



ARTIGO ORIGINAL

Gilberto Ken-Iti Yokomizo^{1*}
João Tomé de Farias Neto²
Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

Dissimilaridade morfológica entre progênes de açazeiro provenientes de Anajás - PA

Morphological dissimilarity between assai palms progenies from Anajás - PA

¹ Embrapa Amapá, Rodovia JK, km 05, 2600,
68903-419, Macapá, AP, Brasil

² Embrapa Amazônia Oriental, Trav. Dr. Enéas
Pinheiro, s/n, Bairro Marco, Caixa Postal 48,
66095-903, Belém, PA, Brasil

*Autor Correspondente:

E-mail: gilberto.yokomizo@embrapa.br

PALAVRAS-CHAVE

Euterpe oleracea
Divergência genética
Medidas de dissimilaridade
Análise multivariada
UPGMA

KEYWORDS

Euterpe oleracea
Genetic divergence
Dissimilarity measure
Multivariate analysis
UPGMA

RESUMO: O consumo do suco de açaí tem aumentado no país e no exterior, principalmente por ser um alimento funcional, havendo a necessidade de pesquisas de melhoramento para atender essa crescente demanda. Com o objetivo de avaliar a dissimilaridade para fins de seleção, 30 progênes de meios-irmãos de açazeiros provenientes do município de Anajás e cultivadas em Tomé-Açu, Pará, foram avaliados para as seguintes características: peso médio do cacho (PMC), em gramas; peso total de frutos (PTF), em gramas; peso médio do cacho vazio (PMCV), em gramas; tamanho médio da ráquis/cacho (TMR), em centímetros; peso médio de 100 frutos (PCF), em gramas; número total de cachos (NTC) e; peso total do cacho (PTC), sendo obtida pela multiplicação entre PMC e NTC. Os resultados mostram que não houve relações de CVg/CVe acima de 0,70; PMCV e PCF juntas foram responsáveis por 58,514% a 65,394% da diversidade total; no fenograma de dissimilaridade os dois grupos maiores englobaram 76,7% e 86,7% das progênes nos limites de dissimilaridade de 50 e 70%, respectivamente. As conclusões são de que houve interação GxE significativa em todas as características, com maior contribuição dos efeitos ambientais; a relação CVg/CVe nas características avaliadas mostram ganhos genéticos baixos na seleção; PTF, TR e PMC podem ser descartadas e PMCV e PCF devem ser mantidas; em todas as características existe divergência entre as progênes para a escolha de parentais a serem envolvidos em cruzamentos dirigidos e; as progênes não se classificaram de forma sequencial no fenograma de dissimilaridade.

ABSTRACT: The consumption from juice assai has increased in the country and the exterior, mainly to be a functional food, there was a need for improvement research to meet this growing demand. With the objective of evaluating the dissimilarity for purposes of selection, 30 half-sib progenies of assai trees from the Anajás municipality and cultivated in Tomé-Açu, Pará, were evaluated for the following characteristics: average weight of the bunch (PMC), in grams; total fruit weight (PTF), in grams; average weight of empty bunch (PMCV), in grams; average size of the stem/cluster (TMR) in centimeters; average weight of 100 fruits (PCF), in grams; total number of clusters (NTC) and; total weight of the bunch (PTC), being obtained by multiplying PMC and NTC. The results show that there was no relationship of CVg/CVe above 0.70; together PMCV and PCF were responsible for 58.514% to 65.394% of the total diversity; in the phenogram of the dissimilarity the two larger groups included 76.7% and 86.7% of the progenies in the dissimilarity limits of 50 and 70%, respectively. The conclusions are that there was a significant GxE interaction in all the characteristics, with greater contribution of environmental effects; the ratio CVg/CVe in the evaluated characteristics show low genetic gains in the selection; PTF, TR and PMC may be discarded and PMCV AND PCF must be maintained; in all characteristics there is divergence among progenies for choice of the parents to be involved in crosses directed and; the progenies not were to ranked sequentially in the phenogram of the dissimilarity.

Recebido: 03 nov. 2016

Aceito: 20 jan. 2018

1 Introdução

O açaizeiro (*Euterpe oleracea*) é uma espécie frutífera e produtora de palmito, nativa da Amazônia, cuja colheita dos frutos é tradicionalmente baseada no extrativismo, onde o principal centro de dispersão da espécie é o Estado do Pará como maior produtor e principal consumidor, onde estão estabelecidas densas e diversificadas populações naturais em áreas de várzeas. Havendo a existência de populações espontâneas também nos Estados do Amapá, Maranhão, Mato Grosso, Tocantins; e em países da América do Sul (Venezuela, Colômbia, Equador, Suriname e Guiana) e da América Central (Panamá), segundo Santos et al. (2008) e Barreto et al. (2012).

Na última estimativa do IBGE (2013), a produção nacional de frutos de açaí foi de 216 mil toneladas de frutos, com faturamento de R\$ 540 milhões. É interessante citar que o Pará foi responsável por 61,2% e a região Norte foi responsável por 91,9% da produção nacional. Sendo o Brasil responsável por mais de 90% da oferta mundial (Cavalcante, 2017).

Com a divulgação das qualidades do suco do fruto do açaizeiro como uma alimento funcional, exibindo qualidades energéticas e nutritivas, além da presença de fibras e antocianina, criou-se uma elevada atratividade em diversos mercados consumidores, observando a presença de comercialização em supermercados, casas de suco, restaurantes, lanchonetes de academias e praias no Brasil, particularmente, pelos Estados do Rio de Janeiro, São Paulo e Minas Gerais e no mercado internacional (Santana & Costa, 2008; Teixeira et al., 2008). Concomitantemente, também passou a ser exportado para os principais mercados consumidores internacionais do NAFTA, União Europeia, Tigres Asiáticos e MERCOSUL (Falesi et al., 2010; Souza et al., 2011). Esse processo gerou uma demanda crescente de produção, incentivando seu cultivo em terra firme principalmente com irrigação (Farias Neto et al., 2011), pois as populações naturais encontram-se principalmente em áreas mais úmidas. O cultivo de açaí em terra firme irrigado tem se mostrado mais atraente por permitir a mecanização, inclusive na colheita, obtendo produtividades bem mais elevadas que os açaizais nativos manejados. Outra vantagem verificada, segundo Dimenstein & Farias Neto (2008), é a eliminação/redução da sazonalidade da produção de frutos verificado no período de janeiro a junho (entressafra local), evitando a ociosidade das pessoas envolvidas na exploração e processamento dos frutos.

Diante da necessidade de contornar a sazonalidade e aumentar a oferta de frutos, torna-se imprescindível introduzir, aperfeiçoar ou desenvolver tecnologias que contribuam eficientemente para o aumento da produtividade e melhoria da qualidade, conferindo-se sustentabilidade dos sistemas de produção. A pesquisa em melhoramento genético com açaí irrigado teve início na Embrapa Amazônia Oriental em 2003 com o estabelecimento de um teste de progênies de polinização aberta, ou seja, de meios irmãos (Farias Neto et al., 2005).

Primordialmente tem-se que o objetivo básico em um programa de melhoramento genético é a seleção e recomendação de genótipos mais produtivos, avaliando-se o desempenho dos genótipos em diferentes ambientes (ano, local, época de semeadura), tornando necessário a obtenção de informações pormenorizadas sobre o comportamento dos genótipos nas localidades onde se deseja implantá-los, devido a possibilidade

da presença da interação GxA que pode alterar a performance relativa dos genótipos (Borém & Miranda, 2013).

O principal programa de melhoramento genético do açaizeiro encontra-se na Embrapa Amazônia Oriental, porém comparativamente em relação as espécies tradicionalmente pesquisadas, pode ser considerado recente e os métodos de seleção empregados têm sido a seleção fenotípica individual ou seleção massal e a seleção com teste de progênies. Como a espécie ainda não passou por seleções intensas o processo de seleção fenotípica, que é um processo mais simples e consiste na escolha dos melhores indivíduos com base nos caracteres de produção de frutos, perfilhamento, precocidade de produção e estado fitossanitário das plantas pode ser devidamente utilizada (Farias Neto et al., 2005). Adicionalmente trabalhos publicados demonstram a existência de diferenças genéticas entre populações e/ou progênies, fato este que abre possibilidade na seleção de materiais superiores para os caracteres de interesse (Farias Neto et al., 2003; Ohashi & Kageyama, 2004).

As caracterizações morfológicas e/ou agrônômicas, conjuntamente com informações sobre a divergência genética são extremamente importantes entre grupos de possíveis genitores para direcionar combinações híbridas que possam ter maior efeito heterótico, identificando os genótipos superiores (Cruz et al., 2012; Resende et al., 2014).

Para atingir estes resultados, diferentes metodologias de caracterização utilizando técnicas multivariadas envolvendo componentes principais, agrupamentos, variáveis canônicas, distâncias Euclidiana e de Mahalanobis, têm sido empregados na interpretação de diversidade (Ventura et al., 2012; Cruz et al., 2012). A utilização de técnicas multivariadas é mais apropriada em virtude das características serem consideradas simultaneamente, pois levam em consideração as possíveis correlações entre as características investigadas (Ventura et al., 2012).

Essas técnicas quantificam e visualizam a diversidade, identificam genótipos desejáveis e grupos de similaridade que possam se constituir duplicatas e, ainda, otimizam seus manejos pela identificação dos caracteres mais informativos para serem empregados na caracterização e melhoramento genético (Cruz et al., 2012). As informações sobre divergência genética servem como orientador da escolha de genitores para a obtenção de populações híbridas com alta capacidade combinatória e verificador do “depósito” de variabilidade disponível em um banco de germoplasma, aplicando-se também ao açaizeiro. Pois em geral, os programas de melhoramento genético contam com grande número de genótipos, em seu banco ativo de germoplasma (Resende et al., 2014).

Com base nestas informações o objetivo deste trabalho foi avaliar a dissimilaridade, utilizando a distância de Mahalanobis, em genótipos de açaizeiros provenientes do município de Anajás, Pará, cultivadas em área experimental em Tomé-Açu, Pará, visando identificar aqueles mais divergentes, direcionando possíveis cruzamentos posteriores.

2 Material e Métodos

O estudo foi realizado na base experimental da Embrapa Amazônia Oriental localizada no município de Tomé-Açu, no Nordeste paraense, aproximadamente entre as latitudes 01° 24' 46,14" e 01° 28' 4,11" sul, e longitudes 48° 20' 4,60" e 48° 20' 31,84" oeste.

Possui clima quente e úmido, ajustando-se ao tipo climático Ami, da classificação de Köppen, caracterizado como chuvoso, porém com pequena estação seca, caracterizando-se as precipitações por dois períodos distintos, um de dezembro a maio, com índices pluviométricos superiores a 150 mm mensais, e outro de junho a novembro, com índices quase sempre inferiores a 100 mm mensais. A média anual de precipitação pluviométrica é em torno de 2.300 mm. A umidade relativa do ar na região apresenta pouca oscilação ao longo do ano, com variações entre 81% e 89% (valores médios anuais). Da mesma forma, a temperatura do ar também apresenta pequena variação anual, com valores médios em torno de 26 °C, máximas entre 32 °C a 34 °C, e mínimas entre 21 °C e 23 °C (Valente et al., 2014).

As mudas foram produzidas de sementes coletadas de matrizes nativas de polinização aberta no município de Anajás, PA em maio de 2004. Essa região tem como principal característica a produção de frutos em período considerado como entressafra no estado, ou seja, no primeiro semestre. Na seleção fenotípica das árvores em condições naturais utilizou-se como critérios de seleção o número de cacho por planta, tamanho do cacho, presença de perfilhos e estado fitossanitário das plantas. O teste de progênies foi estabelecido em março de 2005, usando o delineamento experimental blocos casualizados, com trinta tratamentos (progênies), três repetições e cinco plantas por parcela no espaçamento de 6 m x 4 m, além de uma bordadura externa ao experimento.

As características sob investigação foram avaliadas entre os anos de 2010 a 2012, sendo: peso médio do cacho (PMC), em gramas; peso total de frutos (PTF), em gramas; peso médio do cacho vazio (PMCV), em gramas; tamanho médio da ráquis/cacho (TMR), em centímetros; peso médio de 100 frutos (PCF), em gramas; número total de cachos (NTC) e; peso total do cacho (PTC), obtida pela multiplicação entre PMC e NTC.

A análise de variância foi realizada com base nas médias das parcelas, cujos procedimentos estatísticos adotados foram os propostos por Cruz et al. (2012) e o modelo estatístico empregado foi: $Y_{ij} = m + G_i + R_j + e_{ij}$; em que: Y_{ij} é o valor fenotípico médio do caráter Y medido no material genético i, na repetição j; m é a média geral dos dados em estudo; G_i é o efeito do i-ésimo genótipo, aleatório; R_j é o efeito da j-ésima repetição; e_{ij} é o erro médio associado à observação Y_{ij} , aleatório.

O efeito de progênies ou genótipos foi considerado aleatório, por se considerar que o comportamento das mesmas permitirá realizar inferências sobre as populações que deram origem às utilizadas neste trabalho.

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética foi obtida pelo método proposto por Singh (1981), o qual se baseia na partição do total das estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2), considerando todos os possíveis pares de progênies, para as partes devidas a cada caráter. A análise de agrupamento foi feita, adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade, por considerar a correlação entre os caracteres avaliados e possuir a vantagem de levar em consideração a existência de correlações entre as características analisadas por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais, segundo Cruz et al. (2012). Com base na matriz de dissimilaridade gerada, foi elaborado o fenograma pelo método de agrupamento de ligação média

entre grupos, UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com análise de consistência das ramificações dos agrupamentos realizado por Bootstrap.

Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

3 Resultados e Discussão

A análise de variância com os quadrados médios e a significância para o teste F permitiu observar diferenças significativas entre as progênies avaliadas (G) somente para as características TMR e NTC, o que indica a presença de variabilidade genotípica e com isso a possibilidade de existência de indivíduos superiores, sendo que Galate et al. (2014) não observaram diferenças para esta segunda característica. A ausência de variabilidade pode ter sido ocasionada pela pré-seleção realizada no momento de coleta das sementes que originaram as plantas instaladas na área experimental, procedendo a coleta nas plantas com cachos que apresentassem maior tamanho e peso, semelhante para PTC ao citado por Galate et al. (2014) e diferentemente do que foi observado por Oliveira & Fernandes (2001) para PTC e PTF, cujos materiais avaliados apresentaram diferenças.

Na fonte de variação anos (A), não foram verificadas diferenças significativas, ou seja, na condição experimental oferecida os fatores não controláveis isoladamente foram incapazes de gerar possíveis diferenças de comportamento entre as progênies que pudessem interferir nos valores, entre as diferentes safras, aspecto difícil de ocorrer conforme citam Cruz et al. (2012), pois é raro a ocorrência da presença de estabilidade ambiental em materiais ainda não selecionados.

Apesar de haver diferenças entre genótipos para as características TMR e NTC e não para anos, pode-se notar que a interação GxA foi significativa em todas as características avaliadas, indicativo que os genótipos interagiram de forma diferenciada com as condições ambientais de cada ano.

O coeficiente de variação experimental (CV), conforme observado na Tabela 1, foi baixo para as características PCF e TMR, médios para PMC e PMCV e altos para PTF, NTC e PTC; todos os valores obtidos foram superiores aos citados por Galate et al. (2014). Essa grande variabilidade verificada pode ser reflexo do processo de domesticação do açaizeiro que se encontra em seu início, sendo a espécie ainda praticamente selvagem, com os programas de melhoramento genético na realização de coletas iniciais de informações morfogenéticas e havendo ainda pouca experimentação com seleção efetiva.

As estimativas de σ^2_{GxA} foram negativas, o que indica que a intensidade dos efeitos residuais foi superior à da interação, apesar deste fato, a estatística conseguiu capturar a presença da interação G x A nas características avaliadas (Cruz et al., 2012) (Tabela 1). A estimativa da variância ambiental foi superior a genética em todas as características, com isso, a maior parte das manifestações fenotípicas presentes nas plantas devem-se aos efeitos dos anos de avaliações, contudo as respostas das 30 progênies foram similares, comportamento semelhante ao observado por Oliveira & Fernandes (2001), cujos efeitos residuais sempre foram superiores aos genotípicos.

Os coeficientes de determinação com base nas classes apresentadas por Resende (2009) foram considerados como baixos ($10 < R^2_G \% < 40$), médios ou moderados ($40 \leq R^2_G \% \leq 70$)

Tabela 1. Parâmetros genéticos e fenotípicos de características^a avaliadas em 30 progênies de açazeiro em quatro anos. Anajás, PA.**Table 1.** Genetic and phenotypic parameters of the characteristics^a evaluated in 30 progenies of the assai palms trees in four years. Anajás, PA.

Parâmetros ^b	PMC	PTF	PMCV	TMR	PCF	NTC	PTC
$\sigma^2_{G \times A}$	-15546,34	-2749123,44	-1323,50	-0,83	-23,97	-0,70	-3285627,87
σ^2_R	137491,02	29198481,92	6814,75	42,09	93,08	6,40	54287392,32
σ^2_G	19999,42	4541341,18	1845,98	c	44,57	0,71	9110674,43
R ² %	72,89	72,50	89,11	c	96,62	66,83	71,26
CVg (%)	5,03	9,80	6,60	-	4,76	8,27	10,64
CVe (%)	13,19	24,85	12,68	-	6,88	24,82	25,97
CVg/CVe	0,38	0,39	0,52	-	0,69	0,33	0,41

^a PMC: peso médio do cacho, em gramas; PTF: peso total de frutos, em gramas; PMCV: peso médio do cacho vazio, em gramas; TMR: tamanho médio da rãquis/cacho, em centímetros; PCF: peso médio de 100 frutos, em gramas; NTC: número total de cachos e; PTC: peso total do cacho, sendo obtida pela multiplicação entre PMC e NTC, em gramas. ^b $\sigma^2_{G \times A}$: componente de variância da interação GxA; σ^2_R : variância ambiental com base em média de amostras do cacho; σ^2_G : variância genotípica com base em média de amostras do cacho; R²%; coeficiente de determinação genotípico em porcentagem; CVg(%): coeficiente de variação genotípica em porcentagem; CVe (%): coeficiente de variação ambiental em porcentagem; CVg/CVe: relação entre coeficiente de variação genotípica pelo coeficiente de variação ambiental.

e altos (R²_G > 70). Para as características PMCV e PCF estes coeficientes foram superiores em relação as demais avaliadas, portanto são mais facilmente transmitidas e reproduzidas em gerações posteriores, nestas condições ambientais e com o mesmo grupo de genótipos. Enquanto que nas demais características, também há a possibilidade de existir indivíduos em sua descendência que podem reproduzir valores próximos, contudo com menor precisão (Tabela 1).

Um índice rápido e simples é a relação entre o coeficiente de variação genético e o residual, onde valores próximos ou acima da unidade indicam a existência de variabilidade genética que proporciona uma situação favorável para o melhorista realizar seleção baseado em aspectos fenotípicos e com possibilidade de ganhos genéticos. As duas melhores relações de CVg/CVe foram para as características PMCV e PCF, contudo não foram superiores a 0,70, com isso há indicativos de que em todas as características aqui avaliadas a seleção necessitará de procedimentos estatísticos mais rigorosos e complexos para conseguir identificar, com maior segurança, as melhores progênies, da mesma forma Galate et al. (2014) também não obteve valor maior que um em PTC e NTC, relacionado a aspectos do cacho, contudo para os associados aos frutos (PCF e PRF) observaram valores acima da unidade.

No agrupamento com a utilização do critério de Singh (1981) baseado em D² de Mahalanobis, estimado em 30 genótipos de açazeiros, em sete características em conjunto, formou-se um total de seis grupos de classificação, considerados como dissimilares. O maior grupo denominado como grupo 1, foi composto por 22 progênies, ou seja, 73% de todas as progênies, indicativo que no comportamento geral de todas as características avaliadas, estas foram similares entre si. Foram formados mais cinco grupos, contendo duas progênies, exceto no grupo 5 que conteve apenas uma progênie. O grupo maior representa materiais cuja dissimilaridade não pôde ser identificada e, desta forma são consideradas semelhantes e, portanto, deve se evitar a hibridação dentro deste grupo. As informações do agrupamento de Mahalanobis permite orientar no direcionamento de materiais a serem utilizados em futuros cruzamentos direcionados,

Tabela 2. Representação do agrupamento gerado pelo critério de Singh (1981) baseado em D² de Mahalanobis estimado em 30 genótipos de açazeiros para sete características (PMC: peso médio do cacho; PTF: peso total de frutos; PMCV: peso médio do cacho vazio; TMR: tamanho médio da rãquis/cacho; PCF: peso médio de 100 frutos; NTC: número total de cachos e; PTC: peso total do cacho, sendo obtida pela multiplicação entre PMC e NTC) em conjunto. Anajás, PA.

Table 2. Representation of the cluster generated by Singh's criterion (1981) based in for the D² Mahalanobis estimated at 30 progenies of the assai palms trees to seven characteristics (PMC: average weight of the bunch; PTF: total fruit weight; PMCV: average weight of empty bunch; TMR: average size of the stem; PCF: average weight of 100 fruits; NTC: total number of clusters and; PTC: total weight of the bunch, being obtained by multiplying between PMC and NTC) jointed. Anajás, PA.

Grupos	Genótipos
1	23; 27; 29; 7; 9; 16; 25; 2; 14; 21; 6; 1; 20; 4; 24; 13; 30; 17; 3; 22; 10; 15
2	26; 28
3	8; 19
4	11; 12
5	5
6	18

optando-se sempre em utilizar progênies de grupos diferentes como genitores (Tabela 2).

Na contribuição relativa de todas as características em conjunto para a diversidade baseada na distância de Mahalanobis, apresentada na Tabela 3, tem-se que PMCV e PCF foram responsáveis por 58,514% de toda a divergência existente nas progênies avaliadas, sendo complementado em menor intensidade por NTC e PTC, com 24,676%, com estes valores pode-se considerar então que as demais características contribuíram muito pouco com a diversidade. Com contribuições abaixo de 7,000% estão as características PMC, PTF e TMR, que como sugestão podem ser descartadas no momento de avaliação das plantas.

Esse descarte de características a serem avaliadas é necessário em muitas avaliações, pois um elevado número, causa menor

Tabela 3. Contribuição relativa das características^a para a diversidade em 30 progênies de açaizeiro baseado em D² de Mahalanobis. Anajás, PA.**Table 3.** Relative contribution of characteristics^a for the divergence in 30 progenies of assai palms trees based on D² Mahalanobis. Anajás, PA.

VARIÁVEL	S.j	S.j %	S.j	S.j %	S.j	S.j %
PMC	76,930	5,930	95,403	7,628	93,423	8,081
PTF	50,953	3,927	-	-	-	-
PMCV	329,945	25,431	327,947	26,220	332,036	28,722
TMR	90,212	6,953	90,384	7,226	-	-
PCF	429,220	33,083	429,207	34,316	423,945	36,672
NTC	184,781	14,242	171,985	13,750	170,579	14,756
PTC	135,368	10,434	135,841	10,861	136,051	11,769
Sugestão de descarte		PTF		TR		PMC

^a PMC: peso médio do cacho, em gramas; PTF: peso total de frutos, em gramas; PMCV: peso médio do cacho vazio, em gramas; TMR: tamanho médio da ráquis/cacho, em centímetros; PCF: peso médio de 100 frutos, em gramas; NTC: número total de cachos e; PTC: peso total do cacho, sendo obtida pela multiplicação entre PMC e NTC, em gramas; S.j: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética; S.j%: medida da importância relativa da variável j para o estudo da diversidade genética em porcentagem.

eficiência de ganhos e maiores os custos e o tempo para realizar as medições num programa de melhoramento genético. Desta forma, suprimindo-se PTF sugerida pelos resultados de contribuição relativa de todas as sete características em conjunto foi obtido um aumento da contribuição relativa de PMCV e PCF, totalizando agora 60,536%, enquanto NTC junto com PTC praticamente contribuíram na mesma intensidade observada antes do descarte de PTF. Nesta nova situação a característica TMR teve a menor contribuição entre as seis características, descartando-se a mesma, conforme recomendação da análise, obtém-se a sétima coluna da Tabela 3, onde agora PMCV e PCF juntas contribuem com 65,394% para a diversidade das progênies e NTC com PTC contribuíram com 26,525%, sendo estas quatro características as com maior contribuição para a diversidade, entre as sete utilizadas, com duas relacionadas a peso do cacho, uma ao número de cachos e outra com o tamanho médio de frutos. Deve-se ressaltar que o quantitativo total de frutos foi a característica que menos contribuiu com a diversidade, indicativo de que as progênies foram muito semelhantes em produtividade total de frutos, mas bem diferentes em termos do tamanho do cacho e do fruto.

O limite do estabelecimento de grupos no fenograma conforme Cruz et al. (2012) foi realizada de forma a não ser drástica, considerando para composição dos diferentes grupos a média das medidas de dissimilaridade (50%), com base nas mudanças acentuadas de níveis e também na característica de não ter ocorrido processo de seleção no material. Forma adotados para formação de grupos também o limite de 70% de dissimilaridade.

O método utilizado foi o UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), cujo critério utilizado para a formação dos grupos é a média das distâncias entre todos os pares de itens que formam cada grupo. Neste tipo de exploração permite-se verificar a dissimilaridade existente entre os genótipos, representando o conjunto destes materiais numa relação entre as subamostras, por fenogramas ou gráficos de dispersão, e com isso identificar as características com maior contribuição para divergência genética, dentre outras aplicações (Scheffer-Basso et al. (2012).

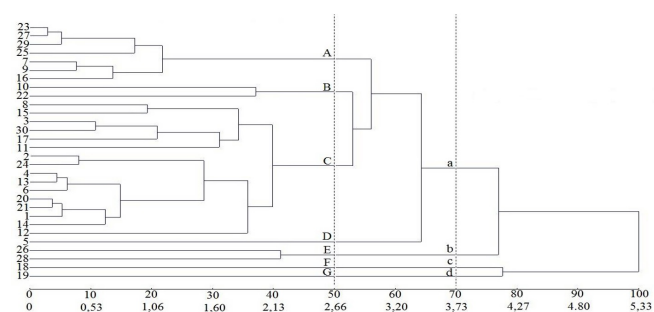


Figura 1. Fenograma de dissimilaridade obtido pelo método de agrupamento UPGMA, baseado nas distâncias generalizadas de Mahalanobis em sete características (PMC: peso médio do cacho; PTF: peso total de frutos; PMCV: peso médio do cacho vazio; TMR: tamanho médio da ráquis/cacho; PCF: peso médio de 100 frutos; NTC: número total de cachos e; PTC: peso total do cacho, sendo obtida pela multiplicação entre PMC e NTC) de 30 progênies de açaizeiro. Anajás, PA.

Figure 1. Phenogram of the dissimilarity obtained by clustering with UPGMA method based on the distance generalized of the Mahalanobis in seven characteristics (PMC: average weight of the bunch; PTF: total fruit weight; PMCV: average weight of empty bunch; TMR: average size of the stem; PCF: average weight of 100 fruits; NTC: total number of clusters and; PTC: total weight of the bunch, being obtained by multiplying between PMC and NTC) from 30 progenies of the assai palms trees. Anajá, PA.

Na Figura 1 com base no primeiro critério, utilizando-se as sete características como padrões de dissimilaridade, tem-se a formação de um agrupamento maior, denominado de grupo “C” que englobou 16 progênies (da 8 até 12, não em ordem sequencial), subdivididos em subgrupos na sua maioria composto por poucas progênies. O grupo “A” foi composto por sete progênies (da 23 até 16, não em ordem sequencial). Estes foram os dois maiores grupos obtidos, envolvendo 23 das 30 progênies avaliadas, ou seja, 76,7% do material avaliado está contido nos dois maiores grupos de dissimilaridade. Os grupos “B”, “D”, “E”, “F” e “G” foram compostos apenas por uma ou duas progênies, estes resultados são interessantes por ter permitido a distinção dos materiais genéticos e com isso servir como

direcionamento dos cruzamentos entre e dentro de grupos, o que permite explorar ao máximo a diversidade.

Essa captação de diversidade é devido a coleta ter sido realizada em população nativa, representada por materiais selvagens, sem qualquer processo de seleção e demonstrando haver disponibilidade de variabilidade genética, possível de ser explorada nos programas de melhoramento genético e do sucesso em se obter combinações genéticas superiores. Isso quando se considerar a possibilidade de cruzamentos entre os grupos. Os agrupamentos “A” e “C” reuniram dentro de cada grupo aquelas progênies com comportamento similar. Estas informações podem orientar futuros cruzamentos evitando-se realizar com aquelas progênies que pertençam ao mesmo grupo.

Na adoção do limite de 70%, ou seja, acima da média das medidas de dissimilaridade foi possível o agrupamento das progênies em quatro grupos, denominados com as letras “a”, “b”, “c” e “d”, sendo que agrupamento com maior quantidade de progênies, no caso o grupo “a”, conteve 26 progênies das 30 avaliadas, ou seja, 86,7% do material genético foram similares para as sete características avaliadas em conjunto. Já os agrupamentos “b”, “c” e “d”, foram formados apenas por no máximo duas progênies, comportamento distinto ao observado por Oliveira et al. (2007), cujos agrupamentos contiveram de duas a cinco progênies. Estes resultados demonstram a existência de variabilidade nos genótipos coletados com base em todas as características avaliadas em conjunto. Com esse limite de dissimilaridade, ou seja, quando são desejado materiais com ampla divergência, as progênies tendem a se agruparem, que é um indicativo de semelhança, formando o agrupamento denominado “a”, contendo a maior parte das progênies, direcionando ao melhorista em optar por utiliza-las em cruzamentos dirigidos com materiais dos demais grupos, onde se deve evitar a hibridação de materiais genéticos do mesmo grupo, garantindo a formação de divergentes superiores, gerando diminuição de gastos econômicos e esforço de mão de obra.

A distribuição das progênies não ocorreu de forma sequenciada, assim como no trabalho de Oliveira et al. (2007), indício de que não houve dispersão contínua ao longo da área de coleta, como era de se esperar, ou talvez, como existe efeito da interação GxE em determinadas características nas progênies, as diferentes combinações de interação podem ter gerado distintos fenótipos, impossibilitando observar uma distribuição contínua.

Estes resultados levam a conclusões semelhantes aos obtidos por Oliveira et al. (2007) que cita a evidência de grande divergência entre acessos mesmo de procedências próximas, onde cruzamentos dirigidos entre os mais divergentes podem propiciar aumento na variabilidade e permitir a seleção de indivíduos superiores.

Os principais resultados obtidos foram de que as melhores relações de CVg/CVe não foram superiores a 0,70, estando todas abaixo de 1,00; as características PMCV e PCF, juntas foram responsáveis por 58,514% a 65,394%, efetuando-se os descartes das características com menores contribuições, da diversidade total seguindo o critério de Singh (1981) baseado em D^2 de Mahalanobis; no dendrograma os dois grupos maiores englobaram 76,7% das progênies com a utilização do limite de 50% de dissimilaridade e um grupo maior englobou

86,7% com o uso do limite de 70% de dissimilaridade; os agrupamentos seguindo o critério de Singh (1981) baseado em D^2 de Mahalanobis e o dendrograma pela distância generalizada de Mahalanobis, em geral teve coincidência das progênies dentro dos grupos de dissimilaridade, alterando a distribuição das progênies identificadas como 5, 8, 11 e 12.

4 Conclusões

As progênies apresentam interação G x E significativa em todas as características, com maior contribuição dos efeitos ambientais em relação aos genéticos.

Baseado na relação CVg/CVe os ganhos genéticos na seleção serão baixos.

As características que tem indicação de descarte são PTF, TR e PMC, e com importância de serem mantidas são PMCV e PCF.

Para todas as características existe divergência entre as progênies para a escolha de parentais a serem envolvidos em cruzamentos dirigidos

As progênies não se classificaram de forma sequencial no fenograma de dissimilaridade

Referências

- BARRETO, E. L.; SILVA, R. C.; VIEIRA, V. H. G.; PENA, H. W. A análise de viabilidade econômica: um estudo aplicado a estrutura de custo da cultura do açaí no Estado do Amazonas. *Observatorio de la Economía Latinoamericana*, v. 161, p. 1-18, 2012. Disponível em: <<http://www.eumed.net/cursecon/ecolat/br/12/bsvp.html>>. Acesso em: 3 jan. 2018.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. *Melhoramento de plantas*. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.
- CAVALCANTE, I. Explosão do consumo de açaí impulsiona negócios no Ceará. *O Povo*, 5 ago. 2017. Disponível em: <<https://www.opovo.com.br/jornal/dom/2017/08/explosao-do-consumo-de-acai-impulsiona-negocios-no-ceara.html>>. Acesso em: 3 jan. 2018.
- 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.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2012. 514 p. v. 1.
- DIMENSTEIN, L.; FARIAS NETO, J. T. Dados preliminares para a produção de frutos em açaizeiros sob irrigação em terra firme no Estado do Pará. In: DIMENSTEIN, L.; FARIAS NETO, J. T. *Irrigação e fertirrigação em fruteiras*. Fortaleza: Instituto Frutal, 2008. p. 139-144.
- FALESI, L. A.; SANTANA, A. C.; SANTANA, Á. L. A dinâmica do mercado de frutas na mesorregião Nordeste Paraense, no período 1985 a 2005. *Teoria e Evidência Econômica*, v. 16, p. 9-22, 2010.
- FARIAS NETO, J. T.; MÜLLER, A. A.; OLIVEIRA, M. S. P.; ESPÍRITO SANTO, D. E.; SILVA, M. A. Variabilidade genética entre duas procedências de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Martus). *Boletim de Pesquisa Florestal*, v. 46, p. 97-104, 2003.

- FARIAS NETO, J. T.; OLIVEIRA, M. S. P.; MULLER, A. A.; NOGUEIRA, O. L.; ANAISSI, D. F. S. P. Variabilidade genética em progênies jovens de açaizeiro. *Cerne*, v. 11, n. 4, p. 336-341, 2005.
- FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P. Seleção simultânea em progênies de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 33, n. 2, p. 532-539, 2011.
- GALATE, R. S.; MOTA, M. G. C.; GAIA, J. M. D.; COSTA, M. S. S. Distância fenotípica entre matrizes de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) procedentes do nordeste do Pará. *Semina: Ciências Agrárias*, v. 35, n. 4, p. 1667-1682, 2014.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. *Produção da extração vegetal e da silvicultura 2016*. Rio de Janeiro: IBGE, 2013. p. 9-11. v. 31.
- OHASHI, S. T.; KAGEYAMA, P. Y. Variabilidade genética entre populações de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) do estuário amazônico. In: MOURÃO, L.; JARDIM, M. A.; GROSSMANN, M. (Ed.). *Açaí: possibilidade e limites em processos de desenvolvimento sustentável no estuário amazônico*. Belém: CEJUP, 2004. p. 11-26.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FERNANDES, G. L. C. Repetibilidade de caracteres do cacho de açaizeiro nas condições de Belém, PA. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 23, p. 613-616, 2001.
- OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 42, n. 4, p. 501-506, 2007.
- RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J. A.; LANZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.
- RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009. 975 p.
- SANTANA, A. C.; COSTA, F. A. Mudanças recentes na oferta e demanda do açaí no Estado do Pará. In: SANTANA, A. C.; CARVALHO, D. F.; MENDES, A. F. T. (Ed.). *Análise sistêmica da fruticultura paraense: organização, mercado e competitividade empresarial*. Belém: Banco da Amazônia, 2008. p. 205-226.
- SANTOS, G. M.; ARRAES, M. G.; SOUSA, P. H.; COSTA, J. M.; FIGUEIREDO, R. W.; PRADO, G. M. Correlation between antioxidant activity and bioactive compounds of açaí (*Euterpe oleracea* Mart) comercial pulps. *Archivos Latinoamericanos de Nutricion*, v. 58, n. 2, p. 187-192, 2008.
- SCHIEFFER-BASSO, S. M.; ORSATO, J.; MORO, G. V.; ALBUQUERQUE, A. C. S. Divergência genética em germoplasma de aveias silvestres com base em caracteres multicategóricos e quantitativos. *Revista Ceres*, v. 59, n. 5, p. 654-667, 2012.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.
- SOUZA, M. P.; SILVA, T. N.; PEDROZO, E. Á.; SOUZA FILHO, T. A. O Produto Florestal Não Madeirável (PFNM) Amazônico açaí nativo: proposição de uma organização social baseada na lógica de cadeia e rede para potencializar a exploração local. *Revista de Administração e Negócios da Amazônia*, v. 3, p. 44-57, 2011.
- TEIXEIRA, L. N.; STRINGHETA, P. C.; OLIVEIRA, F. A. Comparação de métodos para quantificação de antocianinas. *Revista Ceres*, v. 55, p. 297-304, 2008.
- VALENTE, M. A.; WATRIN, O. S.; CASTRO, A. R. C. *Mapeamento detalhado dos solos da fazenda experimental da embrapa Amazônia Oriental em Tomé-Açu, PA*. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2014. 33 p. (Documentos, 405).
- VENTURA, H. T.; LOPES, P. S.; PELOS, J. V.; GUIMARÃES, S. E. F.; CARNEIRO, A. P. S.; CARNEIRO, P. L. S. Use of multivariate analysis to evaluate genetic groups of pigs for dry-cured ham production. *Livestock Science*, v. 148, p. 214-220, 2012.

Contribuição dos autores: Gilberto Ken-Iti Yokomizo: revisão bibliográfica, análise dos dados, interpretação dos resultados, redação científica inicial e final do texto; João Tomé de Farias Neto: coleta e digitalização dos dados, fornecimento de informações iniciais, correções e discussão final do texto; Maria do Socorro Padilha de Oliveira: coleta dos dados, apoio na discussão final e correções do texto.

Fonte de financiamento: Embrapa.

Conflito de interesse: Os autores declaram não haver conflito de interesse.