al. (2001) há aproximadamente 15 milhões de anos ocorreu na região uma espécie ancestral a *B. gasipaes*, e, com a subida dos Andes, esta espécie ancestral foi dividida em grupos de populações separados por barreiras físicas importantes – a cordilheira dos Andes e as diferentes extensões do oceano que entraram entre a parte norte dos Andes (hoje Colômbia) e a parte central e sul dos Andes (hoje Equador, Peru, Bolívia). Essas barreiras ajudam a explicar a distribuição da variedade *chichagui* atual, onde é possível observar quatro grupos de populações silvestres (usando seus nomes originais): o nordeste dos Andes – inclui *B. macana* e *B. caribaea*; o norte interandino – inclui *B. speciosa* var. *chichagui* (Karsten) e, possivelmente, outros taxons; o noroeste dos Andes – inclui os taxons não descritos do Equador (*chontilla*), Panamá (Darien) e Costa Rica (MORA URPI, 1999); O sudoeste da Amazônia – inclui *B. ciliata*, *B. dahlgreniana* (*G. microcarpa*), *B. insignis* (CLEMENT et al., 2001).

O grau de domesticação alcançado no tempo do contato com os europeus difere, dependendo da região. Isso continua refletindo características como tamanho do fruto. Portanto, a cultivar desenvolvida na Bolívia da *Bactris insignis* representa um estágio incipiente de domesticação pelo pequeno tamanho do fruto e alto teor de fibra, enquanto a cultivar de Rio Vaupés na Colômbia reflete um avançado no processo de domesticação pelo seu grande tamanho de fruto e alto conteúdo de amido. A variedade ou espécies que deram origem a essa cultivar ainda não foi determinada. Entre esses dois extremos – norte e sul – da bacia Amazônia/Orinoco, outras variedades cultivadas e, pelo menos, duas espécies são encontradas. Uma delas, *B. ciliata* (= *B. microcarpa*, *B. dahlgreniana*) possivelmente deu origem a mais de um dos cultivares que são conhecidos hoje, por exemplo, Pampa Hermosa e Pastaza, que mostram um grau intermediário de domesticação entre os dois primeiros mencionados. Em alguns casos, a presença de espécies selvagens perto das plantações tinha um efeito negativo no processo de melhoramento, como resultado de cruzamento espontâneo (BERMEJO e LEÓN, 1994).

A pupunheira tem sido cultivada pelos índios da América tropical desde tempos pré-Colombianos, abrangendo na sua antiga distribuição geográfica de Honduras – 17° N – até a Bolívia – 17° S – (MORA URPI et al., 1984). Segundo Bermejo e León (1994), foi a palmeira mais importante dessa época e era o principal produto do extrativismo indígena do extenso território do trópico úmido das Américas, alcançando até algumas regiões de baixa umidade.

A carência de sementes melhoradas para produtividade e qualidade do palmito constitui-se em um gargalo na cadeia produtiva de pupunha para produção de palmito. As iniciativas das instituições de pesquisa brasileiras neste sentido ainda são incipientes. Um trabalho de melhoramento em rede realizado pelas unidades da Embrapa Acre, Embrapa Amapá, Embrapa Amazônia Ocidental (Amazonas), Embrapa Amazônia

Oriental(Pará), Embrapa Rondônia e Embrapa Roraima, priorizando a região norte do país objetiva, além de fornecer sementes melhoradas de pupunha, trazer melhorias socioeconômicas, principalmente aos pequenos produtores, bem como melhorias ao meio ambiente pelo cultivo de uma espécie de palmeira com características intrínsecas muito interessantes.

No melhoramento de plantas perenes, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada. Tais técnicas são relevantes tanto para o melhoramento intrapopulacional quanto interpopulacional, visando à utilização de híbridos heteróticos (RESENDE, 2000). Em seu trabalho, Farias Neto e Resende (2001) concluíram que os procedimentos REML e ANOVA conduziram a resultados divergentes para a maioria dos caracteres e que o procedimento REML/BLUP deve ser o preferido para a estimação/predição no melhoramento de plantas perenes, cujos experimentos, em geral, geram dados desbalanceados.

2. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bermejo J E H, León J, ed. 1994. Neglected crops: 1492 from a different perspective. FAO plant production and protection series. n.26. Roma.
- Borem A, LOPES M T G, Clement C H. 2009. Domesticação e melhoramento: Espécies Amazônicas. Viçosa. UFV.
- Clement C R, Santos L A. 2005. A Situação Atual de Pupunha no Estado do Amazonas. Apresentado na Reunião Técnica do Projeto de ProBio/MMA Pupunha – raças primitivas e parentes silvestres. Manaus.
- Clement, C R, Yuyama K, Chávez Flores W B. 2001. Recursos genéticos de pupunha {Genetic resources of pejibaye}. In: Sousa, N. R.; Souza, A. G. C. (Eds.). Recursos fitogenéticos na Amazônia Ocidental: conservação, pesquisa e utilização. Embrapa Amazônia Ocidental. Manaus. 143-187 pp.
- Farias Neto J T, Resende M D V. 2001. Aplicação da metodologia de modelos mistos (reml/blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). Rev. Bras. Frutic. Jaboticabal. v. 23, n. 2, 320-324 pp.
- Ferreira S A N. 1986. A cultura da pupunheira. Revista Brasileira de Fruticultura. Cruz das Almas. v. 9, n. 23 – 28 pp.
- Flori J E, D’oliveira J O B. 1995. O cultivo da pupunha sobre irrigação no semi-arido do nordeste brasileiro. Comunicado técnico. Pernambuco. N. 62, p. 1-3 pp.
- Gomes D M. 2007. Variabilidade fenotípica de caracteres vegetativos e reprodutivos em população de pupunha (*Bactris gasipaes* Kunth). Dissertação (Mestrado) - Universidade de Campinas, Campinas. 72 pp.

- Gomes J B M, Arkcoll D B. 1988. Estudos iniciais sobre a produção de palmito de pupunha. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES DE PALMITO, 1.,1987, Curitiba. Anais... Curitiba: Embrapa-CNPF. (Documentos, 19). 271 – 278 pp.
- Mora Urpí J, Vargas E, Lopez C A, Villaplana M, Allon G, Blanco C. 1984. The pejibaye palm (*Bactris gasipaes* HBK). FAO. San José (Costa Rica).
- Lam, V. 1998. Relações de similaridade genética entre espécies de palmeiras com base no estudo de seus cariótipos. Dissertação (Mestrado), Jaboticabal – SP. 95p.
- Mora Urpí J. 1999. Origen y domesticación. In: MORA URPI, J.; GAINZA E., J., ed. Palmito de pejibaye (*Bactris gasipaes* Kunth): su cultivo e industrialización. San José: Editora da Universidad de Costa Rica. 17-24 pp.
- Resende M D V. 2000. Análise estatística de modelos mistos via reml/blup na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Embrapa Florestas. Documentos 47. Colombo.

SEBRAE/AM. 2000. Produção de palmito de pupunheira. Programa Estudo e Pesquisas. Manaus.

Silva J B F, Clement, C R. 2005. Wild pejibaye (*Bactris gasipaes* Kunth var. *chichagui*) in Southeastern Amazonia. *Acta Bot. Bras.* [online]. V. 19, n. 2, p. 281-284 pp.

Uzzo R P, Bovi M L A, Spiering S H, Saes L A. 2002 Correlações fenotípicas entre caracteres vegetativos e de produção de palmito da palmeira real australiana. *Scientia Agricola*, Piracicava: v. 59, n. 3, 505-511 pp.

Yuyama K. 2005. Melhoramento de pupunheira para produção de palmito no INPA. Apresentado na Reunião Técnica do Projeto de ProBio/MMA Pupunha – raças primitivas e parentes silvestres. Manaus.

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Fornecer informações para o avanço do programa de melhoramento de pupunheira visando produção de palmito.

3.2. Objetivos específicos

Analisar dados obtidos ao longo de vários anos, selecionar progênies de pupunheira para cruzamento e clonagem;

Realizar estudo de diversidade genética;

Estudar as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais para as variáveis analisadas.

4. ARTIGOS CIENTÍFICOS

ARTIGO 1

**ENGLISH: GENETIC VARIABILITY AND PROGENY SELECTION OF
PEACH PALM VIA MIXED MODELS (REML / BLUP)**

**PORTUGUÊS: VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES
DE PUPUNHEIRA VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP)**

1 **GENETIC VARIABILITY AND PROGENY SELECTION OF PEACH PALM**
2 **VIA MIXED MODELS (REML / BLUP)**

3
4 **PEACH PALM SELECTION VIA MIXED MODELS**

5
6 **ABSTRACT**

7 Heart of palm harvesting and exploitation has reduced the natural reserves of açaí and
8 juçara; hence, the peach palm is an excellent option as source of heart of palm that can
9 reduce the pressure on these two species. The peach palm has high tillering and no post-
10 harvest oxidation. An experiment in a randomized block design with 72 progenies of
11 peach palm, 36 replications and a single tree plot was performed for five years at the
12 experimental field of Embrapa in the Western Amazon. Genetic parameters were
13 estimated using two mixed models, one based on progeny means and the second on
14 joint information from crops. A repeatability analysis, genotype selection, and progeny
15 selection were performed; the Mulamba and Mock selection index was determined; and
16 Tocher's clustering method was applied. The repeatability analysis revealed the
17 existence of genetic variability, low repeatability, which ranged from 0.3307 to 0.6698
18 for five years. The analysis performed through the progeny means showed a heritability
19 that varied from 51% to 23% for in all variables; the clustering revealed two groups.
20 The progeny selection should be the main selection strategy, and crosses of superior
21 progenies of different groups should be emphasized.

22
23 **KEYWORDS:** heart of palm, perennial breeding, Amazon.

24
25 **VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE**
26 **PUPUNHEIRA VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP)**

27
28 **SELEÇÃO PUPUNHEIRAS VIA MODELOS MISTOS**

29
30 **RESUMO**

31 A coleta de palmito via extrativismo vem reduzindo as reservas naturais de açaí e
32 juçara, sendo o palmito de pupunha uma excelente opção para obtenção de palmito
33 plantado, pois além de diminuir a pressão da exploração extrativista sobre essas duas

34 espécie, possui alto grau de perfilhamento e não apresenta oxidação pós-colheita.
35 Foram testadas 72 progênies de pupunheira, em cinco anos, no campo experimental da
36 Embrapa Amazônia Ocidental, em delineamento blocos casualizados com 36 repetições
37 e uma planta por parcela. Os parâmetros genéticos foram estimados através de modelos
38 mistos (REML/BLUP), foram também realizadas análises de repetibilidade, seleção de
39 progênies, seleção de indivíduos por meio de BLUP individual, índice de seleção de
40 Mulamba e Mock e agrupamento de otimização de Tocher. As análises realizadas
41 revelaram a existência de variabilidade genética, baixa repetibilidade, variando de
42 0,3307 até 0,6698 para cinco anos e herdabilidades variando de 51% a 23% para seleção
43 de progênies nas variáveis analisadas, o agrupamento revelou dois grupos distintos. A
44 seleção de progênies deve ser a principal estratégia de seleção e cruzamentos entre
45 progênies superiores de grupos diferentes devem ser enfatizados.

46

47 **PALAVRAS-CHAVE:** palmito, melhoramento de perenes, Amazônia.

48

49 INTRODUCTION

50 Brazil is the world's largest producer and consumer of the heart of palm, and the
51 main way to obtain this product is through the exploitation of juçara (*Euterpe edulis*
52 Mart.) and açaí (*Euterpe oleracea* Mart.) (SOUSA et al., 2011). Because the natural
53 reserves of these two species in southern Brazil are running out, the exploitation of
54 Amazonian açaí and juçara has increased; these plants may also be depleted by
55 predatory exploitation without good management practices.

56 The peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth.) is proving to be a promising species and
57 an alternative for heart of palm production. It shows desirable features for this sector. It
58 is a native species, has high rusticity, is heat resistant, and has high tillering capacity,
59 which reduces the need for land mechanization and replanting after several harvests.
60 The heart of palm extracted from peach palm has a sweetish taste, is slightly yellowish
61 in color, has good palatability, a doughy texture, low fibrousness, and does not show
62 post cut darkening by oxidative enzymes, as noted in heart of palm extracted from
63 juçara and açaí, which contributes to its commercialization as a minimally processed
64 product (Kapp, 2003).

65 Breeding programs to increase heart of palm productivity are conducted through
66 successive cycles of selection and require evaluations over several years in field
67 conditions, and a precise estimation of the variance components is imperative to

68 maximize the accuracy of progeny selection. Then, it becomes necessary to use
69 estimation methods that may fit certain experimental conditions and unbalanced data
70 (Farias Neto and Resende, 2001, Faria Neto et al., 2007, Farias Neto et al., 2013).

71 The restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction procedure
72 (REML / BLUP) has been successfully used in peach palm breeding (Farias Neto and
73 Resende, 2001). According to Resende (2000), the prediction of additive genetic values
74 and genotypic values through mixed model values is essential. Comparing this method
75 with the least squares estimation method for variance components and the multi-effects
76 indexes method for genotypes genetic values estimation, this method leads to similar
77 results in cases of small imbalances. However, in conditions of highly unbalanced data,
78 it provides more accurate results.

79 This study aimed to estimate genetic parameters in individual and joint analysis,
80 conduct heritability and repeatability studies to guide the progeny selection, and
81 estimate genotype genetic values of half-sibs of peach palm through BLUP and the
82 application of Mulamba and Mock selection index, as well as study the genetic diversity
83 by grouping progenies through Tocher's clustering method (Neto et al. 2013; Barbosa et
84 al. 2014).

85

86 **MATERIALS AND METHODS**

87 **Experiment location**

88 The experiment was conducted at the experimental station of the Agroforestry
89 Research Center of the Western Amazon - Embrapa/CPAA, located at the AM-010
90 highway, km 29, in the coordinates of 2° 51 'S latitude and 59° 52' W longitude. The
91 data were collected in 2009, 2010, 2011, 2012 and 2013. The area's soil is classified as
92 clayey alic yellow latosol; it has a clay content of approximately 80% on the surface
93 horizon, is acidic and shows low cation exchange capacity, high aluminum saturation
94 and low phosphorus content. To characterize the area, two soil compound samples (20
95 single samples in each half of the area) were collected for physical (particle size) and
96 chemical analysis (fertility; Table 1).

97

98 Table 1. Physical and chemical characteristics, base saturation, micronutrients, total
 99 cation exchange capacity (T), effective cation exchange capacity (t), base saturation
 100 index (V) and aluminum saturation index (m) in the experimental area soil for peach
 101 palm progeny selection.

Sample	Depth (cm)	Particle size (g/kg)					pH (H ₂ O)	Base saturation (cmol _c /dm ³)				Micronutrients (mg/dm ³)			
		Sand		Silt	Clay	Silt/Clay		Ca	Mg	Al	H+Al	Fe	Zn	Mn	Cu
		Coarse	Fine												
A1	20	110.15	31.45	211.90	646.50	0.33	4.22	0.60	0.33	0.84	7.11	264	1.93	2.98	0.63
A2	20	111.45	30.43	230.62	627.50	0.37	4.32	0.56	0.33	0.82	7.75	191	1.78	2.58	0.56
		P	K	Na	SB	T	t	V	m	Carbon	Organic matter				
		(mg/dm ³)						(%)		(g/kg)					
A1	20	10	72	5	1.14	8.25	1.98	13.77	42.63	17.41	29.95				
A2	20	8	70	5	1.09	8.84	1.91	12.34	43.03	16.64	28.61				

102 In October 2006, the area was tilled to incorporate plant residues and limed (1.5
 103 tons of dolomitic limestone/ha). In January 2007, the seedlings were transplanted *in*
 104 *situ*; fertilization at planting and five topdressing fertilizations at 2, 6, 12, 24 and 36
 105 months were performed according to Embrapa's technical recommendations.

106 Genetic resource

107 The progenies used in the study originated from the city of Benjamin Constant, AM
 108 - Brazil, selected for two generations, and from Yurimaguas, a city in the Peruvian
 109 Amazon; all came from the RECA Project (Economical Condensed Intercropped
 110 Reforestation) in the municipality of Extrema, RO - Brazil.

111 Number of progenies

112 The number of progenies was selected by number of seedlings acquired at the end
 113 of the production period, considering vigor, nutritional aspects, the absence of pests and
 114 diseases and especially the total absence of thorns on the stipe. Thus, from 100
 115 progenies, 72 progenies were selected and transplanted *in situ*.

116 Number of replications, experimental scheme and analyzed traits

117 The peach palms plants were arranged in a 2.0 m x 1.0 m space (density of 5,000
 118 plants/ha). The experiment was conducted in a randomized block design with single tree
 119 plots. The treatments consisted of 72 progenies of peach palms in 36 replications (a total
 120 of 2,592 plants), which occupied an area of 0.8 hectares. Six traits directly related to the
 121 productivity and yield of heart of palm were measured: heart of palm basal weight
 122 (HPBW), heart of palm apical weight (HPAW), and heart of palm weight (HPW),
 123 which were measured in grams (g) using a high precision scale; billets number (BN),
 124 which is the number of billets produced in the tussock with a standard size of 9 cm; heart

125 of palm diameter (HPD), measured in millimeters (mm); and heart of palm length
 126 (HPL), expressed in centimeters (cm) and measured with an electronic paquimeter. The
 127 measurements were taken after harvest and cleaning of the product in the field.

128 **Genotype and progeny selection**

129 To estimate the genotype genetic parameters, we used the SELEGEN-
 130 REML/BLUP model 15. The estimations of the variance components and genetic values
 131 predictions via a suitable linear mixed model were equivalent to

$$132 \quad y = Xf + Za + Wc + e, \text{ where}$$

133 y, f, a, c, e are the data vectors, fixed effects (general average), additive effects
 134 (random), block effects (random events) and random errors, respectively, and X, Z and
 135 W are the incidence matrices associating f, a and c to the data vector y , respectively.

136 The f value was estimated through generalized least squares prediction and a and c
 137 through BLUP; the values were obtained by solving the linear equations system, which
 138 is called the mixed model equation (MME):

$$139 \quad \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix} \text{ where}$$

$$140 \quad \lambda_1 = \frac{1-h^2-c^2}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}; \quad \lambda_2 = \frac{1-h^2-c^2}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2};$$

141 A and I = additive kinship and identity matrix, respectively.

142 To obtain the random effects of variance, the REML estimators applying the EM
 143 algorithm (Expectation-Maximization) are

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{f}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y]/[N - r(x)]$$

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

$$144 \quad \hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}C^{33}]/S \quad \text{where}$$

145 tr = matrix trace;

146 $r(x)$ = X matrix's rank;

147 $N - r(x)$ = Error degrees of freedom;

148 q = individuals number;

149 s = block number;

150 N = total data number.

151 C^{22} e C^{33} = comes from

$$152 \quad C = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix},$$

153 which is the coefficient matrix's generalized inverse of the MME.

154 The joint analysis, along with the repeatability analysis and progeny BLUP, were
155 obtained through model 8 (Resende, 2007).

$$y = Xm + Za + Wp + Qi + Ts + e$$

156 where

157 m = vector of the effects of the measuring-repetition combinations (fix) added to
158 the general mean

159 a = vector of the individual additive genetic effects (random)

160 p = plot effects vector (random)

161 i = effects of the genotype measuring interaction vector (random)

162 s = vector of the permanent effects (random)

163 e = vector of residues (random).

164 **Simultaneous trait selection**

165 The Mulamba and Mock selection index was used (Resende, 2014).

166 **Genetic diversity study**

167 To study the genetic diversity among genotypes, we adopted a multivariate
168 methodology. Through this methodology, a dissimilarity matrix was generated by a
169 modified Mahalanobis generalized distance applied to the genotypic values estimated by

170 $D_{ii'}^2 = \delta' R \delta$ where,

171 $D_{ii'}^2$ = Mahalanobis distance between i and i' genotypes;

172 R = genotypic variance and covariance matrix;

173 $\delta' = [d_1 d_2 \dots d_v]$, where $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

174 Y_{ij} = genotypic mean of the i^{th} progeny in the j^{th} trait.

175 The cluster of progeny was performed using Tocher's method, as described by Cruz
176 et al. (2011), where the estimated intragroup distance must be smaller than the
177 intergroup distance. Because a large group was established, the same method was
178 applied to split it into subgroups.

179 All analyses were performed in SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007).

180

181 **RESULTS AND DISCUSSION**

182 The genetic parameters estimation for individual analysis are shown in Table 2; low
183 values for additive genetic variance (σ^2_a) can be observed. The residual variance (σ^2)
184 was greater than σ^2_a for all traits, which may mask the phenotypic selection. This fact is
185 reflected in the narrow sense heritability based on genotype selection (h^2_a); it is
186 observed that the highest heritability was estimated in the years 2010 and 2013, in
187 which we also observed the highest concentration of significant additive genetic
188 variance. The heritability based in progeny selection (h^2_{pa}) seems more suitable to
189 selection; this heritability ranged from 51% to 23% for the traits with statistically
190 significant additive genetic variance.

191 A joint analysis showed low h^2_a for all studied traits, which ranged from 1% to 3%
192 for HPBW, HPAW, BN, HPD and HPL (Table 2). The low heritability values found can
193 be attributed to the fact that the tested progeny were at the third selection cycle. The
194 heritability for progeny selection is much higher than the heritability based on the
195 genotypes either in the individual or joint analysis; thus, progeny selection is the best
196 way to obtain meaningful gains. Aiming at the rapid availability of superior genetic
197 materials for farmers, genotypes from the best progenies can be selected and cloned.
198 The difference observed between means was due to the destruction required for the data
199 collection: the trees were cut to gain accesses to the heart of palm.

200

201 Table 2. Individual analysis, joint analysis and genetic parameters estimative for the traits heart of palm basal weight (HPBW), heart of palm
 202 apical weight (HPAW), heart of palm weight (HPW), billets number (BN), heart of palm diameter (HPD) and heart of palm length (HPL) of half-
 203 sibs of peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth.) progenies grown in EMBRAPA Western Amazon in Manaus-AM.

	2009						2010					
	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL
σ^2_a	76.46 ^{ns}	2.63 ^{ns}	426.26*	0.03 ^{ns}	0.03*	2.48 ^{ns}	7354.46*	118.09*	2254.05 ^{ns}	2.38*	0.01 ^{ns}	193.16*
σ^2_b	833.71	53.61	454.45	0.05	0.01	4.42	9789.11	131.54	1074.77	1.49	0.03	120.68
σ^2	2850.68	880.06	6842.85	1.22	0.16	99.14	96387.40	1841.60	43315.08	21.04	0.40	1704.03
σ^2_p	3760.84	936.29	7723.56	1.31	0.19	106.05	113530.9	2091.22	46643.89	24.91	0.43	2017.86
h^2_a	0.02±0.0	0.002±0.0	0.05±0.0	0.02±0.0	0.13±0.0	0.02±0.0	0.06±0.03	0.05±0.0	0.05±0.0	0.10±0.0	0.01±0.0	0.10±0.0
h^2_{pa}	0.16	0.02	0.30	0.15	0.51	0.15	0.30	0.25	0.23	0.38	0.08	0.38
CVe	28.51	63.71	54.53	36.99	16.28	36.99	79.59	80.19	77.81	69.95	26.89	69.95
\bar{X}	189.14	46.61	155.21	3.02	2.59	27.17	401.07	54.79	272.64	6.83	2.36	61.47
	2011						2012					
	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL
σ^2_a	87.38 ^{ns}	14.25 ^{ns}	230.05 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.01 ^{ns}	1.72 ^{ns}	18.94 ^{ns}	30.39 ^{ns}	251.25 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.87 ^{ns}
σ^2_b	1823.79	27.23	727.15	0.03	0.00	2.66	251.89	54.07	1500.18	0.03	0.02	2.03
σ^2	13624.22	1599.08	34431.77	2.19	0.21	177.58	6702.92	1404.04	43433.63	3.20	1.14	259.15
σ^2_p	15535.40	1640.56	35388.97	2.25	0.23	181.97	6973.75	1488.51	45185.05	3.24	1.16	262.05
h^2_a	0.01±0.0	0.01±0.01	0.01±0.0	0.01±0.0	0.06±0.0	0.01±0.0	0.00±0.01	0.02±0.0	0.01±0.0	0.00±0.0	0.01±0.0	0.00±0.0
h^2_{pa}	0.02	0.03	0.02	0.03	0.17	0.03	0.01	0.07	0.02	0.01	0.03	0.01
CVe	62.49	73.67	60.52	57.64	16.29	57.64	57.22	68.64	61.48	57.99	38.56	57.99
\bar{X}	187.23	54.46	307.36	2.58	2.87169	23.20	143.23	55.03	339.71	3.09	2.77	27.79
	2013						Joint analysis					
	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL	HPBW	HPAW	HPW	BN	HPD	HPL
σ^2_a	154.33*	9.51 ^{ns}	536.71 ^{ns}	0.20*	0.01 ^{ns}	16.46*	540.72*	38.01*	822.89*	0.19*	0.01*	15.48*
σ^2_b	406.43	111.28	1227.05	0.59	0.01	48.19	1372.157	32.21	390.69	0.11	0.01	9.03
σ^2	1504.53	1564.62	30898.42	2.14	0.36	173.38	26057.08	1378.22	27766.39	6.74	0.34	546.11
σ^2_p	2065.28	1685.41	32662.19	2.94	0.39	238.03	30111.12	1514.44	31636.27	7.41	0.47	600.43
h^2_a	0.07±0.0	0.01±0.01	0.02±0.0	0.07±0.0	0.03±0.0	0.07±0.0	0.01±0.01	0.03±0.0	0.02±0.0	0.03±0.0	0.03±0.0	0.03±0.0
h^2_{na}	0.35	0.03	0.09	0.33	0.17	0.33	0.31	0.36	0.38	0.39	0.36	0.39
CVe	61.41	77.00	69.64	59.63	22.99	59.63	82.33	71.02	62.91	72.08	21.97	72.08
\bar{X}	65.55	51.49	254.04	2.54	2.65	22.86	196.07	52.28	264.87	3.60	2.64	32.42
-	-	-	-	-	-	-	r	0.02	0.09	0.12	0.09	0.28

204 σ^2_a : additive genetic variance, σ^2_b : block variance, σ^2 : residual variance, σ^2_p : individual phenotypic variance, h^2_a : narrow sense heritability
 205 based in genotypes and its standard errors represented by \pm , h^2_{pa} : heritability based in progeny means, CV(%): experimental coefficient of
 206 variation, \bar{X} : average, */ns: statistically significant through Deviance test [$\chi^2(1, 5\%)= 3.84$] and not statistically significant, respectively, r:
 207 correlation between years.

208 The analyzed correlations between years (r) showed a low magnitude (Table 2),
209 which indicates a complex genotype-environment interaction (Vencovsky and Barriga,
210 1992) and means that the genotype ranking changes over time, which is not a positive
211 situation if the genotypes show unstable behavior over time.

212 Repeatability for five measurements (five years) presented determination
213 coefficients that ranged from 0.3307 to 0.6698, which are associated with accuracies
214 that ranged from 0.2416 to 0.3182 (Table 3). Using five measures, the r^2 based on the
215 yearly averages were relatively low for all the analyzed traits. Padilha et al. (2003)
216 concluded that repeatability coefficients for all heart of palm production traits are
217 negligible and that several measurements are needed to express a reliable progeny
218 value. Moreover, Bergo et al. (2013) indicated that seven measurement cycles was
219 sufficient to predict the real value of the progenies and reach an accuracy of 85% by the
220 principal components method. The use of seven measures for all the analyzed traits
221 showed determination coefficient values that ranged from 0.4086 to 0.7396 and
222 accuracies from 0.2702 to 0.3426, while the use of 10 measures showed values that
223 ranged from 0.4971 to 0.8023 for the coefficient of determination and 0.2814 to 0.3802
224 for accuracy.

225

226 Table 3. Repeatability study for the traits heart of palm basal weight (HPBW), heart of
 227 palm apical weight (HPAW), heart of palm weight (HPW), billets number (BN), heart
 228 of palm diameter (HPD) and heart of palm length (HPL) of half-sibs of peach palm
 229 (*Bactris gasipaes* Kunth.) progenies grown in EMBRAPA Western Amazon in Manaus-
 230 AM, analyzed during 5 years.

HC	h_{a}^2ya	R ²	PA	REHU	HC	h_{a}^2ya	R ²	PA	REHU
HPBW					HPAW				
1	0.0180	0.1346	0.1340	1.00	1	0.0251	0.0899	0.1584	1.00
2	0.0317	0.2373	0.1779	1.33	2	0.0461	0.1650	0.2146	1.35
3	0.0424	0.3182	0.2060	1.54	3	0.0638	0.2287	0.2526	1.59
4	0.0512	0.3836	0.2262	1.69	4	0.0791	0.2833	0.2812	1.77
5	0.0584	0.4375	0.2416	1.80	5	0.0923	0.3307	0.3038	1.92
6	0.0644	0.4828	0.2538	1.89	6	0.1039	0.3723	0.3223	2.03
7	0.0695	0.5213	0.2637	1.97	7	0.1141	0.4089	0.3378	2.13
8	0.0740	0.5545	0.2720	2.03	8	0.1232	0.4416	0.3510	2.22
9	0.0778	0.5834	0.2789	2.08	9	0.1314	0.4708	0.3624	2.29
10	0.0812	0.6087	0.2849	2.13	10	0.1387	0.4971	0.3724	2.35
HPW					BN				
1	0.0260	0.1223	0.1613	1.00	1	0.0258	0.0905	0.1606	1.00
2	0.0464	0.2180	0.2153	1.33	2	0.0473	0.1659	0.2174	1.35
3	0.0627	0.2948	0.2504	1.55	3	0.0655	0.2298	0.2559	1.59
4	0.0761	0.3579	0.2759	1.71	4	0.0811	0.2846	0.2848	1.77
5	0.0873	0.4107	0.2955	1.83	5	0.0946	0.3322	0.3076	1.92
6	0.0968	0.4554	0.3112	1.93	6	0.1065	0.3738	0.3263	2.03
7	0.1050	0.4938	0.3240	2.01	7	0.1170	0.4105	0.3420	2.13
8	0.1121	0.5272	0.3348	2.08	8	0.1263	0.4431	0.3553	2.21
9	0.1183	0.5564	0.3440	2.13	9	0.1346	0.4724	0.3669	2.28
10	0.1238	0.5822	0.3519	2.18	10	0.1421	0.4987	0.3769	2.35
HPD					HPL				
1	0.0285	0.2886	0.1688	1.00	1	0.0360	0.0801	0.1615	1.00
2	0.0442	0.4480	0.2103	1.25	2	0.0462	0.1660	0.2257	1.37
3	0.0542	0.5490	0.2328	1.38	3	0.0756	0.2301	0.2693	1.61
4	0.0611	0.6187	0.2471	1.46	4	0.0711	0.2798	0.2771	1.80
5	0.0661	0.6698	0.2571	1.52	5	0.1016	0.3402	0.3182	1.96
6	0.0700	0.7088	0.2645	1.57	6	0.1103	0.3837	0.3315	2.10
7	0.0730	0.7396	0.2702	1.60	7	0.1190	0.4086	0.3426	2.19
8	0.0755	0.7645	0.2747	1.63	8	0.1282	0.4518	0.3622	2.25
9	0.0775	0.7850	0.2784	1.65	9	0.1339	0.4697	0.3691	2.27
10	0.0792	0.8023	0.2814	1.67	10	0.1419	0.4972	0.3802	2.33

231 HC: harvest numbers, h_{a}^2ya : individual narrow sense heritabilitybased in year's average, R²:
 232 determination coefficient, PA: phenotypic accuracy and REHU: relative efficiency of one harvest
 233 necessary use to achieve certain selective accuracy values.

234 The ranking of the best selected progenies (20%) is shown in Table 4. These
 235 progenies can compose a seed production orchard and meet the market demand for
 236 improved seeds.

237

238 Table 4. Selection of the fifteen best half-sib progenies of peach palm (*Bactris gasipaes*
 239 Kunth.) for the traits heart of palm basal weight (HPBW), heart of palm apical weight
 240 (HPTW), heart of palm weight (HPW), billets number (BN), heart of palm diameter
 241 (HPD) and heart of palm length (HPL), grown in EMBRAPA Western Amazon in
 242 Manaus-AM.

HPBW				HPAW			
Genitor	<i>a</i>	Gain	New average	Genitor	<i>a</i>	Gain	New average
157	46.65	46.65	242.72	113	9.69	9.69	61.97
49	31.50	39.07	235.14	40	8.45	9.07	61.35
158	29.83	35.99	232.06	6	8.23	8.79	61.07
137	25.74	33.43	229.50	131	8.21	8.65	60.92
48	24.87	31.72	227.79	48	7.15	8.35	60.62
163	22.42	30.17	226.24	85	6.91	8.11	60.38
47	13.39	27.77	223.84	114	6.16	7.83	60.10
131	13.35	25.97	222.04	162	4.82	7.45	59.73
162	11.80	24.39	220.47	157	4.31	7.10	59.38
44	10.81	23.04	219.11	12	4.03	6.80	59.07
85	10.45	21.89	217.96	18	3.45	6.49	58.77
51	10.00	20.90	216.97	137	3.01	6.20	58.48
113	8.80	19.97	216.04	75	2.94	5.95	58.23
12	8.78	19.17	215.24	68	2.92	5.73	58.01
41	8.06	18.43	214.50	163	2.91	5.55	57.82
HPW				BN			
Genitor	<i>a</i>	Gain	New average	Genitor	<i>a</i>	Gain	New average
158	43.78	43.78	308.66	157	0.78	0.78	4.38
88	42.92	43.35	308.23	158	0.65	0.72	4.32
137	41.00	42.57	307.44	49	0.61	0.68	4.29
157	40.63	42.08	306.96	48	0.48	0.63	4.23
48	36.26	40.92	305.79	137	0.47	0.60	4.20
131	29.43	39.00	303.88	41	0.41	0.57	4.17
47	28.26	37.47	302.34	163	0.40	0.54	4.15
46	24.53	35.85	300.73	47	0.38	0.52	4.13
154	19.91	34.08	298.95	162	0.32	0.50	4.10
152	18.84	32.56	297.43	131	0.29	0.48	4.08
49	17.89	31.22	296.10	88	0.29	0.46	4.07
40	12.43	29.66	294.53	85	0.28	0.45	4.05
36	12.05	28.30	293.18	164	0.27	0.43	4.04
41	11.36	27.09	291.97	46	0.26	0.42	4.02
163	10.53	25.99	290.86	51	0.19	0.41	4.01
HPD				HPL			
Genitor	<i>a</i>	Gain	New average	Genitor	<i>a</i>	Gain	New average
156	0.36	0.36	3.00	157	7.04	7.04	39.46
131	0.13	0.24	2.89	158	5.89	6.46	38.89
17	0.10	0.20	2.84	49	5.52	6.15	38.57
81	0.10	0.17	2.82	48	4.29	5.68	38.11
18	0.09	0.16	2.80	137	4.27	5.40	37.82
152	0.09	0.14	2.79	41	3.67	5.11	37.54
88	0.08	0.13	2.78	163	3.63	4.90	37.32

Continue

Continuation							
114	0.07	0.13	2.77	47	3.40	4.71	37.14
9	0.06	0.12	2.76	162	2.90	4.51	36.93
123	0.06	0.11	2.76	131	2.64	4.33	36.75
137	0.06	0.11	2.75	88	2.61	4.17	36.59
158	0.06	0.11	2.75	85	2.50	4.03	36.45
75	0.06	0.10	2.75	164	2.45	3.91	36.33
154	0.05	0.10	2.74	46	2.36	3.80	36.22
155	0.05	0.09	2.74	51	1.73	3.66	36.08

243 *a*: additive genetic value

244 The selection based on joint analysis (Table 4) shows that the three best progenies
 245 for HPBW, BN and HPL did not change: progenies 157, 158 and 49. These progenies
 246 also ranked well in HPAW and HPW. The traits HPBW, BN and HPL showed constant
 247 statistically significant σ^2a over the years. Progeny 157 has high additive genetic value
 248 (*a*) and is well ranked in most of the studied traits; it is expected that its offspring inherit
 249 half of the *a*. Selecting 20% of the analyzed progenies (15 progenies) to assemble a seed
 250 production orchard is expected to achieve a gain of 18.43 grams for HPBW, 5.55 grams
 251 HPAW, HPW to 25.99 grams, 0.712 billets for BN, and 0.09 cm to 6.38 cm for HPD
 252 and HPL. The use of a high number of traits makes selection difficult to perform; using
 253 selection indexes that maximize the predicted gain may be a good option in many cases.

254 The adoption of a selection strategy without overlapping generations in seed
 255 production can be positive due to the heterosis, possibly obtained through hybridization.
 256 Mora Urpí and Solis (1980) described peach palm as an allogamous species and
 257 proposed the existence of a genetic self-incompatibility system. Mossanek et al. (2014)
 258 mentioned that peach palm pollination happens through crosses, which also suggests
 259 allogamy.

260 Faria Neto and Rezende (2001) selected 31 and 53 genotypes for a short and a
 261 long peach palm breeding program, respectively. This type of selection is reflected in
 262 the effective population size (N_e). Table 5 shows the selection of genotypes based on
 263 different N_e values. To achieve a selective ceiling where N_e varies between 19 (Faria
 264 Neto and Rezende, 2001), 30 and 60 (Pires et al., 2011), a number of genotypes and
 265 progenies can be selected. It appears that the genotype of progeny 157 located in block
 266 10 showed phenotypic values much higher than other genotypes for at least half of the
 267 studied traits.

268

269 Table 5. Peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth.) genotype selections grown in
 270 EMBRAPA Western Amazon in Manaus-AM for the traits heart of palm basal weight
 271 (HPBW), heart of palm apical weight (HPAW), heart of palm weight (HPW), billets
 272 number (BN), heart of palm diameter (HPD) and heart of palm length (HPL) based on
 273 the effective population size.

NGen	Prog	Block	<i>f</i>	<i>a</i>	<i>u+a</i>	Gain	New average	Ne	<i>d</i>	<i>g</i>	NP
HPBW											
1	157	10	967.3	53.5	250	53.46	250	1	20	73.6	1
157	158	18	202.4	15.3	211.4	21.1	217.1	19.0	0.3	15.6	19
303	48	34	44.5	11.3	207.4	17.3	213.3	30.0	-0.7	10.6	32
588	11	20	341.0	6.0	202.1	12.9	209.0	60.0	4.6	10.6	48
HPAW											
1	6	29	273.5	11.7	64.0	11.7	64.0	1.0	5.1	16.8	1
48	162	18	88.8	5.6	57.9	6.9	59.1	19.0	2.1	7.7	14
226	131	17	40.0	3.8	56.1	5.0	57.3	30.0	-0.2	3.6	22
573	18	35	70.0	2.1	54.4	3.7	56.0	60.1	0.3	2.4	47
HPW											
1	158	2	535.4	40.5	305.3	40.5	305.3	1.0	12.4	52.8	1
76	18	4	579.8	24.5	289.4	30.2	295.1	19.1	12.9	37.5	11
278	51	2	491.8	17.5	282.4	23.1	287.9	30.1	11.7	29.2	25
600	49	17	259.7	10.2	275.1	17.9	282.8	60.0	0.9	11.1	48
BN											
1	157	10	14.4	1.0	4.6	1.0	4.6	1.0	0.4	1.4	1
117	48	27	4.7	0.3	4.0	0.4	4.0	19.1	0.1	0.4	19
244	40	31	11.3	0.3	3.9	0.4	4.0	30.2	0.2	0.4	30
552	74	31	8.5	0.2	3.8	0.3	3.9	60.0	0.1	0.3	49
HPD											
1	156	32	38.5	1.0	3.6	1.0	3.6	1.0	0.5	1.5	1
170	18	21	2.9	0.1	2.7	0.1	2.8	19.1	0.0	0.1	17
266	88	24	3.0	0.0	2.7	0.1	2.7	30.1	0.0	0.1	23
569	155	24	2.8	0.0	2.7	0.1	2.7	60.0	0.0	0.0	35
HPL											
1	157	10	129.4	8.9	41.4	8.9	41.4	1.0	3.6	12.5	1
117	48	27	42.0	3.1	35.6	3.9	36.3	19.1	0.7	3.8	19
244	40	31	101.3	2.5	34.9	3.3	35.7	30.2	1.4	3.9	30
552	74	31	76.5	1.5	33.9	2.5	35.0	60.0	0.8	2.3	48

274 NGen: number of genotypes, Prog: progeny, *f*: Phenotypic value, *a*: additive effect, *u+a*: additive genetic
 275 value, Ne: effective population size, *d*: dominance effect, *g*: effect genotypic total NP: number of
 276 progenies.

277 As cited above, Faria Neto and Resende (2001) presented a selection of 31
 278 genotypes from 9 progenies that resulted in an Ne of 19 for a short-term breeding
 279 program; in this study, the selection that results in an Ne of 19 is the use of 48 to 170
 280 genotypes from 11 to 19 progenies. Table 5 shows that the selection of 226 to 303
 281 genotypes leads to 22 to 32 progenies, maintaining the Ne near 30; in the work of Faria
 282 Neto and Resende (2001), 53 genotypes were selected and, consequently, 15 progenies
 283 reached the same Ne in all traits. Focusing on a selective ceiling to reach an Ne of 60,
 284 552 to 600 genotypes should be selected, thus selecting 35 to 49 progenies. The use of a

285 large number of progenies retains the genetic diversity within the breeding population
 286 for a longer amount of time; otherwise, results will be obtained in the long term.

287 To select superior genotypes that simultaneously possess high performance in the
 288 desirable traits is usually a difficult task for a breeder. Thus, using selection index
 289 theory can be a good effective alternative (Cross et al., 2014). The analysis performed
 290 on the Mulamba and Mock selection index (Resende, 2014) classified the 72 analyzed
 291 progenies (Table 6). The best rated progeny was progeny 157, with a gain of 563.6% in
 292 relation to all other studied progenies; the last in the rank was progeny 151. Using a
 293 selection rate of 20%, it resulted in selecting 15 progenies, which led to an expected
 294 gain of 166%.

295 Table 6. Mulamba and Mock selection index for 72 half-sib progenies of peach palm
 296 (*Bactris gasipaes* Kunth.) grown in EMBRAPA Western Amazon in Manaus-AM,
 297 based on heart of palm basal weight (HPBW), heart of palm apical weight (HPAW),
 298 heart of palm weight (HPW), billets number (BN), heart of palm diameter (HPD) and
 299 heart of palm length (HPL).

Prog	Rank	Gain	Gain (%)	Prog	Rank	Gain	Gain (%)	Prog	Rank	Gain	Gain (%)
157	5.5	5.50	563.6	36	27.3	18.11	101.51	118	45.7	28.24	29.3
131	6.7	6.08	500.0	155	28.7	18.52	97.09	123	46.0	28.59	27.7
137	6.7	6.28	481.4	154	30.3	18.96	92.54	68	47.3	28.96	26.0
158	7.8	6.67	447.5	139	32.3	19.43	87.81	74	47.8	29.32	24.5
48	11.5	7.63	378.2	78	32.5	19.89	83.55	73	48.0	29.68	23.0
49	14.5	8.78	315.8	17	33.3	20.33	79.51	35	48.5	30.02	21.6
41	15.5	9.74	274.8	9	34.5	20.79	75.56	81	48.5	30.36	20.2
162	15.5	10.46	249.0	63	35.3	21.24	71.81	165	49.2	30.70	18.9
163	15.7	11.04	230.7	102	36.0	21.69	68.27	145	51.3	31.06	17.5
85	16.3	11.57	215.6	136	38.2	22.18	64.59	43	51.8	31.42	16.2
44	16.8	12.05	203.0	126	38.3	22.64	61.23	125	52.0	31.77	14.9
47	17.0	12.46	193.0	6	38.5	23.08	58.15	71	52.7	32.11	13.7
46	18.5	12.92	182.4	11	39.2	23.51	55.23	107	55.3	32.49	12.3
88	18.7	13.33	173.8	54	40.2	23.95	52.39	84	55.3	32.86	11.1
113	19.2	13.72	166.0	144	40.5	24.38	49.74	39	55.5	33.22	9.9
114	19.3	14.07	159.4	31	41.0	24.79	47.23	156	55.8	33.58	8.7
40	21.2	14.49	151.9	160	41.3	25.20	44.87	7	56.0	33.92	7.6
164	23.7	15.00	143.3	83	42.0	25.60	42.60	69	56.7	34.27	6.5
18	23.8	15.46	136.0	153	43.0	26.00	40.38	70	56.8	34.60	5.5
12	24.0	15.89	129.7	25	43.5	26.40	38.27	14	58.7	34.96	4.4
51	26.5	16.40	122.6	37	43.7	26.78	36.29	65	59.3	35.31	3.4
24	26.8	16.87	116.3	16	43.8	27.15	34.43	149	61.0	35.68	2.3
75	27.2	17.32	110.8	60	44.2	27.51	32.66	108	63.5	36.07	1.2
152	27.2	17.73	105.9	55	44.8	27.88	30.94	151	67.2	36.50	0.0

300 Prog: progeny, Rank: average progeny rank.

301 Table 7 shows the result of Tocher's clustering based on Mahalanobis distance,
 302 where the formation of two distinct groups can be observed. Group one is the largest,
 303 containing 71 progenies; it was divided into 32 subgroups, also using Tocher's method.

304 The formed group can point to future crosses in breeding programs; an intra-population
 305 recurrent selection program could also be started, evaluating general and specific
 306 combining ability.

307 Table 7. Clustering of 72 half-sib progenies of peach palm (*Bactris gasipaes* Kunth.)
 308 through Tocher's method based on the Mahalanobis distance for the traits heart of palm
 309 basal weight (HPBW), heart of palm apical weight (HPAW), heart of palm weight
 310 (HPW), billets number (BN), heart of palm diameter (HPD) and heart of palm length
 311 (HPL).

Group	Progenies								
	Subgroup								
1	1	152	125	164	24	47	114	165	151
	2	155	162	16	139	51	83	44	160
	3	41	144	43	63	11	49	78	74
	4	136	14	55	39	46			
	5	153	25	54	36	88	12		
	6	85	163	158	68				
	7	81	113	40					
	8	118	69						
	9	145	37						
	10	137	108						
	11	126	123						
	12	149							
	13	75							
	14	154							
	15	84							
	16	107							
	17	17							
	18	6							
	19	131							
	20	9							
	21	18							
	22	71							
	23	35							
	24	73							
	25	102							
	26	70							
	27	48							
	28	65							
	29	31							
	30	7							
	31	60							
	32	156							
2		157							

312 Overall, based on the analyses performed in this study, it is easy to conclude that
 313 progeny 157 had a superior performance; it is the best ranked in progeny selection
 314 (Table 4), individual BLUP (Table 5), and the selection index (table 6) and is isolated in
 315 a group on the cluster analysis (group 2). Negreiros et al. (2013) found 26 groups when

316 they analyzed 100 progenies of peach palm; they also reported that they found a strong
317 genetic divergence using Tocher's method.

318

319 **CONCLUSIONS**

320 The studied population has low genetic variance. However, the progeny selection
321 can result in significant gains in breeding programs.

322 A large number of measurements of the production traits of the heart of palm from
323 peach palm are necessary to obtain reliable repeatability values.

324 The progeny selection by BLUP and the selection index confirmed the superiority
325 of some progenies.

326 Crossing between genotypes of superior progenies located in different genetic
327 groups can result in heterosis or high specific combined ability.

328

329 **ACKNOWLEDGMENTS**

330 The authors thank the Embrapa (Brazilian Agricultural Research Corporation)
331 Western Amazon - CPAA for permission to conduct the experiment, the bioinformatics
332 laboratory of the Federal University of Viçosa for providing the necessary structure for
333 this work and FAPEMIG (Research Support Foundation of Minas Gerais) for the
334 scholarship support.

335

336 **REFERENCES**

337 Barbosa, M. H. P., Ferreira, A., Peixoto, L. A., Resende, M. D. V., Nascimento, M., &
338 Silva, F. F. (2014). Selection of sugar cane families by using BLUP and multi-diverse
339 analyses for planting in the Brazilian savannah. *Genetics and Molecular*
340 *Research, 13*(1), 1619-1626.

341 Bergo, C. L., Negreiros, J. D. S., Miqueloni, D. P., & Lunz, A. M. P. (2013).
342 Estimativas de repetibilidade de caracteres de produção em pupunheiras para palmito da
343 raça putumayo. *Revista Brasileira de Fruticultura, 35*(3), 829-836.

344 Cruz, C. D., Ferreira, F. M., & Pessoni, L. A. (2011). *Biometria aplicada ao estudo da*
345 *diversidade genética*. Visconde do Rio Branco: Suprema.

346 Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2014). *Modelos biométricos aplicados*
347 *ao melhoramento de plantas*. v. 1. 4th ed. Viçosa: Editora UFV.

348 Faria Neto, J. T., & Resende, M. D. V. (2001). Aplicação da metodologia de modelos
349 mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores

350 genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23(2),
351 320-324.

352 Farias Neto, J. T., de Resende, M. D. V., de Oliveira, M. D. S. P., dos Santos, N. S. A.,
353 Canuto, E. L., Nogueira, O. L., & Muller, A. A. (2007). Genetic evaluation of
354 progenies of acaizeiro (*Euterpe oleracea*) and estimates of genetic parameters. *Cerne*,
355 13(4), 376-383.

356 Farias Neto, J. T., Clement, C. R., & Resende, M. D. V. D. (2013). Estimates of genetic
357 parameters and selection gain for fruit production in open-pollinated progenies of peach
358 palm in the State of Pará, Brazil. *Bragantia*, 72(2), 122-126.

359 Kapp, E. A., Pinheiro, J. L., da Silva Raupp, D., & Chaimsohn, F. P. (2003). Tempo de
360 preservação de tolete de palmito pupunha (*Bactris gasipaes*) minimamente processado e
361 armazenado sob refrigeração. *Publicatio UEPG: Ciências Exatas e da Terra, Agrárias e*
362 *Engenharias*, 9(03), 51-57.

363 Urpí, J. M., & Solís, E. M. (1980). Polinización en *Bactris gasipaes* HBK (palmae).
364 *Revista Biología. Tropical*, 28(1), 153-174.

365 Mossanek, E. A. O., Wendling, I., Koehler, H. S., & Zuffellato-Ribas, K. C. (2014).
366 Indução de perfilhos em mudas de pupunheira. *Brazilian Journal of Forestry Research*.
367 37(77), 39-48.

368 Negreiros, J. R. S., Bergo, C. L., Miqueloni, D. P., & Lunz, A. M. P. (2013).
369 Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de
370 palmito. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 48(5), 496-503.

371 Neto, H. Z., Daros, E., Besspalhok Filho, J. C., Scapim, C. A., Vidigal, M. C. G., &
372 Vidigal Filho, P. S. (2013). Selection of families and parents of sugarcane (*Saccharum*
373 spp.) through mixed models by joint analysis of two harvests. *Euphytica*, 193(3), 391-
374 408.

375 Padilha, N. C. C., Oliveira, M. D. S. P. D., & Mota, M. G. D. C. (2003). Estimativa da
376 repetibilidade em caracteres morfológicos e de produção de palmito em pupunheira
377 (*Bactris gasipaes* Kunth). *Revista Árvore*, 27(3), 435-442.

378 Pires, I. E., Resende, M. D. V., SILVA, R., & Resende Jr, M. F. R. (2011). *Genética*
379 *florestal*. Viçosa, MG: Arka.

380 Resende, M.D.V. (2000). *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na*
381 *experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Florestas
382 (Documentos, 47).

- 383 Resende, M. D. V., Silva, F. F & Azevedo, C. F. (2014) *Estatística matemática,*
384 *biométrica e computacional*. Produção independente.
- 385 Resende, M. D. V. (2007). *SELEGEN - REML/BLUP: sistema estatístico e seleção*
386 *genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Embrapa Florestas.
- 387 Sousa, E. P. D., Soares, N. S., Cordeiro, S. A., & Silva, M. L. D. (2011).
388 Competitividade da produção de palmito de pupunha no Espírito Santo e em São
389 Paulo. *Revista de Economia e Sociologia Rural*, 49(1), 157-179.
- 390 Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão
391 Preto: Sociedade Brasileira de Genética.

392 **VARIABILIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE**
393 **PUPUNHEIRA VIA MODELOS MISTOS (REML/BLUP)**

394

395 **SELEÇÃO PUPUNHEIRAS VIA MODELOS MISTOS**

396

397 **RESUMO**

398 A coleta de palmito via extrativismo vem reduzindo as reservas naturais de açaí e
399 juçara, sendo o palmito de pupunha uma excelente opção para obtenção de palmito
400 plantado, pois além de diminuir a pressão da exploração extrativista sobre essas duas
401 espécies, possui alto grau de perfilhamento e não apresenta oxidação pós-colheita.
402 Foram testadas 72 progênies de pupunheira, em cinco anos, no campo experimental da
403 Embrapa Amazônia Ocidental, em delineamento blocos casualizados com 36 repetições
404 e uma planta por parcela. Os parâmetros genéticos foram estimados através de modelos
405 mistos (REML/BLUP). Foram também realizadas análises de repetibilidade, seleção
406 entre e dentro de progênies, índice de seleção Mulamba e Mock e agrupamento de
407 otimização de Tocher. As análises realizadas revelaram a existência de variabilidade
408 genética, baixa repetibilidade, variando de 0,3307 até 0,6698, para cinco anos e
409 herdabilidades variando entre 51% a 23%, nas variáveis estudadas, para seleção baseada
410 em média de progênies. O agrupamento revelou dois grupos distintos, sendo que o
411 primeiro comporta 71 progênies. A seleção de progênies deve ser a principal estratégia
412 de seleção e cruzamentos entre progênies superiores de grupos diferentes devem ser
413 enfatizados.

414

415 **PALAVRAS-CHAVE:** palmito, melhoramento de perenes, Amazônia.

416

417 **GENETIC VARIABILITY AND PROGENY SELECTION OF PEACH PALM**
418 **VIA MIXED MODELS (REML / BLUP)**

419

420 **PEACH PALM SELECTION VIA MIXED MODELS**

421

422 **ABSTRACT**

423 Heart of palm harvesting and exploitation has reduced the natural reserves of açaí and
424 juçara; hence, the peach palm is an excellent option as source of heart of palm that

425 can reduce the pressure on these two species. The peach palm has high tillering and no
426 post-harvest oxidation. An experiment in a randomized block design with 72 progenies
427 of peach palm, 36 replications and a single tree plot was performed for five years at the
428 experimental field of Embrapa in the Western Amazon. Genetic parameters were
429 estimated using two mixed models, one based on progeny means and the second on
430 joint information from crops. A repeatability analysis, genotype selection, and progeny
431 selection were performed; the Mulamba and Mock selection index was determined; and
432 Tocher's clustering method was applied. The repeatability analysis revealed the
433 existence of genetic variability, low repeatability, which ranged from 0.3307 to 0.6698
434 for five years. The analysis performed through the progeny means showed a heritability
435 that varied from 51% to 23% for in all variables; the clustering revealed two groups.
436 The progeny selection should be the main selection strategy, and crosses of superior
437 progenies of different groups should be emphasized.

438

439 **KEYWORDS:** heart of palm, perennial breeding, Amazon.

440

441 **INTRODUÇÃO**

442 O Brasil é o maior produtor e consumidor de palmito do mundo, sendo a produção
443 oriunda principalmente do extrativismo das palmeiras juçara (*Euterpe edulis* Mart.) e açai
444 (*E. oleraceae* Mart.) (SOUZA et al., 2011). As reservas naturais dessas duas espécies
445 estão reduzindo no sul do país pela exploração predatória e tem aumentado a exploração
446 dos açazais da Amazônia, embora parte seja conduzida com boas práticas de manejo.

447 A pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) se destaca entre as espécies com maior
448 potencial de cultivo para produção de palmito. É uma espécie nativa da região
449 amazônica, com alta rusticidade, cultivo relativamente simples, capacidade de
450 perfilhamento evitando a necessidade de replantio após o corte para extração do
451 palmito, ciclo de produção precoce do palmito (18 meses) e produto de alta qualidade.
452 O palmito da pupunheira possui sabor adocicado, coloração levemente amarelada, boa
453 palatabilidade, textura pastosa e baixa sensação de fibrosidade e apresenta lenta

454 oxidação após corte, o que possibilita a comercialização e consumo do palmito fresco (*in*
455 *natura*) ou minimamente processado (Kapp, 2003).

456 O melhoramento para aumento de produtividade e qualidade do palmito requer
457 sucessivos ciclos de seleção com diversos anos de avaliação a cada ciclo. A estimação
458 precisa dos componentes de variância é fundamental para orientar e maximizar a acurácia
459 da seleção de progênies. Torna-se então necessário utilizar um método de estimação que
460 se encaixe em certas condições experimentais e dados desbalanceados (Farias Neto and
461 Resende, 2001, Faria Neto et al., 2007, Farias Neto et al., 2013)..

462 O procedimento máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não
463 viciada (REML/BLUP) vem sendo utilizado com sucesso no melhoramento da
464 pupunheira (Farias Neto e Resende, 2001). De acordo com Resende (2000), a estimação
465 de efeitos genéticos aditivos e a predição de valores genotípicos por meio de modelos
466 mistos são essenciais. Comparando esses métodos com estimação de mínimos
467 quadrados para componentes de variância e o método de índices multi-efeitos para
468 estimar valores genotípicos, eles apresentam resultados muito similares em caso de
469 pouco desbalanceamento. Por outro lado, em condições de grande desbalanceamento,
470 resulta em resultados mais acurados.

471 Este estudo teve como objetivos estimar parâmetros genéticos em análises
472 individuais e conjunta, obter estimativas de herdabilidade e repetibilidade na seleção de
473 progênies, estimar valores genéticos individuais de genótipos de progênies de meio-
474 irmãos de pupunheira via BLUP e aplicar o índice de seleção de Mulamba e Mock e
475 analisar a diversidade genética de progênies de pupunheira para produção de palmito.

476

477 **MATERIAL E MÉTODOS**

478 **Localização do experimento**

479 O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Sede da Embrapa
 480 Amazônia Ocidental, localizada no km 29 da rodovia AM-010, coordenadas 2° 51' S e
 481 59° 52' W. O solo da área é classificado como latossolo amarelo álico muito argiloso,
 482 com teor de argila para o horizonte superficial em torno de 80%, ácido e com baixa
 483 capacidade de troca de cátions, alta saturação de alumínio e baixo teor de fósforo. Para
 484 caracterização da área foram coletadas duas amostras compostas de solo (20 amostras
 485 simples em cada metade da área) e realizadas análises física (granulometria) e química
 486 (fertilidade) (Tabela 1).

487 Tabela 1. Características físicas e químicas, complexo sortivo, micronutrientes,
 488 capacidade de troca de cátions total (T), capacidade de troca de cátions efetiva(t), índice
 489 de saturação por bases (V) e índice de saturação de alumínio (m) do solo da área do
 490 ensaio com teste de progênes de pupunha para palmito.

Amostratras Profundidade (cm)	Granulometria (g/kg)					pH (H ₂ O)	Complexo sortivo (cmol _c /dm ³)				Micronutrientes (mg/dm ³)				
	Areia		Silte	Argila	Silte/ Argila		Ca	Mg	Al	H+Al	Fe	Zn	Mn	Cu	
	Grossa	Fina													
A1	20	110,15	31,45	211,90	646,50	0,33	4,22	0,60	0,33	0,84	7,11	264	1,93	2,98	0,63
A2	20	111,45	30,43	230,62	627,50	0,37	4,32	0,56	0,33	0,82	7,75	191	1,78	2,58	0,56
		P	K	Na	SB	T	t		V	m	Carbono	Matéria Orgânica			
		(mg/dm ³)							(%)		(g/kg)				
A1	20	10	72	5	1,14	8,25	1,98	13,77	42,63	17,41	29,95				
A2	20	8	70	5	1,09	8,84	1,91	12,34	43,03	16,64	28,61				

491 O preparo da área foi iniciado em outubro de 2006, com gradagem para incorporar
 492 restos vegetais (capoeira) e aplicação de 1,5 toneladas de calcário dolomítico/ha. O
 493 plantio das mudas foi realizado nos meses de dezembro de 2006/janeiro de 2007. Foi
 494 realizada adubação de plantio na cova e cinco adubações de cobertura aos 2, 6, 12, 24 e
 495 36 meses, conforme resultados das análises de solo e recomendações técnicas da
 496 Embrapa para a cultura.

497 Recursos genéticos

498 As progênies avaliadas são originárias do município de Benjamin Constant, AM,
499 previamente selecionadas por dois ciclos, e de Yurimáguas, Peru, ambas procedentes do
500 Projeto RECA (Reflorestamento Econômico Consorciado Adensado) de Rondônia.

501 **Número de progênies**

502 O número de progênies foi selecionado pelo número de mudas obtidas no fim do
503 período produtivo, sendo considerados aspectos relativos ao vigor, aspecto nutricional,
504 ausência pragas e doenças e especialmente ausência total de espinhos na estipe. Então,
505 de 100 progênies, 72 foram selecionadas e transplantadas em campo.

506 **Número de repetições, desenho experimental e análise de variáveis**

507 As plantas de pupunheira foram dispostas num espaçamento de 2,0 m x 1,0 m
508 (densidade de 5 000 plantas / ha). O experimento foi conduzido em delineamento de
509 blocos ao acaso com uma planta por parcela. Os tratamentos consistiram de 72
510 progênies de pupunheira em 36 repetições (um total de 2.592 plantas), que ocuparam
511 uma área de 0,8 hectares. Foram avaliados seis caracteres diretamente relacionados à
512 produtividade e ao rendimento do peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical
513 (PPA), peso do palmito (PP), que foram medidos em gramas (g), utilizando uma
514 balança de alta precisão; número de toletes (NT), que é o número de toletes produzidos
515 na touceira, com um tamanho padrão de 9 cm, diâmetro do palmito (DP), medido em
516 milímetros (mm) e comprimento do palmito (CP), expresso em centímetros (cm) e
517 medido com um paquímetro eletrônico. As medições foram realizadas após a colheita e
518 limpeza do produto no campo.

519 **Seleção entre e dentro de progênies**

520 A seleção entre e dentro é retratada aqui como seleção de genótipos, que descreve a
521 seleção de indivíduos dentro de uma progênie, que por sua vez, representa uma família
522 de meio-irmãos, sendo esse o delineamento genético utilizado neste estudo.

523 As estimativas de componentes de variância e a predição de valores genéticos
 524 foram obtidas via modelo linearmisto:

525 $y = Xf + Za + Wc + e$, sendo:

526 y, f, a, c, e – vetores de dados, de efeitos fixos (média geral), de efeitos aditivos
 527 (aleatório), de efeitos de blocos (efeitos aleatórios) e de erros aleatórios,
 528 respectivamente, X, Z e W – são matrizes de incidência que relacionam f, a e c com o
 529 vetor de dados y , respectivamente.

530 O valor de f foi estimado por meio de quadrados mínimos generalizados e a
 531 predição de a e c por meio de BLUP, sendo os valores obtidos pela resolução do sistema
 532 de equações linear, que é denominado equação de modelo misto (MME):

533
$$\begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$
 sendo,

534 $\lambda_1 = \frac{1-h^2-c^2}{h^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}; \quad \lambda_2 = \frac{1-h^2-c^2}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2};$

535 A e I = Matrizes de parentesco genético aditivo e matriz de identidade de ordem
 536 apropriada aos dados, respectivamente.

537 Na obtenção das variâncias dos efeitos aleatórios, os estimadores REML aplicando-
 538 se o algoritmo EM (Expectation-Maximization) são:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{f}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y]/[N - r(x)]$$

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

539 $\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'c + \hat{\sigma}_e^2 tr C^{33}]/S$ sendo,

540 tr = traço matricial;

541 $r(x)$ = posto da matriz X;

542 $N - r(x)$ = número de graus de liberdade do erro;

543 q = número de indivíduos;

544 s= número de bloco;

545 N= número total de dados.

546 C^{22} e C^{33} = vem de:

547
$$C = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix},$$

548 que é a inversa generalizada da matriz dos coeficientes das MME.

549 A análise conjunta, juntamente com a análise de repetibilidade e progênie por meio
550 do BLUP, foram obtidas através do modelo 8 (Resende, 2007).

$$y = Xm + Za + Wp + Qi + Ts + e$$

551 Onde

552 m = vetor dos efeitos das combinações de medição-repetição (fixo) adicionadas à
553 média geral

554 a = vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios)

555 p = vetor de efeitos de parcela (aleatório)

556 i = efeitos do vetor de interação de medição do genótipo (aleatório)

557 s = vetor dos efeitos permanentes (aleatório)

558 e = vector de resíduos (aleatório).

559 **Seleção simultânea de variáveis**

560 O índice de seleção de Mulamba e Mock foi utilizado (Resende, 2014), tendo como
561 informações os valores genéticos preditos.

562 **Estudo de diversidade genética**

563 No estudo da diversidade genética entre os genótipos, foi adotada uma metodologia
564 multivariada. Por meio dela a matriz de dissimilaridade foi gerada por uma modificação
565 da distância generalizada de Mahalanobis aplicado nos valores genéticos, estimada por:

566 $D_{ii'}^2 = \delta' R \delta$ onde,

567 $D_{ii'}^2 =$ distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

568 $R =$ matriz de variâncias e covariâncias genotípicas;

569 $\delta' = [d_1 d_2 \dots d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

570 $Y_{ij} =$ média genotípica i -ésimo progênie em relação à j -ésima variável.

571 O agrupamento de progênie foi realizado pelo método de otimização de Tocher,
572 como descrito por Cruz et al. (2011), onde a distância intragrupo é menor que a
573 distância intergrupos. Como um grande grupo foi estabelecido, o mesmo método foi
574 aplicado para dividi-lo em subgrupos.

575 Todas as análises foram realizadas no programa SELEGEN-REML/BLUP
576 (Resende, 2007).

577

578 **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

579 A estimativa dos parâmetros genéticos para análise individual é apresentada na
580 Tabela 2; podem ser observados valores baixos para a variância genética aditiva (σ^2_a).
581 A variância residual (σ^2) foi maior que (σ^2_a) para todas as variáveis, o que pode
582 mascarar a seleção fenotípica. Este fato se reflete na hereditariedade de sentido restrito,
583 baseada na seleção de genótipo (h^2_a); observa-se que a maior herdabilidade foi
584 estimada nos anos de 2010 e 2013, onde também se encontra a maior concentração de
585 variância genética aditiva significativa. A herdabilidade baseada na seleção de
586 progênie (h^2_{pa}) parece mais adequada à seleção; esta herdabilidade variou de 51% a
587 23% para as variáveis com variância genética aditiva estatisticamente significativa.

588 A análise conjunta mostrou baixa h^2_a para todos os caracteres estudados, que variou
589 de 1% a 3% para PPB, PPA, PP, DP e CP (Tabela 2). Os baixos valores de

590 herdabilidade encontrados podem ser atribuídos ao fato de que a progênie testada estava
591 no terceiro ciclo de seleção. A herdabilidade para a seleção de progênies é muito maior
592 do que a herdabilidade com base nos genótipos, tanto na análise individual como na
593 conjunta; assim, a seleção de progênies é a melhor maneira de obter ganhos
594 significativos. Visando a rápida disponibilidade de materiais genéticos superiores para
595 os agricultores, os genótipos das melhores progênies podem ser selecionados e
596 clonados. A diferença observada entre médias foi devida à destruição necessária para a
597 coleta de dados: as árvores foram cortadas para ganhar acessos ao palmito.

598 Tabela 2. Análises individuais, conjunta e estimativas de parâmetros genéticos paravariáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical
 599 (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) para progênies de meio-irmãos
 600 de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) cultivada na EMBRAPA Amazônia Ocidental em Manaus-AM.

	2009						2010					
	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP
σ^2_a	76.46 ^{ns}	2.63 ^{ns}	426.26*	0.03 ^{ns}	0.03*	2.48 ^{ns}	7354.46*	118.09*	2254.05 ^{ns}	2.38*	0.01 ^{ns}	193.16*
σ^2_b	833.71	53.61	454.45	0.05	0.01	4.42	9789.11	131.54	1074.77	1.49	0.03	120.68
σ^2	2850.68	880.06	6842.85	1.22	0.16	99.14	96387.40	1841.60	43315.08	21.04	0.40	1704.03
σ^2_f	3760.84	936.29	7723.56	1.31	0.19	106.05	113530.9	2091.22	46643.89	24.91	0.43	2017.86
h^2_a	0.02±0.0	0.002±0.0	0.05±0.0	0.02±0.0	0.13±0.0	0.02±0.0	0.06±0.03	0.05±0.0	0.05±0.0	0.10±0.0	0.01±0.0	0.10±0.0
h^2_{mp}	0.16	0.02	0.30	0.15	0.51	0.15	0.30	0.25	0.23	0.38	0.08	0.38
CV	28.51	63.71	54.53	36.99	16.28	36.99	79.59	80.19	77.81	69.95	26.89	69.95
\bar{X}	189.14	46.61	155.21	3.02	2.59	27.17	401.07	54.79	272.64	6.83	2.36	61.47
	2011						2012					
	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP
σ^2_a	87.38 ^{ns}	14.25 ^{ns}	230.05 ^{ns}	0.02 ^{ns}	0.01 ^{ns}	1.72 ^{ns}	18.94 ^{ns}	30.39 ^{ns}	251.25 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}	0.87 ^{ns}
σ^2_b	1823.79	27.23	727.15	0.03	0.00	2.66	251.89	54.07	1500.18	0.03	0.02	2.03
σ^2	13624.22	1599.08	34431.77	2.19	0.21	177.58	6702.92	1404.04	43433.63	3.20	1.14	259.15
σ^2_f	15535.40	1640.56	35388.97	2.25	0.23	181.97	6973.75	1488.51	45185.05	3.24	1.16	262.05
h^2_a	0.01±0.0	0.01±0.01	0.01±0.0	0.01±0.0	0.06±0.0	0.01±0.0	0.00±0.01	0.02±0.0	0.01±0.0	0.00±0.0	0.01±0.0	0.00±0.0
h^2_{mp}	0.02	0.03	0.02	0.03	0.17	0.03	0.01	0.07	0.02	0.01	0.03	0.01
CV	62.49	73.67	60.52	57.64	16.29	57.64	57.22	68.64	61.48	57.99	38.56	57.99
\bar{X}	187.23	54.46	307.36	2.58	2.87	23.20	143.23	55.03	339.71	3.09	2.77	27.79
	2013						Coniunta					
	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP	PPB	PPA	PP	NT	DP	CP
σ^2_a	154.33*	9.51 ^{ns}	536.71 ^{ns}	0.20*	0.01 ^{ns}	16.46*	540.72*	38.01*	822.89*	0.19*	0.01*	15.48*
σ^2_b	406.43	111.28	1227.05	0.59	0.01	48.19	1372.157	32.21	390.69	0.11	0.01	9.03
σ^2	1504.53	1564.62	30898.42	2.14	0.36	173.38	26057.08	1378.22	27766.39	6.74	0.34	546.11
σ^2_f	2065.28	1685.41	32662.19	2.94	0.39	238.03	30111.12	1514.44	31636.27	7.41	0.47	600.43
h^2_a	0.07±0.0	0.01±0.01	0.02±0.0	0.07±0.0	0.03±0.0	0.07±0.0	0.01±0.01	0.03±0.0	0.02±0.0	0.03±0.0	0.03±0.0	0.03±0.0
h^2_{mp}	0.35	0.03	0.09	0.33	0.17	0.33	0.31	0.36	0.38	0.39	0.36	0.39
CV	61.41	77.00	69.64	59.63	22.99	59.63	82.33	71.02	62.91	72.08	21.97	72.08
\bar{X}	65.55	51.49	254.04	2.54	2.65	22.86	196.07	52.28	264.87	3.60	2.64	32.42
r	-	-	-	-	-	-	0.02	0.09	0.12	0.09	0.28	0.09

601 σ^2_a : variância genética aditiva, σ^2_b : variância do bloco, σ^2 : variância residual (ambiental + não aditiva), $\sigma^2_f = \sigma^2_a + \sigma^2_b + \sigma^2$: variância fenotípica individual, h^2_a :
 602 herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos, h^2_{mp} : herdabilidade a nível de progênies, CV: coeficiente de variação experimental, expresso em
 603 porcentagem, \bar{X} : média, */ns: significativo pela análise da Deviance [$\chi^2(1,5\%) = 3.84$] e não estatisticamente significativo, respectivamente, r: correlação média entre anos.

As correlações entre anos de avaliação (r) foram de baixa magnitude (tabela2), indicando interação genótipo x ambiente de natureza complexa (Vencovsky and BARRIGA, 1992), mostrando que alguns genótipos não possuem comportamento estável ao longo do tempo.

Os coeficientes de determinação obtidos a partir dos cinco anos de avaliação variam de 0,33 (PPA e NT) a 0,67 (DP), estando associados as acurácias que vão de 0,24 a 0,32 (Tabela 3). Com cinco medidas a h^2 baseada em médias de anos para as variáveis analisadas foi relativamente baixa para todas as variáveis analisadas. Padilha et al. (2003) concluíram que todos os caracteres de produção de palmito apresentam coeficientes de repetibilidade negligíveis e indicam elevado número de medições para que altos valores de acurácia possam ser obtidos. Por outro lado, BERGO et al. (2013) indicam que são necessários sete ciclos de medições para predizer o valor real das progênes, com acurácia de 85% pelo método dos componentes principais. Para as variáveis estudadas, a utilização de sete medidas mostra valores de coeficiente de determinação que variam de 0,4086 a 0,7396 e acurácias de 0,2716 até 0,3426, enquanto a utilização de 10 medidas revelou valores que variam de 0,4971 até 0,8023 para coeficiente de determinação e de 0,2814 até 0,3802 para acurácia.

Tabela 3. Estudo de repetibilidade para as variáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) para progênies de meio-irmãos de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) cultivada na EMBRAPA Amazônia Ocidental em Manaus-AM.

NC	$h_a^2 ma$	R^2	HF	ERUC	NC	$h_a^2 ma$	R^2	HF	ERUC
PPB					PPA				
1	0.0180	0.1346	0.1340	1.00	1	0.0251	0.0899	0.1584	1.00
2	0.0317	0.2373	0.1779	1.33	2	0.0461	0.1650	0.2146	1.35
3	0.0424	0.3182	0.2060	1.54	3	0.0638	0.2287	0.2526	1.59
4	0.0512	0.3836	0.2262	1.69	4	0.0791	0.2833	0.2812	1.77
5	0.0584	0.4375	0.2416	1.80	5	0.0923	0.3307	0.3038	1.92
6	0.0644	0.4828	0.2538	1.89	6	0.1039	0.3723	0.3223	2.03
7	0.0695	0.5213	0.2637	1.97	7	0.1141	0.4089	0.3378	2.13
8	0.0740	0.5545	0.2720	2.03	8	0.1232	0.4416	0.3510	2.22
9	0.0778	0.5834	0.2789	2.08	9	0.1314	0.4708	0.3624	2.29
10	0.0812	0.6087	0.2849	2.13	10	0.1387	0.4971	0.3724	2.35
PP					NT				
1	0.0260	0.1223	0.1613	1.00	1	0.0258	0.0905	0.1606	1.00
2	0.0464	0.2180	0.2153	1.33	2	0.0473	0.1659	0.2174	1.35
3	0.0627	0.2948	0.2504	1.55	3	0.0655	0.2298	0.2559	1.59
4	0.0761	0.3579	0.2759	1.71	4	0.0811	0.2846	0.2848	1.77
5	0.0873	0.4107	0.2955	1.83	5	0.0946	0.3322	0.3076	1.92
6	0.0968	0.4554	0.3112	1.93	6	0.1065	0.3738	0.3263	2.03
7	0.1050	0.4938	0.3240	2.01	7	0.1170	0.4105	0.3420	2.13
8	0.1121	0.5272	0.3348	2.08	8	0.1263	0.4431	0.3553	2.21
9	0.1183	0.5564	0.3440	2.13	9	0.1346	0.4724	0.3669	2.28
10	0.1238	0.5822	0.3519	2.18	10	0.1421	0.4987	0.3769	2.35
DP					CP				
1	0.0285	0.2886	0.1688	1.00	1	0.0360	0.0801	0.1615	1.00
2	0.0442	0.4480	0.2103	1.25	2	0.0462	0.1660	0.2257	1.37
3	0.0542	0.5490	0.2328	1.38	3	0.0756	0.2301	0.2693	1.61
4	0.0611	0.6187	0.2471	1.46	4	0.0711	0.2798	0.2771	1.80
5	0.0661	0.6698	0.2571	1.52	5	0.1016	0.3402	0.3182	1.96
6	0.0700	0.7088	0.2645	1.57	6	0.1103	0.3837	0.3315	2.10
7	0.0730	0.7396	0.2702	1.60	7	0.1190	0.4086	0.3426	2.19
8	0.0755	0.7645	0.2747	1.63	8	0.1282	0.4518	0.3622	2.25
9	0.0775	0.7850	0.2784	1.65	9	0.1339	0.4697	0.3691	2.27
10	0.0792	0.8023	0.2814	1.67	10	0.1419	0.4972	0.3802	2.33

NC: número de colheitas, $h_a^2 ma$: herdabilidade individual aditiva em níveis de média de anos, R^2 : Coeficiente de determinação, HF: acurácia fenotípica e ERUC: eficiência relativa ao uso de apenas uma colheita necessário para se atingir determinados valores de acurácia seletiva

A classificação das melhores progênies selecionadas (20%) é apresentada na Tabela

4. Essas progênies podem compor um pomar de produção de sementes, atendendo assim a demanda do mercado por sementes geneticamente melhoradas.

Tabela 4. Seleção das quinze melhores progênies para as variáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP), com base nos efeitos aditivos (a), ganho e nova média de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) cultivada na EMBRAPA Amazônia Ocidental em Manaus-AM.

PPB				PPA				PP			
Progênie	a	Ganho	Nova média	Progênie	a	Ganho	Nova média	Progênier	a	Ganho	Nova média
157	46.65	46.65	242.72	113	9.69	9.69	61.97	158	43.78	43.78	308.66
49	31.50	39.07	235.14	40	8.45	9.07	61.35	88	42.92	43.35	308.23
158	29.83	35.99	232.06	6	8.23	8.79	61.07	137	41.00	42.57	307.44
137	25.74	33.43	229.50	131	8.21	8.65	60.92	157	40.63	42.08	306.96
48	24.87	31.72	227.79	48	7.15	8.35	60.62	48	36.26	40.92	305.79
163	22.42	30.17	226.24	85	6.91	8.11	60.38	131	29.43	39.00	303.88
47	13.39	27.77	223.84	114	6.16	7.83	60.10	47	28.26	37.47	302.34
131	13.35	25.97	222.04	162	4.82	7.45	59.73	46	24.53	35.85	300.73
162	11.80	24.39	220.47	157	4.31	7.10	59.38	154	19.91	34.08	298.95
44	10.81	23.04	219.11	12	4.03	6.80	59.07	152	18.84	32.56	297.43
85	10.45	21.89	217.96	18	3.45	6.49	58.77	49	17.89	31.22	296.10
51	10.00	20.90	216.97	137	3.01	6.20	58.48	40	12.43	29.66	294.53
113	8.80	19.97	216.04	75	2.94	5.95	58.23	36	12.05	28.30	293.18
12	8.78	19.17	215.24	68	2.92	5.73	58.01	41	11.36	27.09	291.97
41	8.06	18.43	214.50	163	2.91	5.55	57.82	163	10.53	25.99	290.86
NT				DP				CP			
Progênie	a	Ganho	Nova média	Progênie	a	Ganho	Nova média	Progênie	a	Ganho	Nova média
157	0.78	0.78	4.38	156	0.36	0.36	3.00	157	7.04	7.04	39.46
158	0.65	0.72	4.32	131	0.13	0.24	2.89	158	5.89	6.46	38.89
49	0.61	0.68	4.29	17	0.10	0.20	2.84	49	5.52	6.15	38.57
48	0.48	0.63	4.23	81	0.10	0.17	2.82	48	4.29	5.68	38.11
137	0.47	0.60	4.20	18	0.09	0.16	2.80	137	4.27	5.40	37.82
41	0.41	0.57	4.17	152	0.09	0.14	2.79	41	3.67	5.11	37.54
163	0.40	0.54	4.15	88	0.08	0.13	2.78	163	3.63	4.90	37.32
47	0.38	0.52	4.13	114	0.07	0.13	2.77	47	3.40	4.71	37.14
162	0.32	0.50	4.10	9	0.06	0.12	2.76	162	2.90	4.51	36.93
131	0.29	0.48	4.08	123	0.06	0.11	2.76	131	2.64	4.33	36.75
88	0.29	0.46	4.07	137	0.06	0.11	2.75	88	2.61	4.17	36.59
85	0.28	0.45	4.05	158	0.06	0.11	2.75	85	2.50	4.03	36.45
164	0.27	0.43	4.04	75	0.06	0.10	2.75	164	2.45	3.91	36.33
46	0.26	0.42	4.02	154	0.05	0.10	2.74	46	2.36	3.80	36.22
51	0.19	0.41	4.01	155	0.05	0.09	2.74	51	1.73	3.66	36.08

a: valor genético aditivo

A Tabela 4 mostra a seleção baseada na análise conjunta, onde se pode constatar que as três melhores progênies para as variáveis PPB, NT e CP não se alteram, sendo elas as progênies 157, 158 e 49. Essas progênies podem ser encontradas bemclassificadas nas variáveis PPA, PP. As variáveis PPB, NT e CP apresentaram variância genética aditiva estatisticamente significativa mais constante ao longo dos anos estudados. A progênie 157 possui alto valor genético aditivo (a) e está bem classificada

na maioria das variáveis estudadas. Espera-se que a descendência herde metade *do*. Selecionando 20% das progênies analisadas (15 progênies) para formação de um pomar produtor de sementes, espera-se obter um ganho de 18,43 gramas para PPB, 5,55 gramas para PPA, 25,99 gramas para PP, 0,41 toletes para NT, 0,09 centímetros para DP e 3,66 centímetros para CP.

O número de variáveis utilizadas dificulta a seleção, a utilização de um índice de seleção que maximize os ganhos preditos é uma boa opção para escolha de progênies. A adoção da estratégia de seleção sem sobreposição de gerações na produção de sementes pode ser positiva para exploração da heterose possivelmente obtida através de cruzamentos. Mora Urpí e Solis (1980) descrevem a pupunheira como uma espécie alógama e propõe existência de algum sistema genético de autoincompatibilidade. Mossanek et al. (2014) citam que a polinização da pupunheira é cruzada, o que também sugere alogamia.

Faria Neto e Rezende (2001) selecionaram 31 e 53 genótipos para programas de melhoramento de palmito de pupunheira de curto e longo prazo, respectivamente. Este tipo de seleção reflete-se no tamanho efetivo da população (N_e). A Tabela 5 mostra a seleção de genótipos com base em diferentes valores de N_e . Para alcançar um teto seletivo onde N_e varia entre 19 (Faria Neto e Rezende, 2001), 30 e 60 (Pires et al., 2011), podem ser selecionados vários genótipos e progênies. O genótipo da progênie 157 localizado no bloco 10 apresentou valores fenotípicos muito maiores do que outros genótipos para pelo menos metade das variáveis estudadas.

Tabela 5. Seleção de genótipos de pupunheira (*Bactris gasipaes*) cultivada na EMBRAPA Amazônia Ocidental em Manaus-AM para as variáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) baseadas no tamanho efetivo populacional.

PPB											
NGen	Prog	Bloc	<i>f</i>	<i>a</i>	<i>u+a</i>	Ganho	Nova média	Ne	<i>d</i>	<i>g</i>	NP
1	157	10	967.3	53.5	250	53.46	250	1	20	73.6	1
157	158	18	202.4	15.3	211.4	21.1	217.1	19.0	0.3	15.6	19
303	48	34	44.5	11.3	207.4	17.3	213.3	30.0	-0.7	10.6	32
588	11	20	341.0	6.0	202.1	12.9	209.0	60.0	4.6	10.6	48
PPA											
1	6	29	273.5	11.7	64.0	11.7	64.0	1.0	5.1	16.8	1
48	162	18	88.8	5.6	57.9	6.9	59.1	19.0	2.1	7.7	14
226	131	17	40.0	3.8	56.1	5.0	57.3	30.0	-0.2	3.6	22
573	18	35	70.0	2.1	54.4	3.7	56.0	60.1	0.3	2.4	47
PP											
1	158	2	535.4	40.5	305.3	40.5	305.3	1.0	12.4	52.8	1
76	18	4	579.8	24.5	289.4	30.2	295.1	19.1	12.9	37.5	11
278	51	2	491.8	17.5	282.4	23.1	287.9	30.1	11.7	29.2	25
600	49	17	259.7	10.2	275.1	17.9	282.8	60.0	0.9	11.1	48
NT											
1	157	10	14.4	1.0	4.6	1.0	4.6	1.0	0.4	1.4	1
117	48	27	4.7	0.3	4.0	0.4	4.0	19.1	0.1	0.4	19
244	40	31	11.3	0.3	3.9	0.4	4.0	30.2	0.2	0.4	30
552	74	31	8.5	0.2	3.8	0.3	3.9	60.0	0.1	0.3	49
DP											
1	156	32	38.5	1.0	3.6	1.0	3.6	1.0	0.5	1.5	1
170	18	21	2.9	0.1	2.7	0.1	2.8	19.1	0.0	0.1	17
266	88	24	3.0	0.0	2.7	0.1	2.7	30.1	0.0	0.1	23
569	155	24	2.8	0.0	2.7	0.1	2.7	60.0	0.0	0.0	35
CP											
1	157	10	129.4	8.9	41.4	8.9	41.4	1.0	3.6	12.5	1
117	48	27	42.0	3.1	35.6	3.9	36.3	19.1	0.7	3.8	19
244	40	31	101.3	2.5	34.9	3.3	35.7	30.2	1.4	3.9	30
552	74	31	76.5	1.5	33.9	2.5	35.0	60.0	0.8	2.3	48

NGen: número de genótipos, Prog: progênie do indivíduo, Bloc: bloco, *f*: valor fenotípico observado, *a*: efeito aditivo, *u+a*: valor genético aditivo, Ne: tamanho efetivo populacional, *d*: efeito de dominância, *g*: efeito genotípico total, NP: número de progênies.

Como mencionado acima, Faria Neto e Resende (2001) apresentaram uma seleção de 31 genótipos de 9 progênies, que resultaram em um Ne de 19 para um programa de melhoramento de curto prazo; neste estudo, a seleção que resulta em um Ne de 19 é o uso de 48 a 170 genótipos de 11 a 19 progênies. A Tabela 5 mostra que a seleção de 226 a 303 genótipos conduz a 22 a 32 progênies, mantendo o Ne próximo de 30; no trabalho de Faria Neto e Resende (2001), foram selecionados 53 genótipos e, conseqüentemente, 15 progênies atingiram o mesmo Ne em todas as características. Focando em um teto

seletivo para alcançar um N_e de 60, de 552 a 600 genótipos deve ser selecionado, selecionando assim 35 a 49 progênies. O uso de grande número de progênies mantém a diversidade genética dentro da população de melhoramento por um período de tempo mais longo; por outro lado, resultados serão obtidos em longo prazo.

Selecionar genótipos superiores que simultaneamente possuem alto desempenho nas características desejáveis é geralmente uma tarefa difícil para um melhorista. Assim, a utilização da teoria do índice de seleção pode ser alternativa eficaz (Cross et al., 2014). A análise realizada no índice de seleção de Mulamba e Mock (Resende, 2014) classificou as 72 progênies analisadas (Tabela 6). A progênie melhor classificada foi a progênie 157, com ganho de 563,6% em relação a todas as outras progênies estudadas; a última na classificação foi a progênie 151. Usando taxa de seleção de 20%, resultou na seleção de 15 progênies, o que deve levar a ganho esperado de 166% na próxima geração.

Tabela 6. Índice Mulamba e Mock para 72 progênies de meio-irmãos depupunheira (*Bactris gasipaes*) cultivada na EMBRAPA Amazônia Ocidental em Manaus-AM, baseando-se nas variáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP).

Prog	Rank	Ganho	Ganho (%)	Prog	Rank	Ganho	Ganho (%)	Prog	Rank	Ganho	Ganho (%)
157	5.5	5.50	563.6	36	27.3	18.11	101.51	118	45.7	28.24	29.3
131	6.7	6.08	500.0	155	28.7	18.52	97.09	123	46.0	28.59	27.7
137	6.7	6.28	481.4	154	30.3	18.96	92.54	68	47.3	28.96	26.0
158	7.8	6.67	447.5	139	32.3	19.43	87.81	74	47.8	29.32	24.5
48	11.5	7.63	378.2	78	32.5	19.89	83.55	73	48.0	29.68	23.0
49	14.5	8.78	315.8	17	33.3	20.33	79.51	35	48.5	30.02	21.6
41	15.5	9.74	274.8	9	34.5	20.79	75.56	81	48.5	30.36	20.2
162	15.5	10.46	249.0	63	35.3	21.24	71.81	165	49.2	30.70	18.9
163	15.7	11.04	230.7	102	36.0	21.69	68.27	145	51.3	31.06	17.5
85	16.3	11.57	215.6	136	38.2	22.18	64.59	43	51.8	31.42	16.2
44	16.8	12.05	203.0	126	38.3	22.64	61.23	125	52.0	31.77	14.9
47	17.0	12.46	193.0	6	38.5	23.08	58.15	71	52.7	32.11	13.7
46	18.5	12.92	182.4	11	39.2	23.51	55.23	107	55.3	32.49	12.3
88	18.7	13.33	173.8	54	40.2	23.95	52.39	84	55.3	32.86	11.1
113	19.2	13.72	166.0	144	40.5	24.38	49.74	39	55.5	33.22	9.9
114	19.3	14.07	159.4	31	41.0	24.79	47.23	156	55.8	33.58	8.7
40	21.2	14.49	151.9	160	41.3	25.20	44.87	7	56.0	33.92	7.6
164	23.7	15.00	143.3	83	42.0	25.60	42.60	69	56.7	34.27	6.5
18	23.8	15.46	136.0	153	43.0	26.00	40.38	70	56.8	34.60	5.5
12	24.0	15.89	129.7	25	43.5	26.40	38.27	14	58.7	34.96	4.4
51	26.5	16.40	122.6	37	43.7	26.78	36.29	65	59.3	35.31	3.4
24	26.8	16.87	116.3	16	43.8	27.15	34.43	149	61.0	35.68	2.3
75	27.2	17.32	110.8	60	44.2	27.51	32.66	108	63.5	36.07	1.2
152	27.2	17.73	105.9	55	44.8	27.88	30.94	151	67.2	36.50	0.0

Prog: progênie, Rank: rank médio da progênie.

A Tabela 7 mostra o resultado do agrupamento de Tocher baseado na distância de Mahalanobis, onde a formação de dois grupos distintos pode ser observada. O grupo 1 é o maior, contendo 71 progênies; foi dividido em 32 subgrupos, também usando o método de Tocher. O grupo formado pode apontar para cruzamentos futuros em programas de melhoramento; um programa de seleção recorrente intrapopulacional também poderia ser iniciado, avaliando a capacidade de combinação geral e específica.

Tabela 7. Agrupamento de 72 progênies de meios irmãos de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.) pelo método de otimização de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis, quanto às variáveis peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP).

Grupo	Progenies								
	Subgrupo								
1	1	152	125	164	24	47	114	165	151
	2	155	162	16	139	51	83	44	160
	3	41	144	43	63	11	49	78	74
	4	136	14	55	39	46			
	5	153	25	54	36	88	12		
	6	85	163	158	68				
	7	81	113	40					
	8	118	69						
	9	145	37						
	10	137	108						
	11	126	123						
	12	149							
	13	75							
	14	154							
	15	84							
	16	107							
	17	17							
	18	6							
	19	131							
	20	9							
	21	18							
	22	71							
	23	35							
	24	73							
	25	102							
	26	70							
	27	48							
	28	65							
	29	31							
	30	7							
	31	60							
	32	156							
2		157							

Em geral, com base nas análises realizadas neste estudo, pode-se concluir que a progênie 157 mostrou um desempenho superior; é a melhor classificada na seleção de progênies (Tabela 4), no BLUP individual (Tabela 5) e no índice de seleção (tabela 6) e é isolado em um grupo na análise de agrupamento (grupo 2). Negreiros et ai. (2013) encontraram 26 grupos quando analisaram 100 progênies de pupunheira; eles também relataram que eles encontraram uma forte divergência genética usando o método de Tocher.

CONCLUSÕES

As progênies apresentam baixa variância genética, mas é possível obter ganho genético com a seleção.

Grande número de medições das variáveis de produção do palmito de pupunheira é necessário para obter valores de repetibilidade confiáveis.

A seleção de progênies via BLUP e índice de seleção confirmaram a superioridade de algumas progênies.

Cruzamento entre indivíduos de progênies superiores encontradas em diferentes grupos genéticos podem resultar na obtenção de heterose ou alta capacidade específica de combinação.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Embrapa - Amazônia Ocidental - CPAA a permissão para conduzir o estudo, o laboratório de bioinformática da Universidade Federal de Viçosa por fornecer a estrutura necessária para este trabalho ea FAPEMIG pela concessão da bolsa de estudos.

REFERÊNCIAS

- Barbosa, M. H. P., Ferreira, A., Peixoto, L. A., Resende, M. D. V., Nascimento, M., & Silva, F. F. (2014). Selection of sugar cane families by using BLUP and multi-diverse analyses for planting in the Brazilian savannah. *Genetics and Molecular Research*, 13(1), 1619-1626.
- Bergo, C. L., Negreiros, J. D. S., Miqueloni, D. P., & Lunz, A. M. P. (2013). Estimativas de repetibilidade de caracteres de produção em pupunheiras para palmito da raça putumayo. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(3), 829-836.
- Cruz, C. D., Ferreira, F. M., & Pessoni, L. A. (2011). *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*. Visconde do Rio Branco: Suprema.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2014). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas*. v. 1. 4th ed. Viçosa: Editora UFV.

- Faria Neto, J. T., & Resende, M. D. V. (2001). Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23(2), 320-324.
- Farias Neto, J. T., de Resende, M. D. V., de Oliveira, M. D. S. P., dos Santos, N. S. A., Canuto, E. L., Nogueira, O. L., & Muller, A. A. (2007). Genetic evaluation of progenies of acaizeiro (*Euterpe oleracea*) and estimates of genetic parameters. *Cerne*, 13(4), 376-383.
- Farias Neto, J. T., Clement, C. R., & Resende, M. D. V. D. (2013). Estimates of genetic parameters and selection gain for fruit production in open-pollinated progenies of peach palm in the State of Pará, Brazil. *Bragantia*, 72(2), 122-126.
- Kapp, E. A., Pinheiro, J. L., da Silva Raupp, D., & Chaimsohn, F. P. (2003). Tempo de preservação de tolete de palmito pupunha (*Bactris gasipaes*) minimamente processado e armazenado sob refrigeração. *Publicatio UEPG: Ciências Exatas e da Terra, Agrárias e Engenharias*, 9(03), 51-57.
- Urpí, J. M., & Solís, E. M. (1980). Polinización en *Bactris gasipaes* HBK (palmae). *Revista Biología Tropical*, 28(1), 153-174.
- Mossanek, E. A. O., Wendling, I., Koehler, H. S., & Zuffellato-Ribas, K. C. (2014). Indução de perfilhos em mudas de pupunheira. *Brazilian Journal of Forestry Research*. 37(77), 39-48.
- Negreiros, J. R. S., Bergo, C. L., Miqueloni, D. P., & Lunz, A. M. P. (2013). Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. *Pesquisa agropecuária brasileira*. 48(5), 496-503.
- Neto, H. Z., Daros, E., Bessalho Filho, J. C., Scapim, C. A., Vidigal, M. C. G., & Vidigal Filho, P. S. (2013). Selection of families and parents of sugarcane (*Saccharum* spp.) through mixed models by joint analysis of two harvests. *Euphytica*, 193(3), 391-408.
- Padilha, N. C. C., Oliveira, M. D. S. P. D., & Mota, M. G. D. C. (2003). Estimativa da repetibilidade em caracteres morfológicos e de produção de palmito em pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth). *Revista Árvore*, 27(3), 435-442.
- Pires, I. E., Resende, M. D. V., SILVA, R., & Resende Jr, M. F. R. (2011). *Genética florestal*. Viçosa, MG: Arka.
- Resende, M.D.V. (2000). *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Florestas (Documentos, 47).

- Resende, M. D. V., Silva, F. F & Azevedo, C. F. (2014) *Estatística matemática, biométrica e computacional*. Produção independente.
- Resende, M. D. V. (2007). *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Embrapa Florestas.
- Sousa, E. P. D., Soares, N. S., Cordeiro, S. A., & Silva, M. L. D. (2011). Competitividade da produção de palmito de pupunha no Espírito Santo e em São Paulo. *Revista de Economia e Sociologia Rural*, 49(1), 157-179.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.

ARTIGO 2

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE PALMITO DE PUPUNHEIRA

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE PALMITO DE PUPUNHEIRA

Haroldo Silva Rodrigues^{1*}, Cosme Damião Cruz², Ricardo Lopes³, Marcos Deon Vilela de Resende⁴, Aluizio Borém¹.

*¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Av. Peter Henry Rolfs, s/n, 36570-900, Campus Universitário, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. ²Departamento de Biologia, Universidade Federal de Viçosa, Av. Peter Henry Rolfs, s/n, 36570-900, Campus Universitário, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. ³Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, Amazonas, Brazil. ⁴Embrapa Florestas, Colombo, Paraná, Brazil. *Author for correspondence. E-mail: roldoagro@hotmail.com*

Resumo

A exploração predatória de palmito por meio da exploração extrativista de espécies endêmicas da Amazônia como açaí e juçara vem diminuindo as reservas naturais dessas espécies. Nesse contexto, o palmito retirado da pupunheira apresenta-se como uma opção para produção de palmito plantado. Foi instalado na Embrapa Amazônia Ocidental, no município de Manaus-AM, um experimento em blocos casualizados, composto por 72 progênies de pupunheira e 36 repetições. Foram analisados um grupo de características associadas à massa e um grupo relacionado ao volume de palmito produzido. O objetivo do trabalho foi estudar as relações entre essas características, por meio de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais, correlações canônicas e rede de correlações. Observou-se alta correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre as características relacionadas à massa produzida e comprimento do palmito, variando de 0,19 a 0,85, correlação fenotípica e genotípica negativa entre comprimento e diâmetro (-0,09 e -0,03). As correlações canônicas revelaram duas correlações canônicas significativas entre os dois grupos de características, sendo a primeira 0,89 e a segunda sendo 0,43. A análise de rede de correlações apresentou resultados muito similares, por outro lado, essa metodologia apresenta vantagens como possibilidade de associação de um número superior a dois grupos de características e análise gráfica.

Termos para indexação: palmito, rede de correlações, Amazônia, melhoramento vegetal, correlações.

GENETIC CORRELATIONS BETWEEN PRODUCTION TRAITS OF HEART OF PALM FROM PEACH PALM

Abstract

The predatory exploitation of hearts of palm from endemic species of the Amazon as açai and juçara exerts negative influence on the ecology of these species, the heart of palm removed from peach palm is an option for production of planted heart of palm. An experiment in complete randomized block was installed at Embrapa Western Amazon, in Manaus-AM, consisting of 72 progenies of peach palm and 36 replications, were analyzed a group of traits associated with mass, and another group related to volume. The objective was to study the relationships between these traits through phenotypic, genotypic and environmental correlations, canonical correlation and correlation networks and to compare the results obtained by the latter two methods. There were high phenotypic, genotypic and environmental correlation among traits related to mass production and length, ranging from 0.19 to 0.85, negative phenotypic and genotypic correlation between length and diameter (-0.09 and -0.03). The canonical correlation revealed two significant correlations between the analyzed groups, the first was 0.89 and second was 0.43. The correlation networks analysis showed similar results, on the other hand, this method presents advantages such as possibility of associating a number greater than two groups of traits and possibility of graphical analysis.

Index terms: heart of palm, correlation networks, Amazon, plant breeding, correlation.

Introdução

O palmito é amplamente consumido no mundo. O Brasil é o maior produtor e consumidor, enquanto o Equador e a Costa Rica são os maiores exportadores para o mercado

mundial(CLEMENT, 2008; SOUZA et al., 2011).A exploração extrativista do palmito no Brasil tem ocorrido com grande pressão sobre as populações naturais das palmeiras de juçara (*Euterpe edulis* Mart.) e açai (*Euterpe oleraceae* Mart.), que são as principais espécies exploradas (SOUZA et al., 2011), ameaçando a perpetuação dessas populações.

Como alternativa à produção predatória extrativa do palmito, nas últimas décadas, vem expandindo o cultivo da pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth.), palmeira nativa, que se destaca para produção de palmito pela precocidade, capacidade de perfilhamento, produtividade e qualidade do palmito (Kalil Filho & Clement, 2015). A expansão competitiva e sustentável do cultivo da espécie para produção de palmito tem sido promovida pelo desenvolvimento de tecnologias de cultivo, incluindo práticas de manejo e genótipos mais produtivos e com palmito de melhor qualidade.

Na seleção dos genótipos mais produtivos de pupunheira para palmito são avaliados vários caracteres, por exemplo, associados à massa e ao volume do palmito. No melhoramento genético, sabe-se que devido à existência de correlações a modificação em um carácter da planta pode provocar também alteração em outro(s) caractere(s), por isso, é importante conhecer e quantificar as correlações entre os caracteres de interesse para o melhoramento da espécie.

Para maior êxito do melhoramento é necessário reconhecer o potencial produtivo de cada população (ou progênies), a variabilidade existente para novas seleções e a associação entre características que, geralmente, tem controle genético complexo e alta influência do ambiente.

Este estudo teve como objetivo analisar correlações entre caracteres associados à produção do palmito de pupunheira.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Embrapa Amazônia Ocidental, na rodovia AM-010, km 29, Manaus, AM, coordenadas de 2° 51' S de latitude e 59° 52' W de longitude. O solo da área é do tipo latossolo amarelo álico muito argiloso com o teor de argila para o horizonte superficial em torno de 80%, pH ácido, baixa capacidade de troca de cátions, alta saturação de alumínio e baixo teor de fósforo (Tabela 1).

Tabela 1. Características físicas e químicas, complexo sortivo, micronutrientes, capacidade de troca de cátions total (T), capacidade de troca de cátions efetiva(t), índice de saturação por bases (V) e índice de saturação de alumínio (m) do solo da área experimental onde foram avaliadas 72 progênies de pupunheira para produção de palmito.

Amostras	Profundidade (cm)	Granulometria (g/kg)					Complexo sortivo (cmol _e /dm ³)				Micronutrientes (mg/dm ³)				
		Sand		Silt	Clay	Silt/Clay	pH				Fe	Zn	Mn	Cu	
		Coarse	Fine				(H ₂ O)	Ca	Mg	Al					H+Al
A1	20	110,15	31,45	211,90	646,50	0,33	4,22	0,60	0,33	0,84	7,11	264	1,93	2,98	0,63
A2	20	111,45	30,43	230,62	627,50	0,37	4,32	0,56	0,33	0,82	7,75	191	1,78	2,58	0,56
		P	K	Na	SB	T	t	V	m	Carbono	Matéria Orgânica				
		(mg/dm ³)						(%)		(g/kg)					
A1	20	10	72	5	1,14	8,25	1,98	13,77	42,63	17,41	29,95				
A2	20	8	70	5	1,09	8,84	1,91	12,34	43,03	16,64	28,61				

O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados com uma planta por parcela (single tree plot) e 36 repetições, sendo os tratamentos compostos de 72 progênies de meio-irmãos de pupunheira sem espinhos. O plantio foi realizado em dezembro de 2006 e finalizado em janeiro de 2017, sendo adotado um espaçamento de 2,0 m x 1,0m. Os tratamentos culturais realizados foram os recomendados pela Embrapa.

A produção de palmito foi avaliada durante cinco anos consecutivos (2009, 2010, 2011, 2012 e 2013) e avaliados seis caracteres: peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito de primeira (PP), medidos em gramas, e número de toletes produzidos na touceira (NT), com tamanho padrão de 9 cm, diâmetro do palmito (DP), em milímetros e comprimento do palmito (CP), em centímetros (cm). Estas características foram medidas em campo logo após a colheita e limpeza do palmito. O caractere PP se refere à

porção central caracterizada como palmito de primeira. Essa parte é utilizada como toletes na produção de conserva. O PPB é a parte basal do palmito, correspondente ao estipe tenro, utilizada na forma de rodela na produção de conserva. Já o PPA, representa a parte apical do palmito, geralmente utilizado picado na produção de conserva. Os caracteres NT, CP e DP foram medidos na parte correspondente ao palmito de primeira.

Nas análises dos dados foram obtidas as estatísticas descritivas, calculadas as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais e suas significâncias pelo teste de *t*, correlações canônicas e análise de rede de correlações.

Para as análises de correlações canônicas e de rede de correlações foi empregada a matriz de correlações de Pearson. Para uso da matriz na análise de correlações canônicas esta foi submetida à verificação de multicolinearidade pela análise dos fatores de inflação da variância (VIF) e número de condição (NC).

Na análise das correlações canônicas as características foram classificadas em dois grupos: características relacionadas com a produção de massa, que são PPB, PPA e PP e características relacionadas ao volume produzido, sendo elas NT, DP e CP. Na análise de rede de correlações o algoritmo de Fruchterman-Reingold (Fruchterman&Reingold, 1991) foi utilizado para representação gráfica dos resultados. Nessa representação as características são conectadas por linhas, sendo a distância gráfica entre as características e a espessura das linhas relacionadas ao valor absoluto da correlação entre elas e, as cores das linhas expressam se a correlação é positiva (verde) ou negativa (vermelha) (Silva et al. 2016).

As análises de correlações fenotípicas, genotípicas, ambientais foram realizadas no software Selegen (Resende, 2007). A verificação de multicolinearidade e as correlações canônicas obtidas com o uso do software GENES (Cruz, 2013) e análise de rede de

correlações realizada no software R (R Core Team, 2016), usando o pacote “qgraph” (Epskamp et al., 2012), por meio da integração R e GENES (Cruz, 2016).

Resultados e Discussão

Os caracteres avaliados apresentaram ampla variação nas progêneses. O menor coeficiente de variação foi de 26,55%, para diâmetro do palmito (DP) e o maior para peso do palmito basal (PPB), 102,27 (Tabela 2). A variação verificada indica a possibilidade do uso dos caracteres no estudo de correlações. A população estudada possui média para PP de 252,78 g, com 3,76 toletes de 3,61 cm de diâmetro. Para PPB e PPA as médias foram de 204,32 e 51,64 g, respectivamente (Tabela 2). Faria Neto e Resende (2001) observaram valores médios para a característica PP de 227 g, média pouco inferior à observada nas progêneses estudadas. As características relacionadas à massa, PPB, PPA e PP apresentaram valores máximos de 2495, 445 e 1457 g, respectivamente. Os valores mínimos para essas características são desprezíveis, uma vez que palmitos de primeira ou segunda qualidade com pesos de 5 ou 1 g não atingem as dimensões mínimas para palmito comercializado.

Tabela 2. Estatística descritivas dos caracteres associados à produção de palmito: peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro (DP) e comprimento do palmito (C), avaliados em 72 progêneses de meio-irmãos de pupunheira.

	Media	Variância	Desvio	CV (%)	Máximo	Mínimo
PPB	204,32	43661,57	208,95	102,27	2495,00	5,00
PPA	51,64	1522,24	39,02	75,55	445,00	1,00
PP	252,80	35857,26	189,36	74,91	1457,00	1,00
NT	3,76	10,33	3,21	85,56	30,00	0,50
DP	2,61	0,48	0,69	26,55	38,47	0,81
CP	33,80	836,41	28,92	85,56	270,00	4,50

Para as características relacionadas ao volume de palmito: NT, DP e CP, os valores máximos foram de 30, 38,45 e 270 (Tabela 2), respectivamente. Assim como nas características de massa produzida, os valores observados para essas características podem ser

negligenciados, pois estão abaixo de um valor aceitável para palmito comercializável. Negreiros et al. (2013) encontraram valores médios para PPB, PPA, PP e DP de 4393, 1346, 2090 e 28,30, respectivamente, concluindo que somente a característica DP não apresentou variação significativa, em um contexto multivariado, foi uma das características de menos importância para um estudo de diversidade genética.

O palmito de primeira é o de maior valor no mercado, sendo desejado o maior rendimento desse tipo de palmito na planta. Verifica-se que as correlações, tanto fenotípicas quanto genéticas, de PP com os demais componentes de produção do palmito são positivas e de média ou alta magnitude (Tabela 3). Destacam-se as correlações fenotípicas e genéticas de PP com os caracteres relacionados ao volume de produção NT e CP, 0,61 e 0,75, respectivamente. As correlações fenotípicas de NT e CP com os demais caracteres foram de mesma magnitude, isso porque NT é obtida diretamente de CP, apenas dividindo seu valor por 9 ($NT=CP/9$), que corresponde ao comprimento padrão do tolete, em cm, usado para conserva. As correlações fenotípicas e genéticas de PP com DP, também um componente de volume de produção, foram positivas e de média magnitude, 0,37 e 0,42, respectivamente.

Tabela 3. Correlações fenotípicas (r_f) e correlações genotípicas (r_g) e correlações ambientais (r_a) entre as características peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (NT), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) de progênies de meio-irmão de pupunheira.

		PPB	PPA	PP	NT	DP	CP
PPB	r_f	1	0,36**	0,50**	0,83**	-0,00 ^{ns}	0,83**
	r_g	1	0,51**	0,73**	0,85**	0,11 ^{ns}	0,85**
	r_a	1	0,49**	0,64**	0,77**	0,39**	0,77**
PPA	r_f	-	1	0,30*	0,19 ^{ns}	0,20 ^{ns}	0,19
	r_g	-	1	0,36**	0,36**	0,14 ^{ns}	0,36**
	r_a	-	1	0,36**	0,29*	0,05 ^{ns}	0,29*
PP	r_f	-	-	1	0,61**	0,37**	0,61**
	r_g	-	-	1	0,75**	0,42**	0,75**
	r_a	-	-	1	0,74**	0,26*	0,74**
NT	r_f	-	-	-	1	-0,09 ^{ns}	1
	r_g	-	-	-	1	-0,03 ^{ns}	1
	r_a	-	-	-	1	0,19 ^{ns}	1
DP	r_f	-	-	-	-	1	-0,09 ^{ns}
	r_g	-	-	-	-	1	-0,03 ^{ns}
	r_a	-	-	-	-	1	0,19 ^{ns}

** , * e ^{ns}: significativo a 5%, a 1% e não significativo pelo teste de *t*.

Verifica-se pelos resultados que genótipos com maior peso de palmito são também os que apresentam maior produção de palmito em volume, condição favorável ao melhoramento genético, pois poderão ser obtidos ganhos simultâneos com a seleção de genótipos para maior produção e qualidade de palmito (Tabela 3). As correlações fenotípicas e genéticas de PPB com NT e CP também são altas e positivas, 0,83 e 0,85, respectivamente, indicando que genótipos com maior PPB também apresentam maior número e comprimento de toletes de palmito de primeira. Para DP a correlação fenotípica com PPB é praticamente nula e a genética é baixa, 0,11 e, com PPA, os valores são baixos, 0,20 para correlação fenotípica e 0,14 para correlação genética e não apresentaram significância estatística.

Para os componentes de massa de produção, medidos em peso, foram verificadas correlações positivas e de alta magnitude entre PPB e PP: 0,50 para correlação fenotípica e 0,73 para correlação genética, e, entre PPB e PPA: 0,36 para correlação fenotípica e 0,51 para

correlação genética. As correlações entre PP e PPA também são positivas: 0,30 para correlação fenotípica e 0,36 para correlação genética. Portanto, verifica-se também condição favorável para seleção de genótipos com maior produção em peso do palmito de primeira, aumentando simultaneamente o produção de PPA e PPB. Uzzo et al. (2002) descrevem uma relação positiva entre caracteres de produção estudados para produção de palmito em palmeira imperial australiana, corroborando com resultados obtidos neste para pupunheira. Sabe-se que existe uma relação positiva entre o produto total do peso em suas diferentes secções (Clement & Bovi, 2000), corroborando com a correlação positiva encontrada entre PPB, PPA e PP, que tem o valor médio de 0,54.

Baixos valores de correlação negativa foram encontrados para DP com NT e CP, -0,09 para correlação fenotípica e -0,03 para genética, os quais não foram significativos estatisticamente. Como são de baixa magnitude, o efeito da resposta correlacionada na seleção é mínimo, ou seja, não deverá ocorrer significativa redução de DP se selecionados genótipos com maior NT e CP, os quais tem alta correlação positiva com PP, PPB e média com PPA.

Yokomizo e Farias Neto (2003) descrevem que associações entre altura da planta e diâmetro podem ser positivas para um programa de melhoramento. No presente estudo as correlações genotípicas entre altura de planta, que pode ser relacionada com NT e CP e a característica diâmetro da planta, pode ser associada com DP, que por sua vez, está positivamente correlacionado a PPB, PPA e PP, mostrando que é possível a obtenção de genótipos de porte baixo e com valores de diâmetro e massa favoráveis a produção de palmito, pois estes autores também revelam que uma correlação negativa entre características como altura de planta com diâmetro e massa podem ser vantajosas uma vez que plantas muito altas dificultam a colheita do palmito.

Para processar a análise de variáveis canônicas é necessária a inversão de matriz, o que é dificultado na presença de multicolinearidade. Como os caracteres NT e CP (CP/9) são

diretamente proporcionais, o nível de multicolinearidade entre eles é máximo, por isso NT foi eliminado nessa análise. No diagnóstico de multicolinearidade (Tabela 5) não foram verificados fatores de inflação da variância (VIF) maiores ou igual 10 em absoluto, nesse caso indicando não existir restrição para inversão da matriz. Foram também analisados os valores dos autovalores da matriz, que caracterizam o número de condição (NC). Segundo Montgomery e Peck (1981) valores de NC menor que 100 indicam fraca multicolinearidade, o que não constitui problema para a inversão de matrizes.

Os resultados dos testes de multicolinearidade indicam a possibilidade do uso da matriz de correlações fenotípicas entre os caracteres PPB, PPA, PP, DP e CP para o estudo de correlações canônicas e de rede de correlações. Como já descrito, ao realizar o diagnóstico de multicolinearidade, a matriz de correlações fenotípicas foi utilizada, neste tipo de estudo o diagnóstico de multicolinearidade pode ser realizado sobre as matrizes R_{11} e R_{22} , pois essas são as submatrizes que são inversas no procedimento, porém, com não é constatada multicolinearidade sobre a matriz de correlações fenotípicas como um todo, significa que esse problema também não será encontrado nas matrizes mencionadas (Tabela 4).

Tabela 4. Diagnóstico de multicolinearidade para os caracteres peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), número de toletes (DP) e comprimento do palmito (CP) de progênies de meio-irmão de pupunheira.

Fatores de inflação da variância (VIF)		Autovalores da matriz - NC	
Diagonal	Elemento da Inversa (r)	Ordem	Autovalor
1	3,742466	1	2,486646
2	1,286668	2	1,227909
3	2,34317	3	0,796224
4	1,461968	4	0,37134
5	4,815102	5	0,117881
Número de VIF's \geq abs (10): 0		NC (Max/Min):	21,094498

NC: número de condição, r: correlação, abs: absoluto, Max: máximo, Min: mínimo.

No estudo de correlações canônicas foram obtidos dois pares de correlações, sendo que o número máximo de pares de correlações estimados é igual ao número de características encontradas no menor grupo formado (Tabela 5). Os dois pares de correlações estimados

foram significativos sendo que a primeira (0,89) possui mais que o dobro da magnitude da segunda (0,43). Para estudar as relações entre os caracteres contidos nos grupos formados, foram analisados os pares canônicos obtidos.

Tabela 5. Correlações canônicas entre características relacionados à produção de massa (grupo 1): peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP) e características relacionadas ao volume (grupo 2): diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) avaliados em 72 progênies de meio-irmãos de pupunheira.

Par	Correlação		χ^2 (*)	GL	Prob. (%)
1	0,8911		57,2431	6	0,00
2	0,4336		6,6678	2	3,56

(*) $H_0 : R(k) = R(k+1) = R(k+2) = \dots = 0$

Pares canônicos (U_i, V_i) - Coeficientes canônicos					
Grupo 1			Grupo 2		
Características	U1	U2	Características	V1	V2
DP	0,2458	0,9738	PPB	0,7434	-0,9145
CP	0,9925	-0,1536	PPA	-0,1330	0,4307
-	-	-	PP	0,4519	0,9286

χ^2 = Chi-quadrado, GL= graus de liberdade, Prob (%): valor de probabilidade expresso em porcentagem, H_0 : hipótese de nulidade, a correlação testada é igual à zero.

Observando U_1 e V_1 , associados à primeira correlação canônica, conclui-se que o aumento em CP causa aumento em PPB e PP. Por outro lado, ao analisar U_2 e V_2 , associados à segunda correlação canônica, espera-se que um aumento em DP resulte em decréscimo em PPB e aumento de PPA e PP (Tabela 5). Conforme os resultados obtidos, plantas com meristema apical de maior comprimento são mais desejáveis do que plantas com maior diâmetro de meristema, o que pode ser negativo para uma lavoura de palmito, pois plantas altas devem dificultar a colheita, devem-se então buscar selecionar plantas baixas, porém com área de meristema apical maior.

No método de rede de correlações, foram observados resultados muito similares aos obtidos com a análise de correlações canônicas (Figura 1). Dentro do grupo de características relacionadas ao volume de palmito produzido (grupo 1), representadas na figura 1 por círculos azuis, observa-se uma linha vermelha de fina espessura entre as características CP e DP, caracterizando correlação negativa entre as duas. Para o grupo de características associadas ao

volume de massa produzido (grupo 2), observam-se apenas linhas de cor verde, o que indica correlação positiva entre as características desse grupo. Interpretando as linhas que ligam as características do grupo 1 com o grupo 2 observa-se somente correlações positivas com diferentes magnitudes. Assim como na análise de correlação canônicas, CP está altamente correlacionada com PPB e PP e em menor intensidade com PPA, mas todas as correlações são positivas.

Para PPA, na análise de correlações canônicas (Tabela 5) a primeira correlação é negativa, porém de baixa magnitude (-0,1330) e a segunda, positiva e de maior magnitude (0,4307). Já na análise de rede de correlações apresentou um valor positivo de baixa magnitude. A característica DP apresentou baixa correlação positiva com as características relacionadas à massa de palmito produzida, PP e PPA, e não foi identificada correlação com PPB.

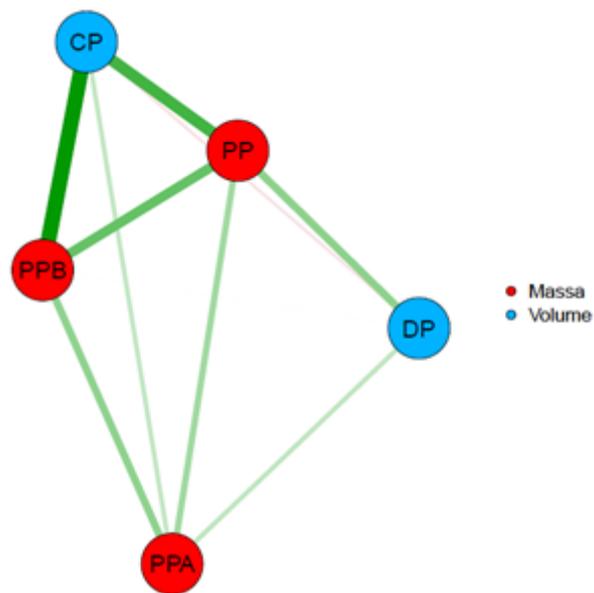


Figura 1. Rede de correlações fenotípicas para as características peso do palmito basal (PPB), peso do palmito apical (PPA), peso do palmito (PP), diâmetro do palmito (DP) e comprimento do palmito (CP) em progênies de meio-irmão de pupunheira, onde linhas verdes e vermelhar são os valores de correlação positivos e negativos respectivamente e a espessura da linha corresponde ao valor da correlação.

As análises realizadas mostraram que as características relacionadas à produção de massa de palmito estão relacionadas aos caracteres CP e NT com maior magnitude do que estão associadas com a DP. Então, visando seleção de plantas que produzam grande massa de palmito, deve-se optar por genótipos que apresentem maior CP e NT. As metodologias de correlações canônicas e rede de correlações obtiveram resultados semelhantes. Por outro lado, a metodologia de rede de correlações apresenta uma vantagem em relação a correlações canônicas, pois ela pode analisar mais de dois grupos de características simultaneamente, enquanto correlações canônicas analisam grupos par a par. Essa característica facilita o entendimento de complexos grupos de características em uma única interpretação gráfica.

Conclusão

As correlações entre os caracteres de produção do palmito de pupunheira na população estudada indicam condições favoráveis ao melhoramento genético para aumento da produção em volume e massa do palmito, tanto de primeira como de segunda qualidade, com possibilidade de ganhos simultâneos em volume e qualidade do palmito.

A análise de correlações canônicas e rede de correlações apresentam resultados similares quando aplicadas aos caracteres associados à produção de palmito de pupunheira. Destaca-se a possibilidade da representação gráfica dos resultados na análise de rede de correlações, o que é vantajoso principalmente quando se trabalha com grande número de caracteres e grupos.

Agradecimentos

À Embrapa Amazônia Ocidental – CPAA e ao laboratório de bioinformática da Universidade Federal de Viçosa pelo suporte técnico; e à FAPEMIG pela concessão de bolsa.

Referências

- BERGO, C.L.; NEGREIROS, J.D.S.; MIQUELONI, D.P.; LUNZ, A. M. P. Estimativas de repetibilidade de caracteres de produção em pupunheiras para palmito da raça putumayo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, p. 829-836, 2013.
- BOVI, M.L.A.; GODOY JÚNIOR, G.; SPIERING, S.H.; CAMARGO, S.B.D. Juvenile-mature correlations in assai palms. **Bragantia**, v. 49, n. 2, p. 321-334, 1990.
- CLEMENT, C.R. Peach palm (*Bactris gasipaes*). In: JANICK, J.; PAULL, R.E. (Eds.) **The Encyclopedia of fruit and nuts**. Wallingford, UK: CABI Publishing, 2008. pp. 93-101.
- CLEMENT, C.R., BOVI, M.L.A. Padronização de medidas de crescimento e produção em experimentos com pupunha para palmito. **Acta Amazonica**, v. 30, p. 349-362, 2000.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV. Imprensa Universitária, 1994. 390 p.
- EPSKAMP, S.; CRAMER, A.O.J.; WALDORP, L.J.; SCHMITTMANN, V.D.; BORSBOOM, D. Qgraph: network visualizations of relationships in psychometric data. **Journal of Statistical Software**, v.48, p. 1- 18, 2012.
- FARIA NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FRUCHTERMAN, T.M.J.; REINGOLD, E.M. Graph drawing by force- directed placement. **Software: Practice and Experience**, v.21, p.1129-1164, 1991.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Produção agrícola municipal**. Vários anos. Disponível em: <ibge.gov.br>. Acesso em: abril, 2016.

KAPP, E.A.; PINHEIRO, J.L.; RAUPP, D.D.S.; CHAIMSOHN, F.P. Tempo de preservação de tolete de palmito pupunha (*Bactris gasipaes*) minimamente processado e armazenado sob refrigeração. **Publicatio UEPG-Ciências Exatas e da Terra, Agrárias e Engenharias**, v.9, p.51-57, 2009.

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

NEGREIROS, J.R.; BERGO, C.L.; MIQUELONI, D.P.; LUNZ, A.M.P. Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 496-503, 2013.

NETO, G.V. Processamento do Palmito de Pupunheira em Agroindústria Artesanal-Uma atividade rentável e ecológica. **Sistemas de Produção**, 01 ISSN 1806-2830 Versão Eletrônica Jan./2004.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2016.

RESENDE, J.M.; SAGGIN JUNIOR, O.J.. **Processamento do Palmito de Pupunheira em Agroindústria Artesanal - Uma atividade rentável e ecológica**. Embrapa Agrobiologia (Sistemas de Produção, 01, ISSN 1806-2830). Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Pupunha/PalmitoPupunheira/index.htm>>. Acesso em 20 jan. 2015.

RESENDE, M.D. **Selegen-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas. 2007.

- SILVA, A. R. D.; RÊGO, E. R. D.; PESSOA, A. M. D. S.; RÊGO, M. M. D. (2016). Correlation network analysis between phenotypic and genotypic traits of chili pepper. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 4, p. 372-377, 2016.
- SOUSA, E.P.D.; SOARES, N.S.; CORDEIRO, S.A.; SILVA, M.L.D. Competitividade da produção de palmito de pupunha no Espírito Santo e em São Paulo. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v.49, p.157-179, 2011.
- UZZO R. P., BOVI M. L. A., SPIERING S. H., SAES L. A. Correlações fenotípicas entre caracteres vegetativos e de produção de palmito da palmeira real australiana. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 3, 505-511 p, 2002.
- YOKOMIZO, G.K.; FARIAS NETO, J.T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênes de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 1, p. 67-72, 2003.

5. CONSIDERAÇÕES GERAIS

O programa de melhoramento de pupunheira da Embrapa Amazônia Ocidental possui variabilidade genética que possibilitam ganho de seleção. Porém um grande número de medições são necessárias para obtenção de dados acurados. Diferentes metodologias empregadas no presente trabalho mostraram a superioridade de algumas progênies, as quais devem ser utilizadas em cruzamentos auxiliados pelo estudo de diversidade, buscando combinações entre genótipos posicionados em grupos genéticos diferentes, aumentando assim a possibilidade de heterose ou alta capacidade de combinação. Os caracteres analisadas mostram que é possível obter uma planta de baixa estatura, sem espinhos e com produção superior às médias encontradas nesse trabalho e na literatura, principalmente para palmito de primeira qualidade. Em um contexto multivariado, a análise de rede de correlações apresentou resultados similares à análise de correlações canônicas. A análise gráfica e de vários grupos de caracteres simultâneos via rede de correlações, torna-se mais atrativa em comparação à análise de correlações canônicas. Por outro lado, as correlações canônicas calculam e testam um valor de correlações para os grupos de variáveis canônicas geradas, o que não acontece na análise de redes de correlação, que é uma representação gráfica direta da matriz uma de correlações utilizada.