

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE AÇAIZEIRO COM
BASE EM VALORES GENÉTICOS DE CARACTERES AGRONÔMICOS E DE CACHO**

DAVI HENRIQUE LIMA TEIXEIRA¹, MARIA DO SOCORRO PADILHA DE OLIVEIRA²;
FLÁVIA MARIA AVELAR GONÇALVES³, JOSÉ AIRTON RODRIGUES NUNES⁴

RESUMO

Em programas de melhoramento genético é importante selecionar genótipos com bons desempenhos para caracteres de interesse e que sejam geneticamente divergentes para aproveitar possíveis efeitos de heterose. O objetivo desse trabalho foi estimar a divergência genética entre progênies de meios-irmãos de açaizeiro. Foram avaliadas 25 progênies conduzidas em blocos casualizados com parcelas lineares de cinco plantas, em experimento instalado em área de produtor rural no município de Santa Izabel do Pará. As divergências genéticas foram estimadas pelas dissimilaridades de valores genotípicos usando a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) e posterior agrupamento de similaridade de progênies pelo Método de Otimização de Tocher. Foram encontrados sete grupos geneticamente distintos, com 72% das progênies encontradas no primeiro grupo. As progênies apresentaram ampla variabilidade genética com cruzamentos que possibilitam obter genótipos superiores em caso de possível efeito heterótico.

Palavras-chaves: Distância Generalizada de Mahalanobis, Variabilidade Genética, *Euterpe oleracea*, Agrupamento de Tocher.

INTRODUÇÃO

A área colhida do açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.), no Estado do Pará, tem apresentado um crescimento significativo, reflexo das respostas dos produtores ao crescimento da demanda do açai. Esse crescimento possibilitou que a exploração dessa palmeira mudasse de uma base produtiva extrativista para uma base produtiva de cultivo, o que demanda inovações tecnológicas, como as resultantes do melhoramento genético para formar populações produtivas e resistentes as principais pragas e doenças (SANTANA et al, 2008). O sucesso dos programas de melhoramento genético é dependente da variabilidade genética das populações bases desses programas (BORÉM & MIRANDA, 2005).

A amplitude da variação genética em uma população segregante é função da divergência genética entre os pais envolvidos (FALCONER, 1987). O mais apropriado é que os genitores apresentem desempenho superior para os principais caracteres de importância econômica, e que sejam divergentes geneticamente, para possibilitar maior efeito heterótico, uma vez existente, em sua descendência e maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nestas gerações segregantes (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

Normalmente, o exato grau de diversidade genética entre genótipos pode ser obtido com base em marcadores moleculares e bioquímicos. No entanto, o uso de caracteres agronômicos pode refletir a quantificação de diversidade genética entre os acessos através de dissimilaridades fenotípicas (OLIVEIRA, 2005; DIAS, 1994). A técnica de marcadores moleculares pode torna elevados os custos dos programas de melhoramento genético. Por sua vez, os métodos baseados em dados fenotípicos possuem a vantagem de permitir calcular o distanciamento genético com uso de caracteres como produtividade, já utilizados amplamente nos programas de melhoramento (LOPES, 2007).

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, DBI/ UFLA, davihlima@yahoo.com.br

² Pesquisadora A em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Amazônia Oriental, spadilha@cpatu.embrapa.br

³ Professor Adjunto, DBI/UFLA, avelar@dbi.ufla.br

⁴ Professor Adjunto, DBI/UFLA, jarnunes@dbi.ufla.br

O objetivo do presente trabalho foi estimar a divergência genética entre progênies de meios-irmãos de açaizeiro com base em valores genéticos preditos de caracteres agrônômicos e de cacho.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados coletados

Os dados foram obtidos pela Embrapa Amazônia Oriental, em experimento instalado em fevereiro de 2001 no município de Santa Izabel do Pará, em área de produtor rural. Foram utilizadas 25 progênies de meios-irmãos de açaizeiro no delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições e parcela linear de cinco plantas, avaliadas nos anos de 2005, 2006 e 2007.

Em cada ano foram avaliados de cada planta os seguintes caracteres: produção total de frutos (PTF), em quilogramas, número total de cachos (NTC) e de meses em frutificação (NMF), em unidades, peso médio de frutos por cacho (PFC), em quilogramas, rendimento de frutos por cacho (RFC), em porcentagem, número médio de ráquias do cacho (NRC), em unidades, comprimento médio da ráquis do cacho (CRC), em centímetros, e o peso médio de cem frutos (PCF), em gramas.

Análise estatística

As estimativas dos componentes de variância e predições de valores genéticos dos caracteres avaliados foram obtidas pela análise conjunta dos anos com resultado por indivíduo e por progênies pelo procedimento REML/BLUP (melhor predição linear não tendenciosa/máxima verossimilhança restrita).

A divergência genética entre progênies com base nos valores genéticos preditos foi estimada pelas medidas de dissimilaridade usando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e posterior agrupamento de similaridade das progênies utilizando o Método de Otimização de Tocher como proposta por Resende (2006).

As análises estatístico genéticas foram realizadas com auxílio do software genético estatístico SELEGEN (RESENDE, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise conjunta nas médias de progênie verifica-se que houve diferenças genéticas significativas entre as mesmas para os caracteres PTC, CRC e PCF avaliados ao nível de significância de 1% e PFC ao nível de significância de 5% (Tabela 1). Essas diferenças indicam que a condição é favorável para realização do melhoramento genético utilizando esses caracteres, especialmente por alguns desses apresentarem alta correlação com caracteres agrônômicos importantes como produção total de frutos e número total de cachos emitidos (FARIAS NETO et al., 2008). Com esses resultados pode-se afirmar que os caracteres PTC, CRC, PCF e PFC foram os que contribuíram para identificação da divergência genética entre as progênies, sendo as mesmas homogêneas para os demais caracteres (MARIM et al., 2009).

Tabela 1. Estimativa de variação genética aditiva e herdabilidade no sentido restrito pela análise conjunta das safras nas médias das progênies de meios-irmãos de açaizeiro para caracteres de produção e cacho de açaizeiro. Santa Izabel, PA. (2005, 2006 e 2007).

Parâmetros	NMF¹	NTC¹	PTF¹	PTC¹	PFC¹	RFC¹	NRC¹	CRC¹	PCF¹
σ_g^2	0,04 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,06 ^{**}	0,03 [*]	0,98 ^{ns}	32,61 [*]	7,17 ^{**}	167,49 ^{**}
h^2 (%)	6,20	7,87	2,39	16,90	11,88	3,13	42,31	30,20	44,34

¹Teste da razão da verossimilhança, com distribuição com 1 grau de liberdade. ^{ns}Não significativo, ^{*}significativo a 5% e

^{**}significativo a 1% de probabilidade pelo teste χ^2 .

XIX CONGRESSO DE PÓS-GRADUAÇÃO DA UFLA
27 de setembro a 01 de outubro de 2010

A partir de um grupo heterogêneo, os métodos de agrupamento reúnem os genótipos mais homogêneos, os separando em grupos de divergência ou distância. O método de agrupamento de Tocher é o mais conhecido e comumente utilizado em programas de melhoramento genético (CRUZ et al., 2004). Neste estudo as 25 progênies formaram sete grupos geneticamente distintos, com 72% das progênies agrupadas no primeiro grupo (Tabela 2). Esse número de grupos é bem inferior ao encontrado por Oliveira et al. (2007), em que foram obtidos 24 grupos distintos com base em dados de 28 caracteres de 87 acessos de açaizeiro pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental. O menor agrupamento do presente estudo pode ter ocorrido tanto pelo menor número de progênies quanto pelo menor número de caracteres utilizados (SILVA et al., 2001).

Tabela 2. Grupos de similaridade genética formados pelo Método de Otimização de Tocher, com base em nove características avaliadas nas 25 progênies de meios-irmãos de açaizeiro, Santa Izabel, Pará. (2005, 2006 e 2007).

Grupos	Progênies
1	1, 2, 4, 5, 6, 7, 10, 11, 13, 14, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23 e 25
2	8 e 12
3	15
4	9
5	24
6	16
7	3

Apesar do pequeno número de grupos formados, pode-se afirmar que houve expressiva variabilidade genética entre as progênies. Isso pode ser verificado pelas diferenças significativas para alguns caracteres apresentadas na Tabela 1. Além disso, Ferreira et al. (2007), utilizando marcadores moleculares RAPD, verificaram ampla variabilidade genética entre 24 dos 25 genitores das progênies avaliadas nesse estudo. Essa alta variabilidade pode ser atribuída à complexidade genética dessas progênies que, altamente heterozigóticas, podem possuir alelos que somente são expressos após algumas gerações de cruzamento entre indivíduos aparentados (FERREIRA et al., 2005).

O pequeno número de caracteres utilizados neste trabalho pode tornar os resultados variáveis, pois a divergência é estimada pelos caracteres em que foram detectadas diferenças genéticas significativas. Lopes (2007) sugere avaliar maior número de caracteres, preferencialmente os que sofrem menor influência ambiental para tornar os resultados mais precisos. Entretanto, Silva et al. (2001) mencionam que ao analisar as diferenças genéticas para um determinado grupo de caracteres, a divergência entre alelos específicos, que podem estar ou não ligados a outros genes, também é considerada. Deste modo, o melhorista deve trabalhar com genótipos divergentes para as características que são de interesse dos programas de melhoramento genético. Nesse estudo, embora se tenha utilizado poucas características, essas estão relacionadas com a produção de frutos, principal objetivo dos programas de melhoramento genético do açaizeiro.

De acordo com alguns critérios de seleção de genitores, para aproveitar melhor um possível efeito heterótico na descendência, o mais apropriado é que os genitores apresentem desempenho superior para os principais caracteres de importância econômica e, ao mesmo tempo, sejam divergentes geneticamente (CRUZ & CARNEIRO, 2006). Neste sentido, os cruzamentos entre indivíduos provenientes das progênies 3 e 9 podem gerar descendentes com potencial para os principais caracteres agrônômicos, tendo em vista o bom desempenho dessas progênies (Tabela 3) e o elevado distanciamento genético (Tabela 2).

XIX CONGRESSO DE PÓS-GRADUAÇÃO DA UFPA
27 de setembro a 01 de outubro de 2010

Tabela 3. Valores genéticos médios (médias BLUP) das progênes de meios-irmãos de açaizeiro para os caracteres produção total de frutos (PTF), número total de cacho (NTC) e peso de frutos por cacho (PFC). Santa Izabel, PA (2005, 2006 e 2007).

PROGÊNIES	PTF (kg)	NTC (unidade)	PFC (kg)
1	8,81	5,07	1,80
2	8,58	4,80	1,67
3	9,00	5,27	1,76
4	8,42	4,35	1,77
5	8,79	4,87	1,86
6	8,71	4,95	1,72
7	8,67	4,84	1,74
8	8,51	4,94	1,57
9	9,07	5,13	1,83
10	8,79	5,24	1,70
11	8,82	5,21	1,69
12	8,67	4,69	1,77
13	8,53	4,73	1,67
14	8,70	4,86	1,83
15	8,45	4,35	1,77
16	8,97	4,78	1,96
17	8,69	5,24	1,57
18	9,04	4,81	2,06
19	9,21	5,04	2,02
20	8,85	5,10	1,84
21	8,78	5,22	1,68
22	8,94	5,41	1,64
23	8,84	5,27	1,70
24	8,73	4,80	1,74
25	8,52	4,63	1,76

CONCLUSÃO

As progênes de açaizeiro apresentam ampla variabilidade genética. O cruzamento de indivíduos provenientes das progênes 3 e 9 são indicados por apresentarem grande distanciamento genético e médias satisfatórias de caracteres agrônômicos, o que possibilita recuperar genótipos superiores nas futuras gerações segregantes.

REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4 ed. Viçosa: UFV, 525P, 2005.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento de Plantas**. 2. ed., v. 2, Viçosa: UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed, v. 1. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 480p, 2004.

DIAS, L.A. dos S.; KAGEYAMA, P.Y.; CASTRO, G.C.T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotropica**, v.9, p.29-40, 1997.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, UFV, 279p, 1987.

FARIAS NETO J. T.; RESENDE, M. D. V. de.; OLIVEIRA, M. do. S. P. de.; NOGUEIRA, O. L.; FALCÃO, P. N. B.; SANTOS, N. S. A dos. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção

XIX CONGRESSO DE PÓS-GRADUAÇÃO DA UFLA
27 de setembro a 01 de outubro de 2010

em progênes de polinização aberta de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**. Jaboticabal, SP, v. 30, n. 4, 2008.

FERREIRA et al. Repetibilidade e numero de colheitas para a seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.8, p.761-767, 2005.

FERREIRA, S. F.; OLIVEIRA, M. do S. P. de.; TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, N. P. de. Similaridade Genética entre Progênes de Açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) por Marcadores RAPD. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 20., 2007, São Lourenço, MG. **Anais...** São Lourenço: MG. 1CD-ROM.

LOPES, V. R. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar da serie RB97. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Curitiba: UFP, 87p, 2007.

MARIM, B. G.; SILVA, D. J. H da.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V. M.; MATTEDI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.10, p.1283-1290, 2009.

OLIVEIRA, M. do S. P. de. **Caracterização molecular e morfo-agronômica de germoplasma de açaizeiro**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Lavras: UFLA, 171p, 2005.

OLIVEIRA, M. do S. P. de.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. dos. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasileira**, v.42, n.4, p.501-506, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN – REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2006. 67p. (Embrapa Florestas – Documentos, 77).

SANTANA, A. C de.; CARVALHO, D. F.; TEIXEIRA, F. A. **Análise sistêmica da fruticultura paraense: organização, mercado e competitividade empresarias**. Belém: Banco da Amazônia, 255p, 2008.

SILVA et al. Stability of genetic divergence among eggplant accesses in three stages of development. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Brasil, v.1, n.2, p. 135-143, 2001.