

AVALIAÇÃO GENÉTICA DE INDIVÍDUOS E PROGÊNIES DE CUPUAÇUZEIRO NO ESTADO DO PARÁ E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS¹

RAFAEL MOYSÉS ALVES² & MARCOS DEON VILELA DE RESENDE³

RESUMO- O presente trabalho relata a avaliação genotípica de progênies de cupuaçuzeiro, no Estado do Pará, para os caracteres número de frutos (NF) em quatro safras, intensidade de ocorrência de vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI) e nos frutos (VBF), e peso de vassoura-de-bruxa (PVB). Apresenta também estimativas de parâmetros genéticos que permitem inferir sobre o controle genético e nível de variabilidade genética presente no material avaliado. Todos os caracteres apresentaram considerável variabilidade genética, com coeficientes de variação genética variando de 27% a 88% no âmbito de progênie e de 38% a 123% no âmbito individual. Isto revela excelentes possibilidades para a seleção nessa população experimental híbrida. As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito, em uma safra, variaram de 25% a 54%, e as repetibilidades individuais para NF equivaleram a 35%. Com as quatro safras realizadas, a herdabilidade em nível individual aumentou para 48%, propiciando acurácia seletiva de 70%, para a seleção de indivíduos. O ganho em eficiência, quando se usa mais de cinco safras, é praticamente desprezível. Para NF, ganhos acima de 60% podem ser obtidos com a seleção dos cinco melhores indivíduos. Poderão ser selecionados indivíduos com produção anual de 17 frutos, valor muito superior à média geral de 10 frutos, encontrada nos plantios comerciais. Verificam-se ganhos genéticos bastante superiores quando se faz a propagação clonal dos melhores indivíduos em relação ao que se verifica quando se realiza a propagação sexuada. Para o melhor indivíduo, o ganho genético aumenta de 75.5% para 88.3%, ou seja, de 17 para quase 19 frutos por planta. Isto revela um grande potencial para a clonagem comercial de cupuaçuzeiro. Para os caracteres VBI e VBF, verificaram-se altas herdabilidades individuais no sentido restrito com valores variando entre 30% e 54%. Isto revela o excelente potencial da seleção recorrente para melhorar, gradativamente, o nível de resistência. Parece suficiente considerar na seleção apenas o número de vassouras, não sendo necessário considerar o peso. A correlação entre resistência no fruto e na inflorescência foi alta (0.84), indicando algum controle genético comum aos dois caracteres. Foram identificadas progênies superiores, simultaneamente, para produção de frutos e resistência à vassoura.

Termos para indexação: Melhoramento do cupuaçuzeiro, herdabilidade, repetibilidade, métodos de seleção, Reml/Blup.

GENETIC EVALUATION OF INDIVIDUALS AND PROGENIES OF *THEOBROMA GRANDIFLORUM* IN THE STATE OF PARÁ AND ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS

ABSTRACT- This paper deals with the genotypic evaluation of *Theobroma grandiflorum* progenies in the Pará State for the characters number of fruits (NF) in four harvests, intensity of occurrence of witch's broom disease in the inflorescences (WBI) and in the fruits (WBF) and weight of branches with witch's broom (WWB). Also, it presents estimates of genetic parameters that allow to infer on the genetic control and level of genetic variability in the appraised germplasm. All the characters presented considerable genetic variability, with coefficients of genetic variation varying from 27% to 88% at progenies level and from 38% to 123% at individual level. This reveals excellent possibilities for the selection in that hybrid experimental population. The estimates of individual narrow sense heritabilities, in a harvest, varied from 25% to 54% and the individual repeatabilities for NF was equal at 35%. With the four accomplished harvests the individual heritability increased to 48%, providing selective accuracy of 70%, for the individuals' selection. The gain in efficiency, when using more than five crops is practically worthless. For NF, genetic gains above 60% can be obtained with the selection of the best five individuals. Individuals with annual production of 17 fruits can be selected, value which is much more superior to the general average of 10 fruits, found in the commercial plantations. Superior genetic gains can be obtained with clone propagation of the best individuals in relation to the sexual propagation and for the best individual the genetic gain increases from 75.5% to 88.3%, that is to say, from 17 to almost 19 fruits per plant. This reveals a great potential for the commercial cloning of *Theobroma grandiflorum*. For the characters VBI and VBF high individual narrow sense heritabilities were verified with values ranging from 30% to 54%. This reveals the excellent potential of the recurrent selection to improve the resistance level. It seems enough to consider in the selection just the number of brooms, without being necessary to consider the weight. The correlation between resistance in the fruit and in the inflorescence was high (0.84) indicating some genetic control common to the two characters. Superior progenies were identified for production of fruits and resistance to the broom simultaneously.

Index terms: *T. grandiflorum* breeding, heritability, repeatability, genetic parameters, selection methods, Reml/Blup

¹(Trabalho 251-07). Recebido em: 24-10-2007. Aceito para publicação: 08-03-2008.

²Doutor, Embrapa Amazônia Oriental; rafael@cpatu.embrapa.br.

³Doutor, Embrapa Florestas/Universidade Federal de Viçosa; Suporte financeiro: CNPq e EMBRAPA.marcos.deon@ufv.br.

INTRODUÇÃO

O cupuaçuzeiro é uma fruteira nativa de grande importância econômica e social ao Brasil. No processo inicial de domesticação da espécie, as áreas de plantio foram estabelecidas com sementes oriundas, principalmente, de plantas nativas, ante a carência absoluta de materiais selecionados, o que proporcionou desuniformidade dentro das plantações, redundando em baixa produtividade (Alves et al., 1997; Souza et al., 1998).

Essa tentativa de domesticação ocorreu sem o devido suporte da pesquisa. A suscetibilidade do material de plantação a fitopatógenos como *Crinipellis* (*Moniliophthora*) *perniciosa* (Stahel) Singer, causador da doença denominada vassoura-de-bruxa, provocou sérios prejuízos aos agricultores, em razão do decréscimo vertiginoso do rendimento dos plantios, nos últimos anos. Por sua vez, as tecnologias indicadas para o controle da enfermidade (controle químico) não demonstraram eficácia econômica (Yoneyama, 1997).

Na tentativa de modificar esse cenário, programas de melhoramento genético dessa espécie têm sido conduzidos na Amazônia Oriental (Alves, 1999) e na Amazônia Ocidental (Souza et al., 2002) e, mais recentemente, em todos os Estados da região Norte. O objetivo básico é desenvolver materiais genéticos superiores para a produção de frutos e resistência a agentes bióticos e abióticos adversos, que proporcionem custos competitivos e rentabilidade aceitável para os empreendedores (Alves, 2003).

O lançamento, pela Embrapa Amazônia Oriental, da cultivar policlonal de cupuaçuzeiro (incluindo os clones Coari, Codajas, Manacapuru e Belém), que apresenta como característica principal boa produtividade de frutos e tolerância à vassoura-de-bruxa (Alves & Cruz, 2003), foi um marco inicial na solução dos problemas restritivos ao aumento da produtividade e rendimento da cultura.

Grande variabilidade genética, para vários dos caracteres agrônomicos de interesse (produtividade, resistência a doenças e pragas, rendimento agroindustrial), tem sido detectada no cupuaçuzeiro (Alves & Cruz, 2003; Alves & Figueira, 2002), o que permite obter genótipos cada vez mais eficientes, os quais atenderão às demandas futuras.

Devido ao longo prazo e altos custos na condução dos programas de melhoramento de culturas perenes, como o cupuaçuzeiro, torna-se de grande importância o uso de procedimentos de seleção mais acurados. A seleção baseada em procedimento biométrico inadequado pode ser ineficiente devido ao confundimento entre efeitos genotípicos e efeitos ambientais. Nesta situação, o procedimento ótimo de seleção é o que envolve a estimação de componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genotípicos pela melhor predição linear não-viciada (BLUP) (Resende, 2002). Esses componentes de variância permitem a estimação de parâmetros genéticos, dentre os quais, os mais importantes são a herdabilidade e a repetibilidade. A estimativa de repetibilidade, quando estimada simultaneamente à herdabilidade no sentido restrito, é muito importante na aferição

do real grau de dominância do caráter. Isto porque a repetibilidade impõe um limite superior no valor da herdabilidade individual no sentido amplo (Falconer, 1989).

O presente trabalho visa a realizar a avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro, bem como estimar parâmetros genéticos que auxiliem no melhoramento e seleção de materiais para serem recomendados aos produtores da Amazônia.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa envolveu 21 progênies de irmãos germanos avaliadas em 2 experimentos no delineamento experimental de blocos ao acaso, com 5 plantas por parcela. O primeiro experimento avaliou 16 progênies em 3 repetições. O segundo experimento avaliou 13 progênies em 2 repetições. Os dois experimentos foram conectados por oito progênies comuns (1; 2; 4; 7; 8; 10; 12 e 21) a eles. Foram empregadas, como testemunhas, progênies de meios-irmãos dos clones 174; 286 e 618. As progênies foram obtidas via polinização controlada, envolvendo clones superiores selecionados nas localidades de Coari, Codajas, Manacapuru e Belém.

Foram avaliados 370 indivíduos em 4 safras anuais, perfazendo um total de 1.484 observações analisadas. O experimento foi avaliado no âmbito de indivíduos em cada safra, para os caracteres número de frutos (NF), intensidade de ocorrência de vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI) e nos frutos (VBF), e peso de ramos com vassoura-de-bruxa (PVB). Foi analisada, via metodologia de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP), como delineamento em blocos incompletos desbalanceado com tratamentos comuns. Isto permitiu o ajuste para os gradientes ambientais de blocos e também a recuperação de informação genética interblocos incompletos, propiciando eficiente estimação de parâmetros e seleção. Os efeitos de blocos foram considerados como aleatórios, visando a propiciar a recuperação de informação genética interblocos.

Dessa forma, os parâmetros genéticos foram estimados via REML, e os valores genotípicos ou médias genotípicas, ajustadas de progênies, bem como os valores genéticos aditivos e genotípicos individuais foram estimados pelo procedimento BLUP, por meio do software Selegen-Reml/Blup (Resende, 2002). Foi utilizado o seguinte modelo estatístico para a avaliação genética (Dias & Resende, 2001 a; Resende, 2002):

$$y = X_m + Z_g + W_p + T_b + Q_c + e, \text{ em que:}$$

y, m, g, p, b, c, e = vetores de dados, de efeitos de medições (fixos), de efeitos genotípicos de progênies de irmãos germanos (aleatório), de efeitos permanentes de indivíduos (aleatório), de efeitos de blocos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

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

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T & X'H \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T & Z'H \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T & W'H \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 & T'H \\ H'X & H'Z & H'W & H'T & H'H + I\lambda_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \\ \hat{b} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \\ H'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{1-\rho}{\sigma^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma^2}, \quad \lambda_2 = \frac{1-\rho}{n^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma^2}, \quad \lambda_3 = \frac{1-\rho}{b^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma^2}, \quad \lambda_4 = \frac{1-\rho}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma^2}$$

$g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$: coeficiente de determinação dos efeitos de progênie, em uma dada medição;

$\rho = \frac{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$: repetibilidade individual;

$p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes dentro de progênie;

$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$: coeficiente de determinação dos efeitos de coluna;

$b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2}$: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco.

σ_e^2 : variância residual;

σ_g^2 : variância genotípica entre progênies;

σ_c^2 : variância ambiental entre parcelas;

σ_p^2 : variância dos efeitos permanentes entre indivíduos;

σ_b^2 : variância ambiental entre blocos.

Para os caracteres associados à resistência à vassoura-de-bruxa, foi empregado modelo similar, porém sem ajuste para efeitos individuais permanentes, visto que não foram tomadas medidas repetidas. Para os caracteres intensidade de ocorrência de vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI) e nos frutos (VBF), atribuiu-se escore 0 para ausência de VB; 5 para número de vassouras entre 0 e 5, e 10 para número de vassouras maior que 5. Para o peso de vassoura-de-bruxa (PVB), tomou-se o peso médio de 5 vassouras por planta.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes às estimativas de parâmetros genéticos, para o caráter número de frutos, são apresentados na Tabela 1.

O caráter número de frutos (NF) apresentou considerável variabilidade genética, com coeficientes de variação genética de 27,13% e 38,36% no âmbito de progênie e no âmbito individual, respectivamente (Tabela 1). Isto revela excelente possibilidade para a seleção nessa população experimental híbrida.

As herdabilidades foram calculadas de duas formas. A primeira delas considerou ausência de dominância ou mais exatamente negligenciou 25% da variação genética de dominância que está presente na variação genotípica entre progênies. Neste caso, a herdabilidade individual, no sentido restrito, equivaleu

acerca de 25%. A segunda abordagem considerou a presença de dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento, ou seja, neste caso, a variação genética de dominância equivale à metade da variação genética aditiva (Vencovsky, 1987). Nesta situação, a herdabilidade individual no sentido restrito equivaleu acerca de 20%. Considerando ambos os extremos, i.e., ausência e presença de dominância completa, verificou-se que as herdabilidades apresentaram pequena variação, conservando-se com ótimas magnitudes em ambos os casos, confirmando, assim, as excelentes possibilidades para a seleção. Souza et al. (2002) relatam herdabilidade de 0,26 para esse caráter em cupuaçuzeiro. Este valor é coerente e próximo do obtido no presente trabalho. Herdabilidade nessa magnitude é esperada para os caracteres quantitativos e também está de acordo com os valores obtidos para cacau, conforme relatado por Dias & Resende (2001b).

A estimativa de repetibilidade equivaleu a 35%. Assim, o valor da herdabilidade individual no sentido amplo não pode ultrapassar esse valor, pois a repetibilidade impõe um limite superior no valor dessa herdabilidade. Assumindo dominância completa, tal herdabilidade apresentou estimativa equivalendo a 30%. Verifica-se, então, que o caráter NF, provavelmente, apresenta algum grau de dominância.

As estimativas dos coeficientes de determinação entre progênies e dos efeitos permanentes de indivíduos dentro de progênies apresentaram valores discrepantes (Tabela 1), com maior valor para os efeitos permanentes de indivíduos dentro de progênies. Isto está coerente com o possível grau de dominância associado a esses dois caracteres. Isto porque a variação genotípica entre progênies de irmãos completos contempla (1/2) da variância genética aditiva e (1/4) da variação genética de dominância, ao passo que a variação dos efeitos permanentes de indivíduos dentro de progênies contempla (1/2) da variância genética aditiva, (3/4) da variação genética de dominância e mais a variação de ambiente permanente. Assim, quanto maior o nível de dominância, maior deve ser o coeficiente de determinação dos efeitos permanentes de indivíduos dentro de progênies em relação ao coeficiente de determinação entre progênies.

As estimativas do coeficiente de determinação dos efeitos de bloco e de parcela foram praticamente iguais a zero, evidenciando que não havia heterogeneidade ambiental a ser corrigida entre blocos e entre parcelas dentro de blocos. O valor de repetibilidade obtido apresentou magnitude média, conforme classificação de Resende (2002). O valor de repetibilidade obtido, i.e., 35%, propicia valores de repetibilidade e herdabilidade no que se refere a médias de indivíduo, conforme apresentado na Tabela 2.

Com o aumento do número de avaliações em cada planta, ocorre um aumento da herdabilidade no âmbito de médias de indivíduo e também da acurácia seletiva. Com as 4 avaliações ou safras realizadas, a herdabilidade no âmbito individual ou determinação genética aumentou de 25% para 48%, propiciando acurácia seletiva de 70% para a seleção de indivíduos (Tabela 2). Assim, a seleção será realizada com grande eficiência.

Os resultados da Tabela 2 permitem também determinar o número mínimo de safras necessário para selecionar com

eficiência. Para o caráter NF, verifica-se que 4 safras já permitem selecionar com acurácia de 70%. No entanto, a eficiência da seleção baseada em determinado número de safras, em relação à seleção baseada em uma só safra, aumenta consideravelmente, até 5 safras (eficiência de 1,44 contra eficiência de 1,39 para 4 safras). Após 5 safras, o ganho em eficiência é praticamente desprezível. Assim, 5 safras parecem ser um número adequado, propiciando determinação fenotípica permanente próxima a 73%, a qual é suficiente para essa fase (seleção de indivíduos em testes de progênies) do melhoramento.

Os resultados referentes à seleção de progênies, com base em seus valores genotípicos, são apresentados na Tabela 3.

Verifica-se que ganhos consideráveis podem ser obtidos com a seleção de progênies híbridas. Ganhos genéticos acima de 3 frutos (33%) podem ser obtidos com a seleção das 5 melhores progênies. Quatro progênies superaram a melhor testemunha.

As correlações genotípicas entre safras envolvendo o caráter NF, nas 4 safras tomadas duas a duas, foram todas bem inferiores à unidade. Isto revela que o caráter não pode ser assumido como o mesmo nas diferentes safras, ou seja, o caráter apresenta controle genético diferenciado nas diferentes safras. As correlações genotípicas equivaleram a: 0,70; 0,57 e 0,28 para a primeira safra com as seguintes; 0,55 e 0,42 para a segunda safra com as seguintes, e 0,47 entre a terceira e quarta safras. Verifica-se que todas as correlações foram positivas e de boas magnitudes. Assumindo NF como caracteres distintos nas diferentes safras, realizou-se a seleção de progênies, com base em um índice de seleção, baseado no ranking médio ao longo das 4 safras. Esse índice assume implicitamente pesos iguais às diferentes safras. Os resultados são apresentados na Tabela 4.

Verifica-se que três (12; 23 e 8) das quatro melhores progênies selecionadas, pela produtividade média nas quatro safras (Tabela 3), permaneceram como melhores na seleção baseada na estabilidade de ranking ao longo das safras (Tabela 4), mostrando que essas progênies têm também uma produção mais equilibrada ao longo das safras. Uma mudança considerável aconteceu com a progênie 20, que ocupava a nona posição na Tabela 3, e passou a ocupar a quarta posição na Tabela 4, por causa da produção equilibrada ao longo das safras.

Os resultados referentes à seleção de indivíduos, com base em seus valores genéticos aditivos, são apresentados na Tabela 5. Esses resultados permitem inferências sobre a utilização de tais indivíduos via propagação sexuada por sementes, para plantios comerciais ou para uso como genitores em novos cruzamentos.

Verifica-se que ganhos consideráveis podem ser obtidos com a seleção de indivíduos. Para NF, ganhos acima de 60% podem ser obtidos com a seleção dos 5 melhores indivíduos. Esses ganhos são maiores do que aqueles estimados para a seleção de progênies, evidenciando o grande potencial para a seleção na própria população experimental. Poderão ser selecionados indivíduos com produção anual de 17 frutos, valor esse muito superior à média geral de 10 frutos.

Na Tabela 6, são apresentados os resultados referentes à seleção de indivíduos com base em seus valores genotípicos

para o caráter NF. Esses resultados permitem inferências sobre a utilização de tais indivíduos via propagação clonal para plantios comerciais. Para cômputo dos valores genotípicos, considerou-se a presença de dominância completa em uma população com nível intermediário de melhoramento.

Verificam-se ganhos genéticos bastante superiores quando se faz a propagação clonal (Tabela 6) dos melhores indivíduos em relação ao que se verifica quando se realiza a propagação sexuada (Tabela 5). Para o melhor indivíduo, o ganho genético aumenta de 75,5% para 88,3%, ou seja, de 17 para quase 19 frutos por planta. Isto revela um grande potencial para a clonagem comercial de cupuaçuzeiro.

Resultados referentes às estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter vassoura-de-bruxa, em cupuaçuzeiro, são apresentados na Tabela 1.

Para os caracteres intensidade de ocorrência de vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI) e nos frutos (VBF), atribuiu-se escore zero para ausência de VB; 5 para número de vassouras entre 0 e 5, e 10 para número de vassouras maior que 5. Para o peso de vassoura-de-bruxa (PVB), tomou-se o peso médio de 5 vassouras por planta. Pode-se considerar como ponto de corte para a resistência o valor 5. A média geral para VBI e VBF equivaleram a 2,18 e 1,58, respectivamente (Tabela 1). Assim, em média, a população experimental pode ser considerada como adequadamente resistente à vassoura-de-bruxa. Isto pode ser explicado pela seleção prévia de genitores para esse caráter. No entanto, ainda existe considerável variabilidade genética para seleção tanto no âmbito de progênie quanto no âmbito de indivíduo, conforme pode ser verificado pelos altos valores dos coeficientes de variação genética (Tabela 1). Verificam-se também altas herdabilidades individuais no sentido restrito para esses caracteres, com valores variando entre 30% e 54%, dependendo do nível de dominância assumido. Isto revela que o caráter é quantitativo, mas não tão complexo quanto os caracteres de produtividade. Revela também o excelente potencial da seleção recorrente para melhorar gradativamente o nível de resistência. Altas herdabilidades, para resistência à vassoura-de-bruxa, foram também obtidas em cacau (Dias & Resende, 2001 b).

O caráter PVB apresentou grande variabilidade e herdabilidade quando também foram consideradas as plantas sem vassoura-de-bruxa (peso 0). Porém, a análise considerando apenas a variação dentre as plantas infectadas demonstrou variabilidade e herdabilidade não-significativa para o peso de vassoura-de-bruxas (caráter PVBE na Tabela 1). Assim, parece suficiente considerar, na seleção, apenas o número de vassouras, não sendo necessário considerar o peso.

Os resultados referentes à seleção de progênies, com base em seus valores genotípicos para resistência à vassoura-de-bruxa, são apresentados nas Tabelas 7 e 8.

Verifica-se que existem progênies com notas próximas de 0 para os 2 caracteres (Tabelas 7 e 8). Como as médias foram em torno de 2, existem grandes possibilidades para a seleção de progênies e de indivíduos dentro de progênies. A correlação entre resistência no fruto e na inflorescência foi alta (0,84), indicando algum controle genético comum aos 2 caracteres. Como progênies superiores, simultaneamente, para produção de frutos

e resistência à vassoura, destacam-se às de número 12 e 20.

TABELA 1 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres número de frutos (NF), intensidade de ocorrência de vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI) e nos frutos (VBF), peso de vassoura-de-bruxa (PVB) e peso de vassoura-de-bruxa excluindo as não-infectadas (PVBE), em cupuaçuzeiro no Pará.

| Parâmetro | NF | VBI | VBF | PVB | PVBE |
|---|---------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Variância genotípica entre progênes | 7,1945 | 3,6480 | 1,6718 | 375,2947 | 44,6651 |
| Variância Permanente de Indivíduo | 11,7323 | - | - | - | - |
| Variância entre Parcelas | 1,3927 | 0,4122 | 0,4809 | 3,2960 | 4,3487 |
| Variância entre Blocos | 0,0072 | 0,0043 | 0,0113 | 8,2036 | 0,2463 |
| Variância Ambiental | 37,5013 | 9,5117 | 6,8438 | 661,6231 | 644,3613 |
| Variância Fenotípica | 57,8281 | 13,5764 | 9,0080 | 1048,4176 | 693,6215 |
| Coefficiente de Determinação de Progênie | 0,1244 | 0,2687 | 0,1855 | 0,3580 | 0,0644 |
| Coefficiente de Determinação Permanente | 0,2028 | - | - | - | - |
| Coefficiente de Determinação de Parcelas | 0,0240 | 0,0303 | 0,0533 | 0,0031 | 0,0062 |
| Coefficiente de Determinação de Blocos | 0,0001 | 0,0003 | 0,0012 | 0,0078 | 0,0003 |
| Herdabilidade Aditiva Individual sem Dominância | 0,2488 | 0,54 0,14 | 0,37 0,12 | 0,72 0,12 | 0,13 0,13 |
| Herdabilidade Aditiva Individual c/ Dominância Completa | 0,1990 | 0,4300 | 0,2969 | 0,5727 | - |
| Herdabilidade Genotípica Individual c/ Dom. Completa | 0,2986 | 0,6449 | 0,4453 | 0,8591 | - |
| Repetibilidade Individual | 0,3515 | - | - | - | - |
| Coefficiente de Variação Genotípica Progênie | 27,13% | 87,57% | 81,67% | 96,18% | 10,93% |
| Coefficiente de Variação Genética Aditiva Individual | 38,36% | 123,85% | 115,49% | 136,00% | 15,45% |
| Média Geral | 9,8878 | 2,1810 | 1,5831 | 20,1418 | 61,1677 |

TABELA 2 - Estimativas da herdabilidade individual no sentido restrito, repetibilidade individual, determinação fenotípica permanente e genética aditiva individual, acurácia seletiva individual e eficiência do uso de determinado número de safras em relação ao uso de apenas uma, para o caráter número de frutos do cupuaçuzeiro.

| Medições ou Safras | Herdabilidade | Repetibilidade | Determinação Fenotípica | Determinação Genética | Acurácia Genética | Eficiência |
|--------------------|---------------|----------------|-------------------------|-----------------------|-------------------|------------|
| 1 | 0,2488 | 0,3515 | 0,3515 | 0,2488 | 0,4988 | 1,0000 |
| 2 | 0,2488 | 0,3515 | 0,5202 | 0,3682 | 0,6068 | 1,2165 |
| 3 | 0,2488 | 0,3515 | 0,6192 | 0,4383 | 0,6620 | 1,3273 |
| 4 | 0,2488 | 0,3515 | 0,6844 | 0,4844 | 0,6960 | 1,3953 |
| 5 | 0,2488 | 0,3515 | 0,7305 | 0,5170 | 0,7191 | 1,4416 |
| 6 | 0,2488 | 0,3515 | 0,7648 | 0,5414 | 0,7358 | 1,4751 |
| 7 | 0,2488 | 0,3515 | 0,7914 | 0,5602 | 0,7485 | 1,5005 |

TABELA 3 - Valores genotípicos ou médias genotípicas e ganho genético com a seleção de progênes híbridas de cupuaçuzeiro, para o caráter número de frutos.

| Ordem | Progênie | Valores Genotípicos | Ganho Genético Acumulado (Número de Frutos) |
|-------|----------|---------------------|---|
| 1 | 12 | 15,0996 | 5,0067 |
| 2 | 23 | 13,2282 | 4,0710 |
| 3 | 18 | 12,4820 | 3,5103 |
| 4 | 8 | 12,4271 | 3,2163 |
| 5 | 174 | 11,9621 | 2,9469 |
| 6 | 5 | 11,6537 | 2,7158 |
| 7 | 21 | 11,3196 | 2,5031 |
| 8 | 286 | 11,0637 | 2,3116 |
| 9 | 20 | 11,0553 | 2,1616 |
| 10 | 6 | 11,0506 | 2,0412 |
| 11 | 618 | 10,9619 | 1,9347 |
| 12 | 24 | 10,4959 | 1,8070 |
| 13 | 15 | 10,3465 | 1,6875 |
| 14 | 19 | 10,2161 | 1,5758 |
| 15 | 13 | 9,78580 | 1,4503 |
| 16 | 14 | 9,3685 | 1,3143 |
| 17 | 10 | 9,2693 | 1,1886 |
| 18 | 2 | 8,3422 | 1,0253 |
| 19 | 3 | 8,2862 | 0,8762 |
| 20 | 17 | 7,5773 | 0,7066 |
| 21 | 7 | 6,9204 | 0,5219 |
| 22 | 22 | 6,6693 | 0,3426 |
| 23 | 1 | 6,5611 | 0,1741 |
| 24 | 4 | 6,0883 | 0,0000 |

*As progênes 174; 286 e 618 são testemunhas.

TABELA 4 - Seleção de progênes híbridas de cupuaçuzeiro para o caráter número de frutos, tomando por base o ranking em cada uma das quatro safras.

| Ordem | Progênie | Rank Safra 1 | Rank Safra 2 | Rank Safra 3 | Rank Safra 4 | Rank Médio |
|-------------|----------|--------------|--------------|--------------|--------------|------------|
| 1 | 12 | 10 | 1 | 5 | 1 | 4,25 |
| 2 | 23 | 1 | 3 | 3 | 14 | 5,25 |
| 3 | 8 | 2 | 4 | 2 | 15 | 5,75 |
| 4 | 20 | 5 | 2 | 7 | 9 | 5,75 |
| 5 | 174 | 11 | 5 | 10 | 4 | 7,50 |
| 6 | 618 | 3 | 12 | 13 | 3 | 7,75 |
| 7 | 18 | 7 | 7 | 17 | 2 | 8,25 |
| 8 | 21 | 6 | 17 | 12 | 6 | 10,25 |
| 9 | 286 | 12 | 8 | 1 | 20 | 10,25 |
| 10 | 24 | 14 | 10 | 9 | 11 | 11,00 |
| 11 | 6 | 18 | 19 | 4 | 5 | 11,50 |
| 12 | 15 | 16 | 9 | 14 | 7 | 11,50 |
| 13 | 19 | 4 | 20 | 8 | 16 | 12,00 |
| 14 | 13 | 15 | 13 | 15 | 8 | 12,75 |
| 15 | 5 | 8 | 11 | 22 | 17 | 14,50 |
| 16 | 10 | 9 | 6 | 19 | 24 | 14,50 |
| 17 | 17 | 17 | 14 | 6 | 21 | 14,50 |
| 18 | 14 | 13 | 15 | 20 | 12 | 15,00 |
| 19 | 7 | 23 | 18 | 16 | 10 | 16,75 |
| 20 | 2 | 22 | 23 | 11 | 13 | 17,25 |
| 21 | 3 | 19 | 16 | 18 | 18 | 17,75 |
| 22 | 22 | 20 | 22 | 21 | 23 | 21,50 |
| 23 | 1 | 21 | 24 | 23 | 19 | 21,75 |
| 24 | 4 | 24 | 21 | 24 | 22 | 22,75 |
| Média Geral | Todos | 7,24 | 9,81 | 12,52 | 9,96 | 9,88 |

TABELA 5 - Valores genéticos aditivos individuais e ganho genético com a seleção (baseada na média de 4 safras) dos 10 melhores indivíduos na população experimental de cupuaçuzeiro, para o caráter número de frutos, visando à propagação sexuada.

| Ordem | Família | Bloco | Planta | Valor Fenotípico Médio | Valor Genético Aditivo | Ganho Genético (%) |
|-------|---------|-------|--------|------------------------|------------------------|--------------------|
| 1 | 12 | 3 | 3 | 27,00 | 17,3362 | 75,47 |
| 2 | 12 | 1 | 2 | 25,50 | 17,0058 | 72,12 |
| 3 | 12 | 2 | 1 | 23,75 | 16,7614 | 69,65 |
| 4 | 12 | 5 | 1 | 20,50 | 15,8503 | 60,43 |
| 5 | 8 | 1 | 2 | 27,00 | 15,7780 | 59,70 |
| 6 | 12 | 2 | 2 | 19,50 | 15,6090 | 57,99 |
| 7 | 12 | 1 | 3 | 20,25 | 15,5822 | 57,71 |
| 8 | 12 | 3 | 2 | 19,50 | 15,3024 | 54,88 |
| 9 | 12 | 1 | 4 | 18,50 | 15,1076 | 52,91 |
| 10 | 23 | 1 | 5 | 20,00 | 15,0389 | 52,22 |

TABELA 6 - Valores genotípicos individuais e ganho genético com a seleção (baseada na média de quatro safras) dos 10 melhores indivíduos na população experimental de cupuaçuzeiro, para o caráter número de frutos, visando à propagação clonal.

| Ordem | Família | Bloco | Planta | Valor Fenotípico Médio | Valor Genotípico | Ganho Genético (%) |
|-------|---------|-------|--------|------------------------|------------------|--------------------|
| 1 | 12 | 3 | 3 | 27,00 | 18,5990 | 88,25 |
| 2 | 12 | 1 | 2 | 25,50 | 18,1365 | 83,57 |
| 3 | 12 | 2 | 1 | 23,75 | 17,7943 | 80,10 |
| 4 | 8 | 1 | 2 | 27,00 | 17,2065 | 74,15 |
| 5 | 12 | 5 | 1 | 20,50 | 16,5188 | 67,19 |
| 6 | 12 | 2 | 2 | 19,50 | 16,1809 | 63,77 |
| 7 | 12 | 1 | 3 | 20,25 | 16,1433 | 63,39 |
| 8 | 23 | 1 | 5 | 20,00 | 15,8473 | 60,40 |
| 9 | 12 | 3 | 2 | 19,50 | 15,7517 | 59,43 |
| 10 | 12 | 1 | 4 | 18,50 | 15,4790 | 56,67 |

TABELA 7 - Valores genotípicos ou médias genotípicas de progênies híbridas de cupuaçuzeiro, para o caráter vassoura-de-bruxa na inflorescência (VBI)

| Ordem | Progênie | Valores Genotípicos |
|-------|----------|---------------------|
| 1 | 7 | 0,2456 |
| 2 | 2 | 0,2534 |
| 3 | 12 | 0,2537 |
| 4 | 1 | 0,2706 |
| 5 | 13 | 0,3849 |
| 6 | 14 | 0,3849 |
| 7 | 20 | 0,5196 |
| 8 | 24 | 0,5196 |
| 9 | 4 | 1,133 |
| 10 | 286 | 1,2103 |
| 11 | 18 | 1,3673 |
| 12 | 618 | 1,6583 |
| 13 | 3 | 2,0358 |
| 14 | 6 | 2,3109 |
| 15 | 15 | 2,8612 |
| 16 | 21 | 3,0853 |
| 17 | 19 | 3,4115 |
| 18 | 23 | 3,6866 |
| 19 | 8 | 3,758 |
| 20 | 174 | 3,9357 |
| 21 | 22 | 4,2369 |
| 22 | 17 | 4,2831 |
| 23 | 5 | 4,6142 |
| 24 | 10 | 5,9249 |

*As progênies 174; 286 e 618 são testemunhas.

TABELA 8 - Valores genotípicos ou médias genotípicas de progênies híbridas de cupuaçuzeiro, para o caráter vassoura-de-bruxa nos frutos (VBF).

| Ordem | Progênie | Valores Genotípicos |
|-------|----------|---------------------|
| 1 | 1 | 0,3102 |
| 2 | 13 | 0,4378 |
| 3 | 14 | 0,4378 |
| 4 | 20 | 0,549 |
| 5 | 7 | 0,6144 |
| 6 | 6 | 0,6814 |
| 7 | 2 | 0,7978 |
| 8 | 3 | 0,9249 |
| 9 | 286 | 0,9249 |
| 10 | 18 | 0,9377 |
| 11 | 21 | 0,9419 |
| 12 | 4 | 1,1057 |
| 13 | 12 | 1,1348 |
| 14 | 24 | 1,1928 |
| 15 | 15 | 1,6554 |
| 16 | 5 | 1,7834 |
| 17 | 19 | 2,1425 |
| 18 | 618 | 2,1585 |
| 19 | 8 | 2,5069 |
| 20 | 22 | 2,873 |
| 21 | 23 | 3,1165 |
| 22 | 174 | 3,1243 |
| 23 | 10 | 3,5621 |
| 24 | 17 | 4,0812 |

*As progênies 174; 286 e 618 são testemunhas.

CONCLUSÕES

Todos os caracteres apresentaram considerável variabilidade genética, o que revela excelentes possibilidades para a seleção e melhoramento do cupuaçuzeiro no Pará. Colheitas de frutos em cinco safras são suficientes para a avaliação de uma matriz, pois o ganho em eficiência, quando se usam mais safras, é praticamente desprezível. Foram identificadas progênies superiores, simultaneamente, para produção de frutos e resistência à vassoura-de-bruxa.

REFERÊNCIAS

ALVES, R.M.; CORRÊA, J.R.V.; RODRIGO, M. Melhoramento genético do cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*) no Estado do Pará. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE PIMENTA-DO-REINO E CUPUAÇU, 1., 1996, Belém. **Anais...** Belém: EMBRAPA, CPATU/JICA, 1997. p.127-146. (Documentos, 88).

ALVES, R.M. Cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd. ex. Spreng) Schum). In: EMBRAPA, Centro de Pesquisa Agroflorestal da Amazônia Oriental. **Programa de melhoramento genético e de adaptação de espécies vegetais para a Amazônia Oriental**. Belém, 1999. cap.1, p.37-48 (Documentos, 16).

ALVES, R.M.; FIGUEIRA, A. Cupuassu (*Theobroma grandiflorum*) genetic resources and breeding in the Brazilian Amazon. **Ingenic Newsletter**, Trinidad, v.7, p.25-32, 2002.

ALVES, R.M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro *Theobroma grandiflorum* (Willd.ex.Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos**. Piracicaba, 2003. 146 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

ALVES, R.M; CRUZ, E.D. **Cultivares de cupuaçuzeiro tolerantes à vassoura-de-bruxa**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2003. 4p. **Recomendações Técnicas**

DIAS, L. A. dos S. ; RESENDE, M. D. V. Experimentação no Melhoramento. In: DIAS, L.A. dos S. (Org.). **Melhoramento genético do cacauzeiro**. Viçosa: FUNAPE, 2001^a. p. 439-492.

DIAS, L. A. dos S. ; RESENDE, M. D. V. Estratégias e Métodos de Seleção. In DIAS, L.A. dos S. (Org.). **Melhoramento genético do cacauzeiro**. Viçosa: FUNAPE, 2001b. p. 217-287.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Scientific and Technical Press, 1989. 438 p.

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

SOUZA, A. das G.C.; SILVA, S.E.L.; SOUZA, N.R. Avaliação de progênies de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* (Willd. ex Spreng, Schum) em Manaus. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.20, n.3, p.307-312, 1998.

SOUZA, A. G. C. ; RESENDE, M. D. V. ; SILVA, S. E. L. ; SOUZA, N. R. The cupuaçuzeiro genetic improvement program at Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 3, p. 471-478, 2002.

YONEYAMA, S.; NUNES, A.M.L.; DUARTE, M.L.R.; SHIMIZU, O.; ENDO, T.; ALBUQUERQUE, F.C. Controle químico da vassoura-de-bruxa em cupuaçuzeiro. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE PIMENTA-DO-REINO E CUPUAÇU, 1., Belém, 1996. **Anais...** Belém: EMBRAPA, CPATU/JICA, 1997. p.161-172. (Documentos, 89)

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-214.