

Estimativa de diversidade genética entre genótipos da macaúba por meio de análise multivariada

Ana Clara Oliveira Comby (Universidade de Brasília, anacomby.acc@gmail.com), Adriana de Souza Carneiro (Universidade de Brasília, adrianacarneiro95@hotmail.com), Eloisa Silva Gomes (Universidade de Brasília, geloisagomes@gmail.com), Alex Gabriel Cajado Ferreira (Universidade de Brasília, gabriel.cajado.f@gmail.com), Leonardo de Sousa Rocha (Universidade de Brasília, leonardos322@gmail.com), Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho (Universidade Federal do Piauí, jhessica.lanna@hotmail.com), Bruno Galvêas Laviola (Embrapa Agroenergia, bruno.laviola@embrapa.br) Adriano dos Santos (Embrapa Agroenergia, adriano.agro84@hotmail.com), Júlio César Marana (Embrapa Agroenergia, julio.marana@embrapa.br), Laíse Teixeira da Costa (Embrapa Agroenergia, laise.costa@embrapa.br), Erina Vitório Rodrigues (Universidade de Brasília, erinavict@hotmail.com).

Palavras Chave: *Acrocomia aculeata*, Mahalanobis, Tocher.

1 - Introdução

A constante preocupação com a escassez dos recursos naturais do planeta implica na procura por sistemas sustentáveis para preservação da natureza e da vida. Um desses processos é o uso de biocombustíveis. Existem diversas fontes de matéria-prima para a produção de biodiesel, a principal delas é a soja, porém estudos indicam que existem outras culturas viáveis e que apresentam produção mais elevada, como a macaúba (NOBRE et al., 2015).

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é considerada uma alternativa para diversificação da matéria-prima utilizada para produção de biodiesel. Além de possuir alta produtividade de óleo, cerca de 2,5 a 4 t ha⁻¹, também apresenta importância na mitigação dos impactos ambientais, como a possibilidade de cultivo em sistemas agroflorestais (DOMICIANO et al., 2015).

A produção de macaúba é considerada inefetiva devido à sua colheita majoritariamente extrativista, tornando-se fundamental estabelecimento de programas de melhoramento genético. Esses, por sua vez, só obtêm sucesso a partir do conhecimento da diversidade de genótipos, assim como o acesso ao germoplasma disponível, e possuem como objetivos o aumento de rentabilidade em questão de produção e garantia da sustentabilidade (MANFIO et al., 2012).

O objetivo do presente trabalho é avaliar a diversidade genética entre genótipos de macaúba por meio de análise multivariada.

2 - Material e Métodos

O experimento foi implantado em março de 2011 na área experimental da Embrapa Cerrados (Planaltina, DF, 15°35'30" S e 47°42'30" W, 1.007 m). De acordo com a classificação de Köppen (1948), o clima que predomina na região é tropical com inverno seco e verão chuvoso (Aw), ou seja, caracteriza-se por apresentar longo período de estiagem e concentração de chuvas durante o verão.

Avaliaram-se 15 famílias de meios-irmãos de macaúba em delineamento experimental blocos ao acaso, com cinco repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 5 x 5 m. Os caracteres avaliados foram altura de plantas (AP, m), diâmetro de caule (DC, cm) projeção da copa na

linha (PCL, m), projeção da copa na entrelinha (PCEL, m), e produção de grãos (PROD, g planta⁻¹), as avaliações correspondem ao ano de 2014.

Realizou-se análise de variância individual para verificar a existência de variabilidade entre os genótipos. Posteriormente, foi estimada a distância de Mahalanobis generalizada de Mahalanobis (D²), como medida de dissimilaridade, Tocher e ligação média entre grupos *Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average* (UPGMA) para expressar graficamente a distância entre os genótipos. Para determinação do número ótimo de grupos foi utilizado o pacote NbCluster, implementado no software R. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos softwares GENES (Cruz, 2013) e R (R Core Team, 2018).

3 - Resultados e Discussão

Observaram-se diferenças significativas entre os genótipos ($p < 0,01$) para os caracteres de altura de plantas (AP) e diâmetro de caule (DC), sugerindo que há variabilidade genética para esses caracteres e possibilita a seleção (Tabela 1). O caráter AP é importante, busca-se plantas de porte baixo para facilitar as atividades de manejo, principalmente a colheita de frutos, que é uma das atividades mais onerosas em virtude das plantas serem muito altas.

Para os demais caracteres não houve diferença no período avaliado, no entanto, nas avaliações iniciais esse resultado é esperado, pois as plantas ainda são jovens. Os caracteres que apresentaram diferença significativa foram utilizados para determinar o agrupamento das 15 famílias.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para altura de plantas (AP, m), diâmetro do caule (DC, cm) projeção da copa na linha (PCL, m), projeção da copa na entrelinha (PCEL, m) avaliados em 21 famílias de macaúba, Planaltina, DF.

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS			
		AP	DC	PCL	PCEL
Blocos	4	0,53	78,03	0,67	1,32
Genótipos	14	0,58**	271,53**	0,42 ^{ns}	0,24 ^{ns}
Resíduo	56	0,2	121,84	0,34	0,32
Média		3,8	26,53	4,39	4,27
CV (%)		11,83	41,6	13,22	13,25

Foram formados 9 grupos utilizando a distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade e o agrupamento UPGMA, em que as famílias mais divergentes foram a 2 (CPAC- 02) e 3 (CPAC- 03) (Figura 1). Essa separação é de grande interesse e importância, uma vez que o cruzamento entre essas famílias é recomendado, buscando aumentar a heterozigidade entre as progênies.

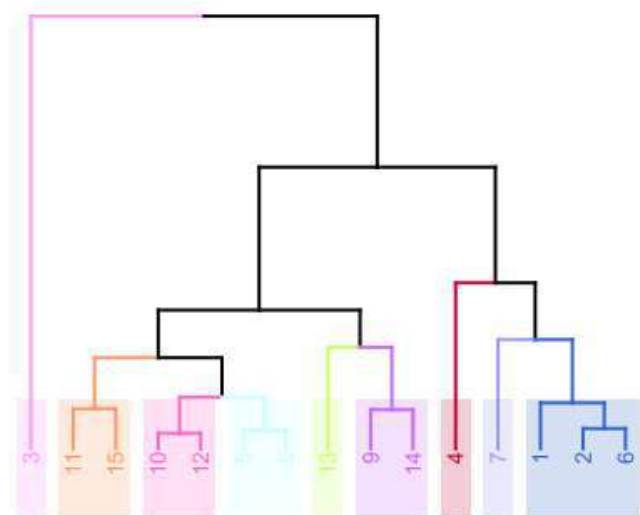


Figura 1. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 15 famílias de macaúba, obtido pelo método *Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average* (UPGMA), utilizando a distância de Mahalanobis.

O método de otimização de Tocher, baseado na matriz de dissimilaridade de Mahalanobis (D^2), sobre o qual são identificados os pares de genótipos mais similares com o objetivo da formação do grupo inicial. Para a inclusão de novos genótipos no grupo emprega-se o critério de que a distância média do intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo. Desta forma, formaram-se três grupos, sendo que o grupo I reuniu 12 famílias (Tabela 2).

Tabela 2. Agrupamento de 15 famílias de macaúba com base na distância de Mahalanobis e método de otimização de Tocher.

GRUPOS	Famílias											
I	10	11	12	15	9	8	5	14	1	13	2	6
II	3	7										
III	4											

4 – Conclusões

Houve diversidade genética entre as 15 famílias avaliadas.

Os métodos utilizados formaram números de grupos distintos.

As famílias 2 (CPAC- 02) e 3 (CPAC- 03) podem ser usadas para obter combinações promissoras e elevada variabilidade genética.

5 – Agradecimentos

Embrapa Agroenergia, Embrapa Cerrados, CNPq, Finep e Universidade de Brasília.

6 - Bibliografia

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* **2013**, 35, 271-276. DOMICIANO, G. P., ALVES, A. A., & LAVIOLA, B. G. Parâmetros genéticos e diversidade em progênies de Macaúba com base em características morfológicas e fisiológicas. *Ciência Rural*, **2015**, 45, 9, 1599–1605., KÖPEN, W. *Climatologia*. Buenos Aires: Gráfica Panamericana, 1948. MANFIO, C. E., MOTOIKE, S. Y., DE RESENDE, M. D. V., DOS SANTOS, C. E. M., & SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. *Pesquisa Florestal Brasileira*, **2012**, 32, 69, 63–68, NOBRE, D. A. C., TROGELLO, E., BORGHETTI, R. A., DE SOUZA DAVID, S., & MÁRCIA, A. Macaúba: Palmeira De Extração Sustentável Para Biocombustível. *Colloquium Agrariae*, **2015**, 10, 2, 92–105, R Core Team. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. **2018**