

DIGNER SANTIAGO ORTEGA CEDILLO

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO EM PALMA DE ÓLEO
(*Elaeis oleifera* e *Elaeis guineensis*) NO EQUADOR

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

O77d
2013

Ortega Cedillo, Digner Santiago, 1973-
Diversidade genética e seleção em palma de óleo
(*Elaeis oleifera* e *Elaeis guineensis*) no Equador / Digner
Santiago Ortega Cedillo. – Viçosa, MG, 2013.
x, 51 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Cosme Damião Cruz.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. *Elaeis oleifera*. 2. *Elaeis guineensis*. 3. Dendzeiro -
Melhoramento genético - Equador. 4. Palmeira.. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22.ed. 634.63

DIGNER SANTIAGO ORTEGA CEDILLO

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO EM PALMA DE ÓLEO
(*Elaeis oleifera* e *Elaeis guineensis*) NO EQUADOR

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 4 de junho de 2013.

Carlos Eduardo Magalhães dos Santos

Lívia Gracielle Oliveira Tomé

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)

Marcos Deon Vilela de Resende
(Coorientador)

Cosme Damião Cruz
(Orientador)

**"Bendito seja o nome do Senhor,
agora e para sempre"
Salmo 112-2**

AGRADECIMENTOS

A Deus e nosso Senhor Jesus Cristo, pela graça concedida à minha vida.

Aos meus pais Angela Agripina Cedillo Campos e Lorenzo Macario Ortega Alvarado e meus irmãos Miriam, Carlos e Jorge, pelo amor, apoio e pela compreensão em todos os momentos.

À minha avó Gegmi Campos Olvera e demais familiares, pelo apoio e incentivo no caminho do bem.

À minha esposa e companheira de minha vida Sonnia Maria Garcia Fajardo, pelo amor, paciência, pelo carinho e apoio em todo momento, acreditando em melhores dias.

Aos meus queridos filhos João, Genesis e Joel, pelo amor, carinho e por serem o melhor regalo que Deus me deu.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pela amizade, paciência, confiança e pelo incentivo, um exemplo a ser seguido.

Aos professores Pedro Crescêncio e Marcos Deon Vilela, pelo apoio, pela orientação e amizade que me brindaram durante minha preparação profissional.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do Curso.

Aos meus amigos do Laboratório de Bioinformática Danielle, David, Felipe, Gislayne Jaqueline, Marciane, Livia, João, Rafael e Caio, Angélica e Maria, pelo convívio agradável e pela amizade de cada um deles.

Aos meus grandes amigos representados pelas famílias Cañarte Montero, Carrillo Morales e Cevallos Forti, pela amizade e pelo apoio durante esses anos de estudos.

Aos meus amigos e amigas de pós-graduação dos diferentes departamentos, pela parceria, amizade e afinidade.

Aos professores da pós-graduação, pela atenção, pela disponibilidade e pelos ensinamentos.

Às secretárias do curso de pós-graduação em Genética e Melhoramento Rita e Edna, pelo apoio, pela dedicação, atenção e amizade.

Ao Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias INIAP, pela oportunidade de melhorar meu nível profissional e pela bolsa de estudo.

À Estação Experimental Santo Domingo, do INIAP, pela oportunidade de seguir trabalhando para os palmicultores do Equador.

Ao Ing. Saúl Mestanza Solano, Chefe Geral do INIAP, pela amizade e pelo apoio para culminar meus estudos.

Ao Ing. Jorge Orellana Carrera, pela amizade e pelo apoio durante os anos de preparação acadêmica.

Aos pesquisadores e técnicos do Programa de Palma Africana, pela amizade e parceria em trabalhar pelo palmicultor equatoriano.

Meus sinceros agradecimentos!!!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS	5
CAPÍTULO 1	7
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE ACESSOS DE <i>Elaeis oleifera</i> COLETADOS NA AMAZÔNIA EQUATORIANA	7
RESUMO	7
INTRODUÇÃO	9
MATERIAL DE MÉTODOS	12
2.1. Material vegetal.....	12
2.2. Extração do DNA.....	13
2.3. Amplificação SSRs	13
2.4. Genotipagem com marcadores amplificados e registro	13
2.5. Análises estatísticas.....	14
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	16
4. CONCLUSÕES.....	24
REFERÊNCIAS	25

	Página
CAPÍTULO 2.....	29
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS, PREDIÇÃO E SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE DENDÊ NO EQUADOR.....	29
RESUMO	29
1. INTRODUÇÃO	31
2. MATERIAL DE MÉTODOS	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4. CONCLUSÕES.....	47
REFERÊNCIAS	48

RESUMO

ORTEGA CEDILLO, Digner Santiago, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, junho de 2013. **Diversidade genética e seleção em palma de óleo (*Elaeis oleifera* e *Elaeis guineensis*) no Equador**. Orientador: Cosme Damião Cruz. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Marcos Deon Vilela de Resende.

Este trabalho teve dois objetivos. O primeiro foi quantificar a diversidade genética entre e dentro de acessos coletados na Amazônia equatoriana. Foram utilizados nove marcadores microssatélites, em 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera*. O número de alelos para os nove marcadores variaram de 2 a 5, com um total de 26 alelos, com média de 2,89. O PIC foi de 0,35, indicando que todos os marcadores foram informativos e suficientes para acessar a variabilidade entre e dentro do germoplasma de *E. oleifera*. Sete dos nove marcadores estavam em EHW, demonstrando que o grupo de acessos analisados apresenta estrutura populacional próxima do pressuposto de EHW, com ampla variabilidade entre plantas, sem efeito de endogamia ou amostragem. As 40 plantas foram agrupadas em sete grupos pelo método de Tocher, e plantas oriundas do mesmo acesso foram reunidas em grupos diferentes, indicando variabilidade dentro dos acessos, pelo método de UPGMA, e confirmada pela análise de variância molecular (AMOVA), com 72% da variação entre plantas dentro dos acessos coletados. Portanto, o germoplasma disponível para fins de melhoramento deve priorizar a variabilidade entre plantas e, para coleta, priorizar a variabilidade dentro das plantas (sementes de cacho que foram polinizadas

com pólen de diferentes plantas) em seu ambiente natural. O segundo objetivo foi otimizar o programa de melhoramento do dendê no Equador, com a utilização do método REML/BLUP. Foram testadas 24 famílias de irmãos germanos de Dura x Dura, procedentes de três ensaios, com uma testemunha em cada ensaio e cinco anos de avaliação, sendo avaliadas as características número (NC), peso (PC) e peso médio de cachos (PMC), em delineamento em blocos ao acaso, com 12 plantas por parcela e quatro repetições. A população apresentou variabilidade para as características avaliadas, e o ganho genético das 10 plantas selecionadas representa 43% a mais da média geral. A correlação foi baixa e negativa, e apenas entre NC e PMC, pelo agrupamento de Tocher, foram obtidos seis grupos distintos, em que no grupo IV foram alocadas as famílias selecionadas pelo ranque médio para as três variáveis (3A, 7B e 5C). Cinco medições são necessárias para NC, PC e PMC com eficiência (acurácias acima de 0,50). Concluiu-se que as estimativas obtidas pelo REML/BLUP estimulam a continuidade do programa de melhoramento genético do dendê, com possibilidade de maximização de ganhos genéticos nas gerações futuras.

ABSTRACT

ORTEGA CEDILLO, Digner Santiago, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, June, 2013. **Genetic diversity and selection in oil palm (*Elaeis oleifera* e *Elaeis guineensis*) in Ecuador**. Adviser: Cosme Damião Cruz. Co-Advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro and Marcos Deon Vilela de Resende.

The study had two purposes, the first was to quantify the genetic diversity within and between accessions collected in the Ecuadorian Amazon. On the basis of nine microsatellite markers, 40 plants from *E. oleifera* 16 accessions. The number of alleles for the nine markers varied from two to five, with a total of 26 alleles and a mean of 2.89. The polymorphism information content was 0.35, indicating that all markers were informative and sufficient to access the variability within and between *E. oleifera* accessions. Seven of the nine markers were in Hardy–Weinberg equilibrium (HWE), which shows that the population structure of the analyzed accession group was close to the assumed HWE, with high variability between plants and no inbreeding or sampling effect. The 40 plants were clustered in seven groups by the Tocher method. Seedlings derived from a same accession were grouped separately, indicating variability within the sampled accessions, illustrated by the unweighted pair-group method based on arithmetic averages (UPGMA) and confirmed by analysis of molecular variance (AMOVA), of the total variation, 72% was detected among plants within the sampled accessions. Thus, available germplasm for breeding purposes, the variability between plants should be prioritized

and for the collection of *E. oleifera* germplasm, the variability within plants (seeds of the bunches) in their natural environment. The second purpose was to optimize the oil palm breeding program in Ecuador, we used the REML/BLUP method. Twenty-four families of Dura x Dura full-sib families, developed in three trials were tested, together with one control per test. The evaluation lasted five years and was arranged in a randomized block design with 12 plants per plot and four replications, the traits evaluated were bunch number -BNo, fresh fruit bunch yield- FFBy and average bunch weight - ABWt. The population variability for traits, the genetic gain of the 10 selected plants, was 43% higher than the overall average. The correlation was low and negative only between bunch number and average bunch weight, by Tocher cluster analysis, six groups were formed, and in group IV, families selected by average ranking (3A, 5C and 7B) were allocated. Five annual harvests are required to ensure an accuracy above 0.50. It was concluded that the BLUP estimates are encouraging with a view to a continuous breeding program of oil palm, with the possibility of maximizing genetic gains in future generations.

INTRODUÇÃO GERAL

A palma de óleo pertencente ao gênero *Elaeis*, composto por duas espécies: *Elaeis guineensis* Jacq e *Elaeis oleifera*. O dendezeiro (*E. guineensis* Jacq), planta nativa da África e conhecido como palma africana, “palma aceitera” (nos países de língua espanhola) e “palmier a huile” (nos países de língua francesa), pertence à ordem Palmales e à família Arecaceae, de grande importância econômica, por ser uma das principais fontes de óleo vegetal do mundo. No ano 2010, com 14,99 milhões de hectares de área cultivada, a produção mundial foi de 45,09 milhões de toneladas de óleo de palma, enquanto com 102,38 milhões de hectares a produção de óleo de soja foi de 39,76 milhões de toneladas, ocupando, portanto, o primeiro lugar no mercado internacional de óleos e gorduras vegetais (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION FOR THE UNITED NATIONS, 2012).

Esta espécie é cultivada principalmente na Ásia, na África e nas Américas Central e do Sul (GOMES et al., 2009). A produção mundial de óleo de palma, 86% é aportada pela Malásia e Indonésia e 5% por países de América do Sul (Colômbia, Equador e Brasil). Segundo Fedapal (2011), no Equador a área plantada no ano 2010 foi de 248.199 hectares, dos quais 193.502 hectares estão em produção. O Equador produz 440.000 toneladas de óleo, das quais 210.000 t destinam-se ao consumo interno, sendo o restante para exportação. Estima-se que para 2015 a demanda de óleo vegetal será de 170 milhões de toneladas, sendo 68 milhões de toneladas de óleo de palma.

A espécie *Elaeis oleifera* é encontrada na América tropical úmida e amplamente dispersa desde a América Central e do Sul, em países como Colômbia, Panamá, Costa Rica, Honduras, Nicarágua, Suriname e Brasil, principalmente ao Leste do Estado do Amazonas (HARTLEY, 1988; ESCOBAR, 1982; RAJANAIDU, 1986b). No Equador, o primeiro registro da existência de *Oleifera* foi relatado por Balálev. H, 1985, e posteriormente por Orellana e Barba, no ano 2010, com referência ao relatado por Balálev e com os problemas em plantações de palmeiras na Amazônia pelas doenças, os quais organizaram duas expedições para colheita de material na zona de Morona Santiago. No ano 2004, técnicos do Instituto Nacional Autonomo de Investigaciones Agropecuarias – INIAP realizaram as primeiras colheitas na mesma zona, constituindo-se em fonte importante de material genético para banco de germoplasma.

A *Oleifera* é vista como recurso genético promissor para os programas de melhoramento da palma de óleo, já que representa importante fonte de variabilidade genética e dadas às suas características agrônômicas, como: reduzida taxa anual de crescimento do tronco, conferindo menor porte e acarretando diminuição dos custos de exploração, além de apresentar resistência às doenças que ameaçam a cultura, elevado teor de ácidos graxos insaturados, o que origina maior fluidez ao óleo em condições naturais, permitindo seu aproveitamento para a fabricação de biodiesel (HARTLEY, 1988; MEUNIER, 1975).

O Programa de Palma Africana da Estação Experimental Santo Domingo do INIAP – Equador mantém no banco de germoplasma as duas espécies, que se caracterizam, principalmente, por serem plantas perenes, monoicas, alógamas e diploides com 16 pares de cromossomos ($2n = 32$). Por mais de 40 anos trabalha-se, principalmente, com dendê, classificado em três tipos, em base ao endocarpo dos frutos que apresentam herança monogênica com interação alélica do tipo codominante.

O tipo Dura possui um endocarpo com espessura de 2 a 8 mm (homozigoto Sh^+Sh^+) e com 35% - 55% de mesocarpo; o tipo Pisífera caracteriza-se pela alta esterilidade feminina, e os poucos frutos produzidos não contêm endocarpo (homozigotos Sh^-Sh^-), mas possuem anel de fibra no mesocarpo; e, finalmente, o Tenera (heterozigoto Sh^+Sh^-), com fenótipo intermediário entre os tipos Dura e Pisífera com endocarpo entre 0,5 mm e 4 mm de espessura, apresenta o anel de fibra

e a proporção de mesocarpo no fruto varia de 75% - 85% (CONCEIÇÃO; MÜLLER, 2000), sendo utilizado para plantio comercial.

O dendê, por muito anos, tem apresentado problema de uma doença conhecida como “Amarelecimento Fatal” (AF) no Brasil ou “Pudrición del Cogollo” (PC) nos demais países da América, causando a morte em plantações de centenas de hectares na Colômbia e no Equador (BERGAMINI FILHO et al., 1998; RENARD et al., 1980; HARDON et al., 1985). Apesar dos inúmeros trabalhos, ainda não se identificou o agente causal da doença, sendo importante nos programas de melhoramento identificar genes de resistência para a doença na espécie *Oleifera*.

Trabalhos de caracterização morfológica (BARCELOS, 1986) e de marcadores isoenzimáticos em populações amazônicas foram desenvolvidos (HAYATI, 2002), assim como o uso de marcadores microssatélites (SSRs), na caracterização do germoplasma de *E. oleifera* (SINGH et al., 2008; ZAKI et al., 2010), mas pouco se sabe sobre sua variação ao nível de DNA. A caracterização molecular da diversidade genética é uma abordagem eficiente que fornece informações para a seleção de progenitores em programas de melhoramento, ou a identificação de populações divergentes para fins de conservação e pré-melhoramento. Novas populações melhoradas podem ser formadas pelo cruzamento de plantas depois de conhecidas suas distâncias genéticas, favorecendo novas combinações alélicas (MORETZSOHNET al., 2002).

Para o programa de melhoramento do INIAP, é prioritário seguir com o melhoramento de dendê na seleção das melhores plantas Duras Deli, que são utilizadas como genitores femininos, para cruzamento e recombinação, na seleção de genitores potenciais e na seleção das melhores famílias nos programas de seleção recorrente interpopulacional e seleção recorrente recíproca (COMSTOCKET al., 1949). Alguns ensaios têm sido realizados no banco de germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo, para a seleção das melhores genitoras Duras, utilizando a seleção entre e dentro de famílias e a seleção combinada (ORTEGA et al. 2008a).

Para estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênes, destaca-se a análise de variância (ANOVA) para a decomposição dos quadrados médios (ou variâncias) com base nas suas esperanças matemáticas (CRUZ; CARNEIRO, 2003), e o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada), em que o BLUP é um procedimento que maximiza a acurácia

seletiva, ganho genético e faz eficiente uso de informações de parentes. O REML é um procedimento ótimo de estimação dos componentes de variância, superior ao método da análise de variância (ANOVA) em situações de dados desbalanceados (RESENDE, 2002).

Resende (2002) afirmou que o procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizados na avaliação genética de plantas perenes tem sido o BLUP individual. Esse procedimento consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos (HENDERSON; QUAAS, 1976).

Com base nos antecedentes expostos e com o propósito de buscar alternativas que possam ajudar no incremento da produtividade do dendê, os objetivos deste trabalho são:

1. Quantificar a diversidade genética entre e dentro de acessos de *Elaeis oleífera* coletados na Amazônia equatoriana.
2. Estimar parâmetros, prever ganhos e identificar plantas para a seleção em progênies de dendê, no Equador.

REFERÊNCIAS

BALSLEV, H.; HENDERSON, A. *Elaeis oleifera* (Palmae) encontrada en el Ecuador. Publ. **Mus. Cienc. Nat. Ecuador**, v. 5, p. 45-49, 1986.

BARCELOS, E. **Características genético-ecológicas de populações naturais de caiaué (*Elaeis oleifera* (HBK. Cortés) na Amazônia brasileira**. 1986. 108 f. Dissertação (Mestrado) – Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Fundação Universidade do Amazonas, Manaus, 1986.

BERGAMI, FILHO A.; AMORIM, L.; LARANJEIRA, F. F.; BERGER, R. D.; HAU, B. Análise temporal do amarelecimento fatal do dendezeiro como ferramenta para elucidar sua etiologia. **Fitopatologia Brasileira**, v. 23, p. 391-396 [12.1.7.2], 1998.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v.41, p. 360-367, 1949.

CONCEIÇÃO, H. E. O.; MULLER, A. A. Botânica e morfologia do dendezeiro. In: VIÉGAS, I. J. M.; MULLER, A. A. (Ed.). **A cultura do dendezeiro na Amazônia brasileira**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2000. p. 31-44.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v. 2, 585 p.

ESCOBAR, R. Preliminary results of the collection and evaluation of the American Oil Palm *Elaeis oleifera* (HBK, Cortes) in Costa Rica. In: PUSHPARAJAH, E.; CHEW, P. S. (Ed.). **The oil palm in agriculture in the eighties**. Kuala Lumpur [5.1.7.3]: Incorp. Soc. Planters, 1982. v. 1, p. 79-93.

FEDAPAL. Hacia la responsabilidad social empresarial. Fundación de fomento de exportaciones de aceite de palma y sus derivados de origen nacional. Ecuador. **Revista Palma Aceitera**, v. 5, p. 44, 2011.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **FAOSTAT**: production crops 2010. Available at: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Accessed on: 25 Apr. 2012. [Links].

HARDON, J. J.; RAO, V.; RAJANAIDU, N. A review of oil-palm breeding. In: RUSSELL, G. E. (Ed.). **Progress in plant breeding**. London: Butterworths, 1985. p. 139-163.

HARTLEY, C. W. S. **The oil palm**. 3 rd. edn. London: Longman, 1988. 761 p.

HAYATI, A. **Isozyme variation study in African oil palm (*E. guineensis* Jacq.) germplasm collections**. 2002. MSc. Thesis. University Kebangsaan Malaysia. Malaysia, 2002.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 3, p. 1188-1197, 1976.

MEUNIER, J. Le 'palmier à huile' américain *Elaeis melanococca*. **Oléagineux**, v. 30. p. 51-62 [2.3.1;2.3.2;5.1.7.3], 1975.

MORETZSOHN, M. C.; FERREIRA, M. A.; AMARAL, Z. P. S.; COELHO, P. J. A.; GRATTAPAGLIA, D.; FERREIRA, M. E. Genetic diversity of Brazilian oil palm (*Elaeis oleifera* HBK) germplasm collected in the Amazon Forest. **Euphytica**, v. 124, p. 35-45, 2002.

ORTEGA, D.S.C., FERREIRA, F.M., BARROS, W.S., CRUZ, C.D., DIAS, L.A.S., ROCHA, R.B. Selection among and within and combined selection in oil palm families derived from Dura x Dura. **Ciência Rural**. 2008a.

RAJANAIDU, N. *Elaeis oleifera* Collection in Central and South America. In: **Proc. "Oil palm germplasm and utilization"**. Kuala Lumpur: Palm Oil Res. Inst. Malaysia, 1986b. p. 84-94. [2.3.1;5.1.7.3].

RENARD, J. L.; NOIRET, J. M. ; MEUNIER, J. Sources et gammes de résistance a la fusariose chez les palmiers à huile *Elaeis guineensis* et *Elaeis melanococca*. **Oléagineux**, v. 35, p. 387-393, 1980. [12.1.6.2].

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

SINGH, R.; ZAKI, N. M.; TING, N. C.; ROSLI, R.; TAN, S. G.; LOW, E. T. L.; ITHNIN, M.; CHEAH, S. C. Exploiting an oil palm EST the development of gene-derived and their exploitation for assessment of genetic diversity. **Biologia**, v. 63, p. 1-9, 2008.

ZAKI, N. M.; ISMAIL, I.; ROSLI, R.; CHIN, T. N.; SINGH, R. Development and characterization of *Elaeis oleifera* Microsatellite Markers. **Sains Malaysian**, v. 39, n. 6, 2010.

CAPÍTULO 1

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE ACESSOS DE *Elaeis oleifera* COLETADOS NA AMAZÔNIA EQUATORIANA

RESUMO – O principal objetivo deste estudo foi quantificar a diversidade genética entre e dentro de acessos coletados na Amazônia equatoriana. Foram genotipadas, com base em nove marcadores microssatélites, 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* do banco de germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo, do INIAP-Ecuador. O número de alelos para os nove marcadores variaram de dois a cinco, com um total de 26 alelos e média de 2,89. O PIC foi de 0,35, indicando que todos os marcadores foram informativos. Assim, os marcadores foram suficientes para acessar a variabilidade entre e dentro do germoplasma de *E. oleifera*. O coeficiente médio de endogamia foi -0,03, heterozigose média esperada de 0,41, heterozigose média observada de 0,42 e sete dos nove marcadores estavam em EHW, demonstrando que o grupo de acessos analisados apresenta estrutura populacional próxima do pressuposto de EHW, com ampla variabilidade entre plantas, sem efeito de endogamia ou amostragem. As 40 plantas foram agrupadas em sete grupos pelo método de Tocher. Plantas oriundas do mesmo acesso foram agrupadas em grupos diferentes, indicando variabilidade dentro dos acessos coletados. Essa variabilidade foi ilustrada pelo agrupamento das 40 plantas pelo método de UPGMA e confirmada pela análise de variância molecular (AMOVA), com 72% da variação entre plantas dentro dos acessos coletados. A utilização do germoplasma disponível, para fins de

melhoramento, deve priorizar a variabilidade entre plantas, bem como a coleta de germoplasma de *E. oleifera* deve priorizar a variabilidade dentro das plantas (sementes de cacho que foram polinizadas com pólen de diferentes plantas) em seu ambiente natural.

Termos para indexação: Caiaué; Palma de óleo; Marcadores microssatélites.

INTRODUÇÃO

A palma de óleo, ou dendê, pertencente ao gênero *Elaeis*, composto por duas espécies, *Elaeis guineensis* Jacq. E *Elaeis oleifera*. A primeira é nativa da África e de grande importância econômica, por ser uma das principais fontes de óleo vegetal do mundo, ocupando o primeiro lugar no mercado internacional de óleos e gorduras vegetais, tanto na produção quanto no consumo (FEDAPAL, 2011). *Elaeis oleifera* é encontrada na América tropical úmida e amplamente dispersa, desde as Américas Central e do Sul em países como Colômbia, Panamá, Costa Rica, Honduras, Nicarágua, Brasil, Suriname até o Equador (HARTLEY, 1988; ESCOBAR, 1982; RAJANAIDU, 1986b; BALSLEV, 1986)

O melhoramento genético da espécie *E. guineensis* Jacq tem como ponto de partida uma base genética estreita dos cultivares, limitando enormemente os programas de melhoramento. Os produtores de palma de óleo requerem desempenho superior em características agronômicas, como resistência às doenças, fluidez do óleo, baixa taxa de crescimento e ampla adaptação ecológica, para os quais a variabilidade genética é restrita no germoplasma da espécie (SIMMONDS, 1993).

A espécie *E. oleifera* é vista como recurso genético promissor para os programas de melhoramento da palma de óleo, pois apresenta características importantes, como reduzida taxa de crescimento anual do tronco, conferindo menor porte e diminuição dos custos de exploração. Apresenta também resistência às doenças que ameaçam a cultura, como o “Amarelecimento Fatal” (AF) no Brasil ou “Pudrición del Cogollo” (PC) nos demais países da América. Essa doença é o maior

problema do cultivo de palma na América, causando a morte em plantações de centenas de hectares na Colômbia, Brasil, Equador, Suriname, Costa Rica, Nicarágua e Panamá (BERGAMIN FILHO et al., 1998; RENARD et al., 1980; HARDON et al., 1985; FRANQUEVILLE, 2001). Como característica adicional, encontra-se elevado teor de ácidos graxos insaturados, originando maior fluidez ao óleo em condições naturais, o que permite seu aproveitamento para a fabricação de biodiesel (HARTLEY, 1988; MEUNIER, 1975). Apesar de as duas espécies estarem geograficamente isoladas, podem ser obtidos híbridos interespecíficos compatíveis e férteis, apresentando rendimentos no conteúdo de óleo de até 90%, além de outras características desejáveis (AMBLARD et al., 1995).

A caracterização de recursos genéticos constitui-se importante passo para sua efetiva utilização (SIMMONDS, 1993; MORETZSOHN et al., 2002), ela fornece informações para seleção de genitores e a identificação de populações divergentes para fins de conservação e pré-melhoramento. Populações melhoradas podem ser formadas pelo cruzamento de plantas de elevado desempenho per se e divergentes (MORETZSOHN et al., 2002). No Brasil e na Malásia, trabalhos de caracterização morfológica (BARCELOS, 1986) e por marcadores isoenzimáticos em populações amazônicas foram desenvolvidos (HAYATI, 2002).

Em coleções de germoplasma, principalmente de plantas alógamas com forte atuação de polinizadores, como é o caso de *E. oleifera*, espera-se elevada variabilidade dentro das sementes coletadas no cacho de uma planta. Os marcadores moleculares constituem importante ferramenta para quantificação da variabilidade genética e para sua distribuição entre e dentro de populações (ROBINSON, 1998). Isso porque não são influenciados pelo ambiente, possibilitam obter polimorfismos genéticos em qualquer estágio do desenvolvimento da planta, célula ou tecidos e geram maior informação genética por loco em marcadores codominantes (FALEIRO, 2007).

Moretzsohn et al. (2002), utilizando marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), estimaram a diversidade genética de coleções de germoplasma brasileiras e avaliaram as relações genéticas entre *E. guineensis* e *E. oleifera*. Barcelos et al. (2002), ao estudarem a diversidade genética de *E. oleifera*, identificaram quatro populações distintas com as respectivas origens geográficas, Brasil, Peru, América Central Setentrional e Suriname/Guiana Francesa. Estudos adicionais apresentaram o desenvolvimento de marcadores microssatélites (SSRs) e

sua aplicação na caracterização do germoplasma de *E. oleifera* (SINGH et al., 2008; ZAKI et al., 2010). Araya et al. (2009), usando oito microssatélites na caracterização do banco de germoplasma de *E. oleifera* da empresa ASD de Costa Rica, apresentaram resultados que corroboram os de Barcelos et al. (2002) em relação às quatro populações distintas geograficamente. Nesse mesmo trabalho, os acessos da população oriunda do Equador foram similares à do Brasil. Entretanto, quando se usaram marcadores AFLP, essas populações foram dissimilares.

Na Floresta Amazônica, o germoplasma de *E. oleifera* são encontradas geralmente em pequenas populações perto de rios, em terras férteis e bem drenadas (ANDRADE, 1983; BARCELOS, 1986). No Equador, em razão da grande preocupação com a doença “Pudrición del Cogollo”, em que centenas de hectares com híbridos comerciais de *E. guineensis* estão sendo afetados, o Instituto Nacional Autônomo de Investigações Agropecuárias (INIAP) vem trabalhando na busca de fonte de resistência e outras características de interesse. Pesquisadores da Estação Experimental Santo Domingo, pertencente ao INIAP, realizando três prospecções e coletando sementes de plantas nativas de *E. oleifera* da Amazônia equatoriana, estabeleceram um banco de germoplasma desta espécie.

O objetivo deste trabalho foi quantificar a variabilidade genética entre e dentro de acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana por marcadores microssatélites.

MATERIAL DE MÉTODOS

2.1. Material vegetal

Foram avaliados 16 acessos de *E. oleifera* representados por um total de 40 plantas, do banco de germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo, do INIAP, localizada no km 38, da via Quinindé, situada na longitude 79°20' Leste e latitude 00° 06' Norte, com altitude de 300 m sobre o nível do mar. O germoplasma foi coletado na Província de Morona Santiago, região Amazônica de Taisha, nos anos 2004 e 2006 (Figura 1).

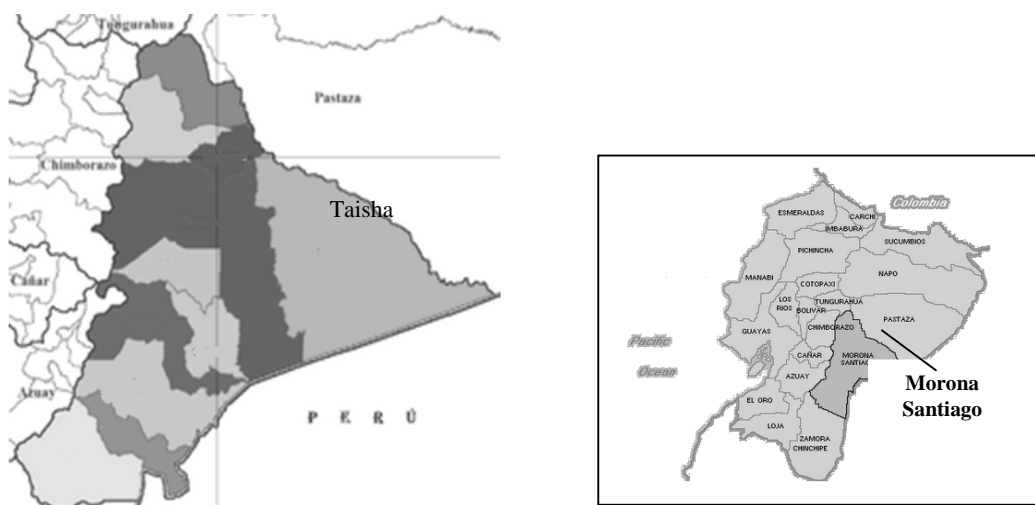


Figura 1 - Localização no Equador da Província de Morona Santiago e de Taisha, onde os acessos de *oleifera* foram coletados.

2.2. Extração do DNA

O DNA genômico foi extraído de 20 g de tecido foliar jovem da parte apical das folhas centrais das plantas avaliadas em cada acesso, utilizando o protocolo CTAB modificado (GRATTAPAGLIA; SEDEROFF, 1994) e sorbitol (MORILLO, 2002). A qualidade e concentração (ng/μl) das amostras de DNA foram analisadas por fluorescência com brometo de etídio (EtBr), mediante eletroforeses horizontal em gel de agarose 1%, no Departamento de Biotecnologia da Estação Experimental Santa Catalina.

2.3. Amplificação SSRs

A reação de amplificação foi realizada com um coquetel em volume final de 10 μl e com uma concentração-tampão de 1X PCR (500 mM Tris pH = 8,5, 10 mM KCl, 2 mM MgCl₂, 500 mg/ml BSA), 1 μM de dNTPS, 0,1 μM de primer Fw-M13, 0,3 μM de primer Rv, 1 μM de M13-IrDye 700 u 800, 0,6 U de Taq e 30 ng de DNA. A amplificação foi realizada em um Termociclador “Biometra T Professional Basic Gradient”, utilizando-se um ciclo de desnaturação inicial a 95 °C por 5 min, seguido de 25 ciclos de amplificação a 94 °C por 20 seg, 50 a 53.5 °C por 30 seg e 72 °C por 30 seg, com um ciclo final de extensão a 72 °C por 3 min. Foram utilizados nove primers SSRs publicados por Singh et al. (2008) e Norziha et al. (2008), em estudo com dendê.

2.4. Genotipagem com marcadores amplificados e registro

O registro de dados foi feito com o auxílio do software SAGA-GT 4200-507 Versão 3.3 (LI-COR BIOSCIENCES), o qual permite a genotipagem automática com algoritmos tipo “allelefinger printing” de autoaprendizagens, não suscetíveis a erro pela presença de “bandas-sombra” utilizando o marcador de talha 350 pb IRD-dye (LICOR). Como produto da leitura e depuração das informações, obteve-se uma matriz de dados genotípicos para cada planta ou amostra analisada com cada primer SSR. Quando o marcador não foi amplificado, ou gerou produtos de difícil interpretação, considerou-se como dado perdido ou “GAPs”, e registrou-se com o sinal “?”. Para os dados perdidos (gaps), foram iniciadas novas amplificações para

reduzir a quantidade de dados faltantes a um máximo de três (genótipos/locos) por amostra.

2.5. Análises estatísticas

Para cada marcador foram estimados o número de alelos, suas frequências, o coeficiente de endogamia (F) e o conteúdo médio de informação polimórfica (PIC).

$$\text{Para a endogamia, utilizou-se o estimador } F = 1 - \frac{H_{\text{obs}}}{H_{\text{esp}}}$$

em que:

H_{obs} = frequência de heterozigotos observada numa população sujeita ao acasalamento entre aparentados dada por $2pq-2\varepsilon$, quando se consideram apenas dois alelos por loco;

$\varepsilon = pqF$, sendo F o coeficiente de endogamia;

H_{esp} = frequência de heterozigotos esperada numa população supostamente em equilíbrio de Hardy e Weinberg (EHW), dada por $2pq$, quando se consideram apenas dois alelos por loco.

Para a estimativa de H_{esp} , foram utilizadas as expressões a seguir:

$$f(\text{Homozigoto}_{\text{sobEHW}}) = \sum_{i=1}^a p_i^2$$

$$f(\text{Heterozigoto}_{\text{sobEHW}}) = H_{\text{esp}} = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2$$

em que:

a = número total de alelos;

p_i = frequência do i -ésimo alelo de cada marcador SSR, com a alelos.

Para o conteúdo médio de informação polimórfica, utilizou-se o estimador proposto por Botstein et al. (1980):

$$\text{PIC} = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{i \neq j} p_i^2 p_j^2$$

Com base nas frequências genotípicas estimadas para os nove marcadores, foi testado o equilíbrio de Hardy-Weinberg pelos testes exato de Fisher, z e qui-quadrado.

Para a análise de diversidade genética entre os acessos foi, inicialmente, estimada a matriz de distâncias genotípicas, pelo índice ponderado (CRUZ et al., 2011):

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

em que:

$p_j = \frac{a_j}{A}$: peso associado ao loco j, determinado por:

a_j = número total de alelos do loco j; e

A = número total de alelos estudados.

Sendo cada elemento expresso pelo complemento do índice de similaridade que leva em consideração a quantidade de alelos em comum para cada par de genótipos, ponderado pelo número total de alelos por marcador.

Na sequência, os acessos foram agrupados pelo método de Tocher. Também foi empregado o método de agrupamento hierárquico, utilizando-se a técnica da ligação média entre grupos UPGMA, para a construção do dendrograma.

Para a quantificação da variabilidade entre e dentro dos acessos, foi utilizada a análise de variância molecular (AMOVA) pelo modelo proposto por Excoffier et al. (1992), cujo esquema de análise é apresentado a seguir:

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	Φ_{ST}
Entre acessos	a-1	SQE	QME	$\sigma_i^2 + \tilde{N} \sigma_p^2$	$\frac{\sigma_p^2}{\sigma_T^2}$
Dentro acessos	N-a	SQD	QMD	σ_i^2	
Total	N-1	SQT	-	σ_T^2	

a: número de acessos; N: número total de plantas; \tilde{N} : média harmônica do número de plantas por acessos

$$\tilde{N} = \frac{N - \sum_i \frac{N_i^2}{N}}{a - 1};$$

σ_i^2 : variância dentro de acessos; σ_p^2 : variância entre acessos; e σ_T^2 : variância total.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados o número de alelos e suas frequências para nove marcadores microssatélites aplicados nas 40 plantas de 16 acessos de *E. oleifera*. O número de alelos por marcador variou de 2 a 5, tendo um total de 26 alelos, com média de 2,89. Resultados similares foram obtidos por Singh et al. (2008) com EST-microssatélites no gênero *Elaeis* (média de 2,56), por Zaki et al. (2012) com 14 marcadores genômicos microssatélites em quatro populações de *E. oleifera* de diferentes países (média de 2,66) e por Araya et al. (2009) com oito marcadores microssatélites também em *E. oleifera* de diferentes países (média de 2,75 e total de 22 alelos). Já Zakiet al. (2010) obtiveram número de alelos por marcador variando de 2 a 11, com média de 5,1, também em *E. oleifera*. Média similar foi obtida por Billotte et al. (2001) com marcadores microssatélites em *E. guineensis*.

Com relação às frequências alélicas, em um total de 26 alelos referentes aos nove marcadores (Tabela 1) observaram-se valores de 0,02 (marcadores PAM5 e PAM14) a 0,96 (PAM2). Para o alelo mais frequente $f(A1)$ de cada marcador foi observada variação de 0,40 (marcador PAM4) a 0,96 (marcador PAM2).

Tabela 1 – Número de alelos e frequências alélicas de nove marcadores microssatélites aplicados em 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana

Marcador	Número de alelos	f(A1)	f(A2)	f(A3)	f(A4)	f(A5)
PAM1	2	0,94	0,06			
PAM2	2	0,96	0,04			
PAM3	2	0,66	0,34			
PAM4	4	0,40	0,26	0,24	0,10	
PAM5	5	0,42	0,36	0,14	0,06	0,02
PAM6	2	0,58	0,42			
PAM7	2	0,60	0,40			
PAM8	3	0,87	0,09	0,04		
PAM14	4	0,73	0,18	0,07	0,02	

A estrutura da população de *E. oleifera*, em termos de heterozigose esperada, observada e máxima esperada, é apresentada na Tabela 2. Os menores valores de heterozigose esperada (0,12 e 0,08) foram para os marcadores PAM1 e PAM2 e os maiores valores (0,71 e 0,67), para os marcadores PAM4 e PAM5. A heterozigose observada variou de 0,0 para o PAM3 a 0,85 para o PAM4. Segundo Frankham (2008), a heterozigose esperada é menos sensível ao tamanho amostral do que a heterozigose observada. Entretanto, apenas em três dos nove marcadores (PAM4, PAM6 e PAM7) a heterozigose observada foi maior que a máxima esperada.

O valor de heterozigose média esperada (0,41) foi similar ao da heterozigose média observada (0,42). Segundo Frankham (2008), em populações sob acasalamento ao acaso as heterozigosidades observadas e esperadas são similares. Assim, esses resultados sinalizam que os acessos avaliados neste estudo estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg para os marcadores aplicados. Araya et al. (2009), em trabalho com o germoplasma Taisha de polinização aberta, obtiveram estimativa de heterozigose média observada (0,33) similar à heterozigose média esperada (0,32). Frankham (2008) ainda comentou que a heterozigose média sobre vários locos é usada para caracterizar a diversidade genética numa espécie.

Tabela 2 – Estimativas das frequências alélicas, heterozigose esperada (H_e), heterozigose observada (H_o), heterozigose máxima, valores de PIC, porcentagem do PIC máximo e valores de endogamia F referentes a nove marcadores microssatélites utilizados em 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana

Marcadores	Frequências alélicas	Heterozigose esperada (H_e)	Heterozigose máxima	Heterozigose observada (H_o)	PIC	% PIC	F
PAM1	0,94	0,12	0,50	0,13	0,11	29	-0,07
PAM2	0,96	0,08	0,50	0,09	0,08	21	-0,05
PAM3	0,66	0,45	0,50	0,00	0,35	92	1,0
PAM4	0,40	0,71	0,75	0,85	0,65	93	-0,21
PAM5	0,42	0,67	0,80	0,53	0,61	79	0,21
PAM6	0,58	0,49	0,50	0,60	0,37	97	-0,23
PAM7	0,60	0,48	0,50	0,81	0,37	97	-0,68
PAM8	0,87	0,24	0,67	0,26	0,22	37	-0,12
PAM14	0,73	0,42	0,75	0,50	0,38	54	-0,18
MEDIA	0,68	0,41		0,42	0,35		-0,03

Segundo Ott (1992), um marcador é polimórfico quando $H_o \geq 0,1$ e altamente polimórfico quando $H_o \geq 0,7$. Observa-se, pela Tabela 2, que dos nove marcadores sete são considerados polimórficos e dois (PAM4 e PAM7) são altamente polimórficos, cabendo ressaltar que esses marcadores apresentaram quatro e cinco alelos, respectivamente. Segundo Frankham (2008), um loco é considerado polimórfico quando a frequência do alelo mais frequente é menor que 0,95. Assim, apenas os marcadores PAM2 e PAM3 apresentaram baixo polimorfismo.

O conteúdo médio de informação polimórfica (PIC) referente aos nove marcadores (Tabela 2) variou de 0,08 (PAM2) a 0,65 (PAM4). Considerando o percentual de informação polimórfica relativa ao PIC máximo, observou-se que para dois alelos os marcadores PAM6 e PAM7 foram os mais informativos e, para quatro e cinco alelos, foram os mais informativos os marcadores PAM4, PAM5 e PAM14. O valor do PIC fornece uma estimativa do poder discriminatório do marcador, por considerar não somente o número de alelos por loco, mas também a frequência relativa desses alelos (CRUZ et al., 2011). Segundo a classificação de Botstein et al. (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,50 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 mediamente informativos e com valores inferiores a 0,25 pouco informativos. Assim, os marcadores PAM4 e PAM5 foram

muito informativos, enquanto os marcadores PAM3, PAM6, PAM7 e PAM14 foram mediamente informativos e os PAM1, PAM2 e PAM8, pouco informativos. Singh (2008), utilizando 10 marcadores microssatélites em palma de óleo, obteve valores de PIC entre 0,19 e 0,84. Em outras palmeiras perenes (*Cocos nucifera* L.), o PIC variou de 0,07 a 0,88 (KUMARET al., 2011).

Para o coeficiente de endogamia (F), sete dos nove marcadores apresentaram estimativas negativas, com valores entre -0,05 e -0,68 (Tabela 2). Com relação aos marcadores PAM5 e PAM3, foram observados valores positivos (0,21 e 1,0, respectivamente) de endogamia. Esses resultados, associados aos valores similares de heterozigose média esperada e observada, indicam que os acessos foram obtidos de plantas sob acasalamento ao acaso (FRANKHAM, 2008).

Três testes diferentes foram aplicados para verificar se os acessos estão em equilíbrio de Hardy–Weinberg (EHW). Para os nove marcadores, consideraram-se apenas dois alelos, A (alelo mais frequente) e a (soma das frequências dos demais alelos) (Tabela 3). Observou-se que a população constituída pelas 40 plantas estava em EHW na maioria dos locos marcadores, exceto nos marcadores PAM3 e PAM7. Segundo Cruz et al. (2011), quando o valor absoluto de z excede 1,96, isso indica que a proporção de homozigotos observados não está em conformidade com a proporção esperada sob hipótese de equilíbrio. Adicionalmente, quando a taxa de desequilíbrio for maior que zero ($DA > 0$), ela indica excesso de homozigotos e quando $DA < 0$, falta de homozigotos. Assim, a nos marcadores PAM7 e PAM3, respectivamente.

A partir da matriz de dissimilaridade, obtida com base nos nove marcadores e pelo índice ponderado, as 40 plantas dos 16 acessos foram agrupadas pelo método de Tocher (Tabela 4). Sete grupos foram formados com 32 das 40 plantas avaliadas, constituindo o grupo I. Assim, as plantas desse grupo foram reagrupadas também pela metodologia de Tocher, resultando em nove subgrupos (Ia - Ii). O grupo II foi formado por três plantas, sendo duas oriundas do acesso 7 e uma do acesso 8. Os demais grupos foram formados por uma planta cada, oriundas de acessos diferentes. De modo geral, observou-se alocação de plantas de um mesmo acesso em grupos diferentes, a exemplo das plantas 6, 5, 7, 28 e 29, entre outras. Esses resultados indicam variabilidade entre plantas dentro de acessos.

Tabela 3 – Resumo dos testes Exato de Fisher [P(N_{Aa}\n_A) e P(Acum)], Qui-Quadrado [(X² e P(X²)] e do desvio da frequência de homocigotos (D_A e z) para o EHW de 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana

Marcador	AA ^{1/}	Aa	aa	Teste exato de Fisher		Teste D _A		Teste qui-quadrado	
				P(N _{Aa} \n _A)	P(Acum)	D _A	z	X ²	P(X ²)
PAM1	34	5	0	0,87	1,0	-0,0	-0,43	0,18	0,67
PAM2	31	3	0	0,96	1,0	-0,0	-0,27	0,07	0,79
PAM4	3	21	10	0,08	0,15	-0,07	-1,70	2,86	0,09
PAM5	6	15	11	0,27	1,0	0,01	0,22	0,05	0,83
PAM6	11	24	5	0,10	0,21	-0,06	-1,44	2,07	0,15
PAM7	6	25	0	0,00	0,00*	-0,16	-3,76*	14,15	0,00*
PAM8	28	10	0	0,51	1,0	-0,02	-0,93	0,87	0,35
PAM14	15	14	1	0,25	0,64	-0,04	-1,06	1,11	0,29
PAM3	23	0	12	0,0	0,0*	0,23	5,92*	35,0	0,0*

Tabela 4 – Agrupamento pelo método de Tocher de 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana

Grupos	Plantas (acessos)
I	<p>Ia 8(a₃), 33(a₁₄), 32(a₁₄), 6(a₂), 5(a₂), 28(a₁₂), 34(a₁₅), 35(a₁₅), 40(a₁₆), 39(a₁₆)</p> <p>Ib 11(a₅), 37(a₁₆), 38(a₁₆), 12(a₅), 15(a₇), 14(a₆), 13(a₆), 29(a₁₂), 16(a₇)</p> <p>Ic 22(a₉), 23(a₉), 26(a₁₁)</p> <p>Id 30(a₁₃), 31(a₁₃)</p> <p>Ie 3(a₁), 4(a₁)</p> <p>If 24(a₁₀), 25(a₁₀)</p> <p>Ig 10(a₄), 36(a₁₅)</p> <p>Ih 19(a₈)</p> <p>Ii 9(a₄)</p>
II	17(a₇), 18(a₇) e 21(a₈)
III	1(a₁)
IV	20(a₈)
V	27(a₁₁)
VI	7(a₂)
VII	2(a₁)

a_j refere-se ao acesso j.

Para visualizar a variabilidade entre os acessos dentro dos grupos, obtidos pela metodologia de Tocher, utilizou-se a dispersão dos acessos pelo método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA) (Figura 2). Considerando o critério de Mojena (1977), com $K = 1,25$, estabeleceu-se um corte em 80% da variação. Com esse corte foram estabelecidos seis grupos que, de modo geral, apresentaram correspondência com aqueles estabelecidos pelo método de Tocher. Apenas diferiram do grupo I, que foi formado por 33 plantas e incluiu o grupo III, estabelecido pelo método de Tocher. Tais resultados evidenciam a existência de variabilidade entre plantas dentro dos grupos.

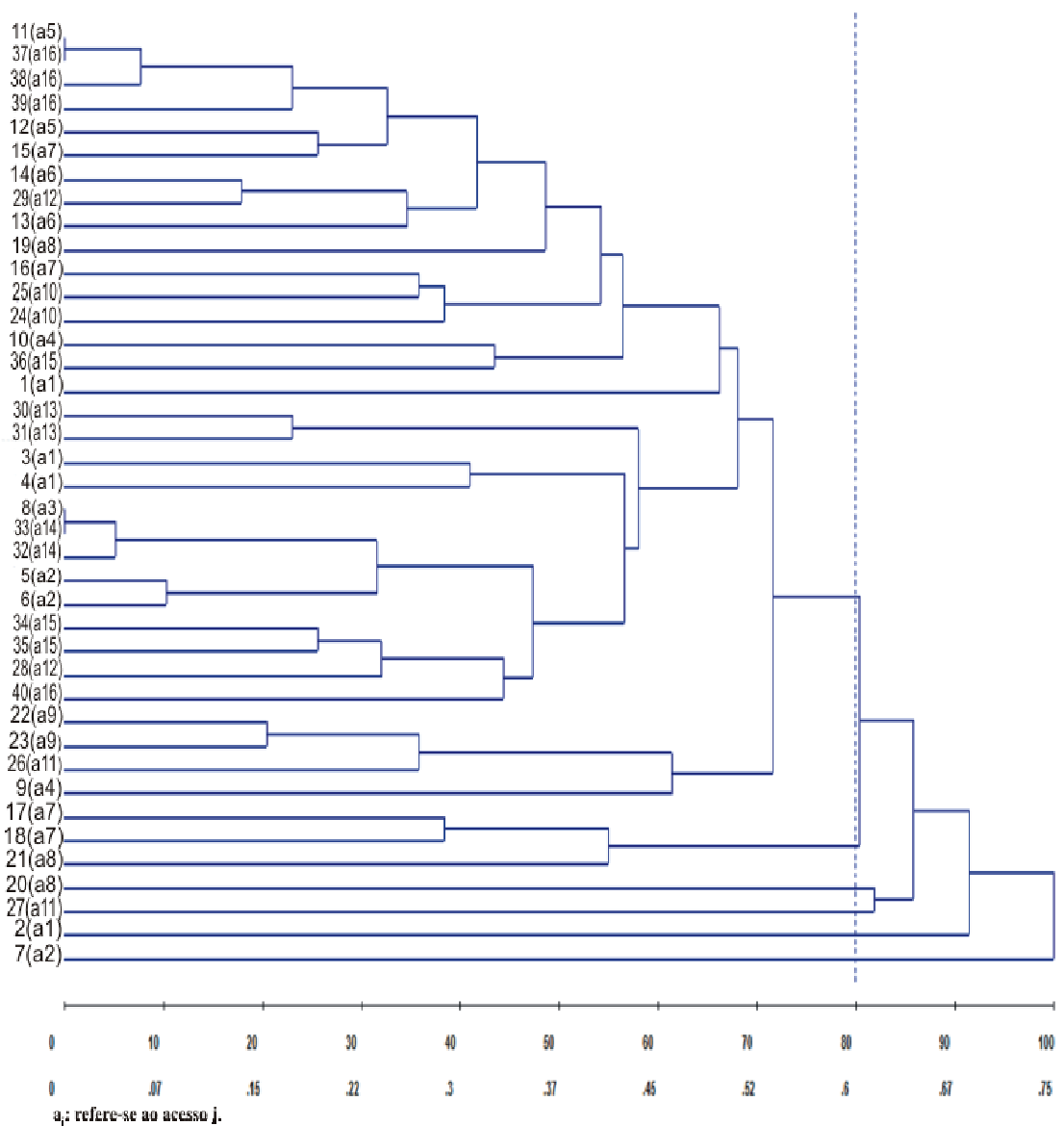


Figura 2 – Dendrograma obtido pelo método de agrupamento de ligação média entre grupos (UPGMA) de 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana.

Na Figura 3 são representados os escores das 40 plantas dos 16 acessos na escala gráfica tridimensional (X, Y e Z), com o propósito de visualizar a variabilidade mediante a distribuição das plantas no plano em relação aos grupos formados. Sem transformação dos dados, a correlação entre as distâncias originais e gráficas foi 0,74, com distorção e estresse acima de 40%. Entretanto, ao utilizar os dados transformados (Potência x2), a correlação entre as distâncias originais e gráficas foi 0,82, apresentando distorção de 5,85% e estresse de 28,38%. Segundo Cruz (2011), a representação gráfica tem sido recomendada quando o valor da correlação entre as medidas de distâncias originais e gráficas for superior a 0,8 e os valores de distorção e estresse, inferiores a 20%.

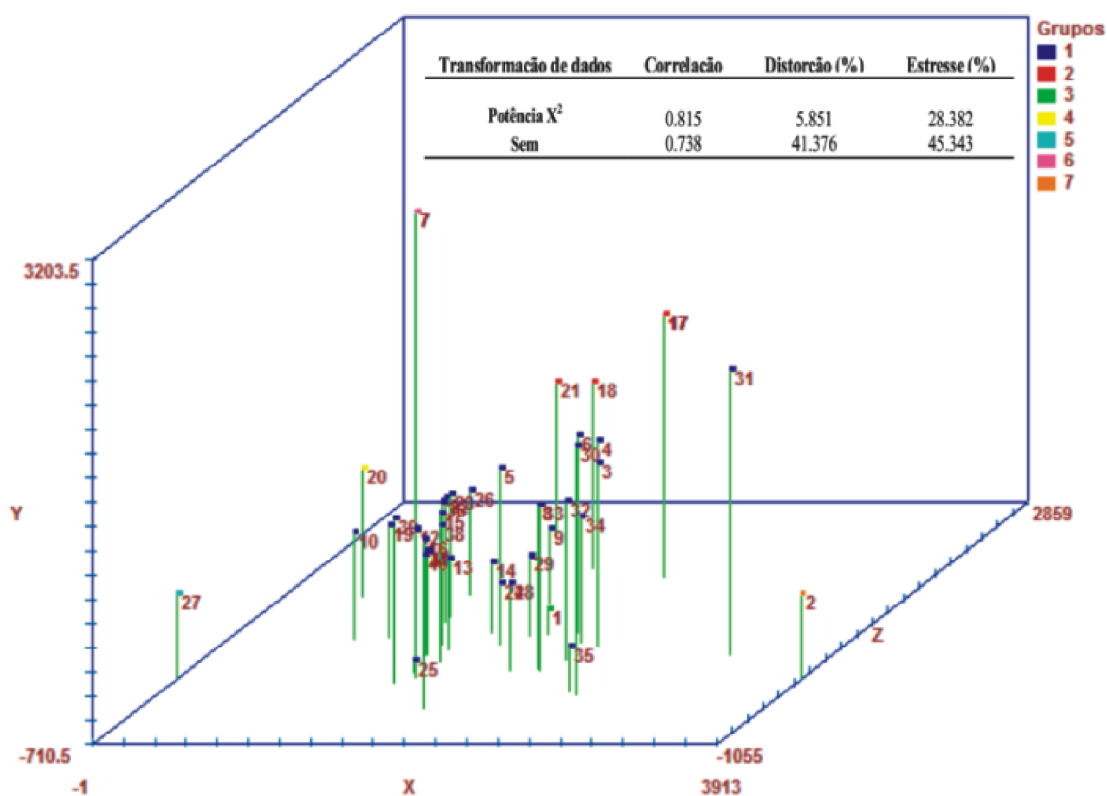


Figura 3 – Dispersão gráfica com projeção 3D, das 40 plantas pertencentes aos 16 acessos de *E. oleifera*. SILVIO, ALINHAR o a DEBAIXO DO D.

Na Figura 3, observa-se a dispersão das 40 plantas agrupadas em sete grupos pelo método de Tocher (Tabela 4), em que 32 plantas dos 16 acessos, identificadas pela cor azul e alocadas no maior grupo (grupo I), indicam variabilidade entre as

plantas dentro do grupo. O mesmo é verificado para as plantas 17(a7), 18(a7) e 21(a8) alocadas no grupo II, que se apresentam dispersas no gráfico. Já as plantas 20(a8), 27(a11), 7(a2) e 2(a1), pertencentes a grupos diferentes, também indicam variabilidade entre grupos.

Pela análise de variância molecular, quantificou-se a variabilidade entre e dentro dos 16 acessos (Tabela 5). Observa-se, nessa tabela, que o valor do quadrado médio entre acessos (0,375) foi superior ao obtido dentro dos acessos (0,189). Cabe ressaltar que o quadrado médio entre também inclui a variação dentro. A decomposição da variabilidade genética total (0,264) em componentes de variância, entre e dentro, resultou em estimativas 0,075 entre acessos e 0,189 dentro dos acessos. Assim, a maior variabilidade genética observada no germoplasma de *E. oleifera* está dentro dos acessos, representando 72% de variabilidade genética total. A estatística phi (Φ_{ST}), proposta por Excoffier et al. (1992), foi 0,282, que também corrobora a maior variabilidade genética dentro dos acessos. Moretzohn et al. (2002), em estudo de diversidade com *E. oleifera* da Floresta Amazônica do Brasil, também obtiveram maior variação dentro das populações que entre elas, tal como é esperado nas espécies alógamas perenes e de vida longa. Esses resultados sinalizam que se deve explorar a diversidade dentro dos acessos de *E. oleifera* priorizando a variabilidade entre plantas, ou seja, considerando cada planta como um diferente acesso. Ainda, cabe ressaltar que tais resultados indicam que, para uma coleta de acessos com maior variabilidade, deve-se preferir colher maior número de sementes de um mesmo cacho, ou planta, do que o mesmo número de sementes de plantas diferentes em seu ambiente natural. Isso porque os polinizadores trazem pólen de plantas distantes na polinização de inflorescência feminina.

Tabela 5 – Análise de variância molecular (AMOVA) das 40 plantas oriundas de 16 acessos de *E. oleifera* coletados na Amazônia equatoriana

Fonte variação	GL	QM	Componentes de variância	% de variação	Φ_{ST}
Entre acessos	15	0,3745	0,075	28,2	0,282
Dentro de acessos	24	0,1895	0,189	71,8	
Total	39	0,2606	0,264		

4. CONCLUSÕES

- O grupo de acessos analisados apresenta estrutura populacional próxima do pressuposto de EHW com ampla variabilidade entre plantas, sem efeito de endogamia ou amostragem.

- Os marcadores utilizados neste trabalho foram, de modo geral, suficientes para acessar a variabilidade entre e dentro de *E. oleifera*.

- A maior variabilidade genética observada no germoplasma de *E. oleifera* está dentro dos acessos.

- A utilização do germoplasma disponível, para fins de melhoramento, deve priorizar a variabilidade entre plantas dos acessos.

- A coleta de acessos de *E. oleifera* deve priorizar a variabilidade dentro do cacho, ou planta, em seu ambiente natural.

REFERÊNCIAS

AMBLARD, P.; NOIRET, J. M.; KOUAMÉ, B.; POTIER, F.; ADON, B. Performances comparées des hybrides interspécifiques et du matériel commercial *E. guineensis*. **Oléagineux. Corps Gras et Lipides**, Montpellier, v. 2, p. 335-340, 1995.

ANDRADE, E. B. **Relatório de expedição para coleta de germoplasma de caiaué (*Elaeis oleífera* (H.B.K.) Cortés), na Amazônia brasileira**. Manaus: EMBRAPA/CNPSD (atual CPAA), 1983.

ARAYA, E.; ALVARADO, A.; ESCOBAR, R. **Use of DNA markers for fingerprinting compact clones and determining the genetic relationship between *Elaeis oleífera* germplasm origins**. San José, ASD. Costa Rica: Agricultural Services & Development, 2009. 21 p.

BALSLEV, H.; HENDERSON, A. *Elaeis oleífera* (Palmae) encontrada en el Ecuador. **Publ. Mus. Cienc. Nat. Ecuador**, v. 5, p. 45-49, 1986.

BARCELOS, E. **Características genético-ecológicas de populações naturais de caiaué (*Elaeis oleífera* (HBK. Cortés) na Amazônia brasileira**. 1986. 108 f. Dissertação (Mestrado) – Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Fundação Universidade do Amazonas, Manaus, 1986.

BARCELOS, E. et al. Genetic diversity and relationship in american and african oil palm as revealed by RFLP and AFLP molecular markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 8, p. 1105-1114, 2002.

BAUDOIN, L. Utilisation des marqueurs moléculaires pour l'amélioration du palmier à huile. I – Marqueurs protéiques. **Oléagineux**, v. 47, p. 681-691, 1992.

BERGAMI, FILHO A.; AMORIM, L.; LARANJEIRA, F. F.; BERGER, R. D.; HAU, B. Análise temporal do amarelecimento fatal do dendezeiro como ferramenta para elucidar sua etiologia. **Fitopatologia Brasileira**, v. 23, p. 391-396 [12.1.7.2], 1998.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**, v. 32, p. 314-331, 1980.

CRUZ, C. D. **Programa genes**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. 278 p.

CRUZ, C.; FERREIRA, F.; PESSONI, L. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620 p.

ESCOBAR, R. Preliminary results of the collection and evaluation of the American Oil Palm *Elaeis oleifera* (HBK, Cortes) in Costa Rica. In: PUSHPARAJAH, E.; CHEW, P. S. (Ed.). **The oil palm in agriculture in the eighties**. Kuala Lumpur: Incorp. Soc. Planters, 1982. v. 1. p 79-93 [5.1.7.3].

EXCOFFIER, L. P.; SMOUSE, QUATTRO, J. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, v. 131, p. 479-491, 1992.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genéticos** – Moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p.

FEDAPAL. Palma aceitera. Hacia la responsabilidad social empresarial. Fundación de fomento de exportaciones de aceite de palma y sus derivados de origen nacional. **Revista**, Ecuador, v. 5, p. 44, 2011.

FISHER, R. A. The logic of inductive inference. **J. Roy. Stat. Soc.**, v. 98, p. 39-54, 1935.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de genética da conservação**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2008. 280 p.

FRANQUEVILLE, H. **La pudrición del cogollo de la palma aceitera en América Latina**: revisión preliminar de hechos y logros alcanzados. [S. l.]: CIRAD, Departamento de Cultivos Perennes, 2001. 41 p.

GRATTAPAGLIA, D.; SEDEROFF, R. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: Mapping strategy and RAPD markers. **Genetics**, v. 137, p. 1121-1137, 1994.

HALDANE, J. B. S. An exact test for randomness of mating. **Journal of Genetics**, v. 52, p. 631-635, 1954.

HARDON, J. J.; RAO, V.; RAJANAIDU, N. A review of oil-palm breeding. In: RUSSELL, G. E. (Ed.). **Progress in plant breeding**. London: Butterworths, 1985. p. 139-163.

HARTLEY, C. W. S. **The oil palm**. 3 rd. edn. London: Longman, 1988. 761 p.

HAYATI, A. **Isozyme variation study in african oil palm (*E. guineensis* Jacq.) germplasm collections**. 2002. MSc. Thesis – University Kebangsaan Malaysia, Malaysia, 2002.

KUMAR, S. P.; MANIMEKALAI, R.; KUMARI, B. D. Microsatellite marker based characterization of South Pacific Coconut (*Cocos nucifera* L.) accessions. **International Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 5, n. 1, p. 34-43, 2011.

LEVENE, H. On a matching problem arising in genetics. **Annals of Mathematical Statistics**, v. 21, p. 91-94, 1949.

MEUNIER, J. Le ‘palmier à huile’ américain *Elaeis melanococca*. **Oléagineux**, v. 30, p. 51-62, 1975. [2.3.1;2.3.2;5.1.7.3].

MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.

MORETZSOHN, M. C.; FERREIRA, M. A.; AMARAL, Z. P. S.; COELHO, P. J. A.; GRATTAPAGLIA, D.; FERREIRA, M. E. Genetic diversity of brazilian oil palm (*Elaeis oleifera* HBK) germplasm collected in the Amazon Forest. **Euphytica**, v. 124, p. 35-45, 2002.

MORILLO, E. **Protocolos de marcadores moleculares**. Quito, Ecuador: Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos y Biotecnología del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, 2002.

NORZIHA, A.; RAFII, M.; MAIZURA, I.; GHIZAN, S. Genetic Variation among oil palm parent genotypes and their progenies based on microsatellite markers. **Journal of Oil Palm, Research**, v. 20, p. 533-541, 2008.

RAJANAIDU, N. *Elaeis oleifera* Collection in Central and South America. In: **Proc. “Oil palm germplasm and utilization”**. Kuala Lumpur: Palm Oil Res. Inst. Malaysia, 1986b. p. 84-94. [2.3.1;5.1.7.3].

RENARD, J. L.; NOIRET, J. M.; MEUNIER, J. Sources et gammes de résistance a la fusariose chez les palmiers à huile *Elaeis guineensis* et *Elaeis melanococca*. **Oléagineux**, v. 35, p. 387-393, 1980. [12.1.6.2].

ROBINSON, I. P. Aloenzimas na genética de populações de plantas. In: ALFENAS, A. C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1998. Cap. 7, p. 329-380.

SIMMONDS, N. W. Introgression and incorporation: strategies for the use of crop genetic resources. **Biological Review**, New York, v. 68, p. 539-562, 1993.

SINGH, R.; ZAKI, N. M.; TING, N. C.; ROSLI, R.; TAN, S. G.; LOW, E. T. L.; ITHNIN, M.; CHEAH, S. C. Exploiting an oil palm EST the development of gene-derived and their exploitation for assessment of genetic diversity. **Biologia**, v. 63, p. 1-9, 2008.

ZAKI, N. M.; ISMAIL, I.; ROSLI, R.; CHIN, T. N.; SINGH, R. Development and characterization of *Elaeis oleifera* Microsatellite Markers. **Sains Malaysian**, v. 39, n. 6, 2010.

ZAKI, N. M.; SINGH, R.; ROSLI, R.; ISMAIL, I. *Elaeis oleifera* genomic-SSR markers: exploitation in oil palm germplasm diversity and cross-amplification in Areaceae. **International Journal Molecular Sciences**, v. 13, p. 4069-4088, 2012.

CAPÍTULO 2

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS, PREDIÇÃO E SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE DENDÊ NO EQUADOR

RESUMO – Com o objetivo de otimizar o programa de melhoramento do dendê no Equador, procedeu-se à estimação de parâmetros genéticos e à seleção dos melhores indivíduos provenientes das famílias de irmãos germanos de Dura x Dura, ao estudo da correlação entre caracteres e o agrupamento de famílias pela dissimilaridade multivariada e à determinação do número de medidas repetidas necessárias para a seleção das características número (NC), peso (PC) e peso médio de cachos (PMC), com a utilização do método REML/BLUP. Foram testadas 24 famílias procedentes de três ensaios, com uma testemunha em cada ensaio do Banco de Germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo, do INIAP, em cinco anos de avaliação. O delineamento foi de blocos ao acaso com 12 plantas por parcela e quatro repetições. A população apresentou variabilidade para as características avaliadas e herdabilidades de indivíduos no bloco próxima à encontrada dentro de famílias nas parcelas. O ganho genético das 10 plantas selecionadas representa 43% a mais da média geral, sendo sete plantas oriundas do cruzamento 14-269D x 2-263D. A correlação foi baixa e negativa apenas entre NC e PMC. Com base no agrupamento de Tocher, obtiveram-se seis grupos distintos, em que no grupo IV foram alocadas as famílias selecionadas pelo ranque médio multivariado (3A, 7B e 5C) e, pelo valor genético, selecionadas 10 plantas para novo ciclo de melhoramento. O número de

colheitas anuais necessárias para NC, PC e PMC para selecionar com eficiência (acurácias acima de 0,50) foram de cinco medições. Conclui-se que as estimativas obtidas pelo BLUP estimularam a continuidade do Programa de Melhoramento Genético do Dendê, com possibilidade de maximização de ganhos genéticos nas gerações futuras.

Termos para indexação: Dendê; Parâmetros genéticos; BLUP; Agrupamentos; Índice de seleção.

1. INTRODUÇÃO

O dendezeiro (*Elaeis guineenses* Jacq.), conhecido como palma-africana, “palma-aceitera” (nos países de língua espanhola) e “palmier a huile” (nos países de língua francesa), pertence à ordem Palmales e à família Arecaceae. É cultivado principalmente na Ásia, na África e nas Américas Central e do Sul (GOMES et al., 2009).

No Equador, a área plantada com palma, em nível nacional, no ano 2010 foi de 248.199 hectares, dos quais 193.502 hectares estão em produção. Entre as principais províncias, destacam-se Esmeraldas (152.679 ha), Os Rios (31.276 ha), Sucumbios e Orellana (24.102 ha), Pichincha (16.363 ha), Santo Domingo (16.364 ha), Guayas (4.195 ha), Cotopaxi (1.280 ha), Manabi (1.237 ha), Bolívar (155 ha) e Imbabura (23 ha) (ANCUPA, 2010).

A produção mundial de palma é atribuída, em grande parte, aos cultivos na Malásia e Indonésia, com 86% e 5%, respectivamente, por países da América do Sul (Colômbia, Equador e Brasil). Segundo Fedapal (2011), o Equador produziu 440.000 toneladas (t) de óleo, sendo 210.000 t destinadas ao consumo interno e 230.000 t para exportação. Para o ano 2050, a demanda mundial de óleo vegetal será de 240 milhões de toneladas (CORLEY, 2009), sendo a demanda por óleo de palma de 68 milhões de toneladas.

O dendezeiro apresenta rendimentos médios de 3.000 a 5.000 kg de óleo/ha/ano. O óleo é obtido da polpa (mesocarpo) dos frutos, e o rendimento representa 22% do peso de fruta fresca dos cachos e 2% em óleo de palmiste (amêndoa), com rendimentos médios de 300 a 500 kg/ha/ano de óleo. Este é utilizado

na fabricação de margarina, manteiga vegetal, óleo de cozinha e em frituras e, também, como combustível em motores a diesel (biodiesel). Na indústria siderúrgica é empregado na fabricação de laminados de aço e de ferro branco. O óleo de palmiste, por sua alta qualidade e elevados teores de ácidos láurico e mirístico, é utilizado na fabricação de sabonetes, detergentes, pomadas, maioneses e outros (KITAMURA, 1990).

O dendê apresenta três tipos de plantas que são classificadas, segundo a espessura do endocarpo, em: Dura, que produz frutos com endocarpo espesso; Pisífera, com frutos sem endocarpo e, no geral, abortivos; e Tenera, que possui frutos com endocarpo fino e com maior proporção de mesocarpo no fruto do que as plantas do tipo Dura (FERREIRA et al., 2012).

Os programas de melhoramento de dendê utilizam dois tipos de genitores, sendo as plantas do tipo Dura utilizadas como genitor feminino e as do tipo Pisífera, como genitor masculino, para obter o híbrido Tenera. A população de Dura Deli tem sua origem em apenas quatro palmas do Jardim Botânico de Bogor, na Indonésia (RONSENQUIST, 1985). As plantas selecionadas de Dura são utilizadas, principalmente, como genitores para cruzamentos e recombinação em programas de seleção recorrente intrapopulacional e seleção recorrente recíproca (COMSTOCK et al., 1949). Segundo Meunier e Gascon (1972), o esquema geralmente empregado no melhoramento de dendê por seleção recorrente recíproca (SRR) envolve as plantas Duras e Pisíferas. Em dendê, os primeiros resultados apresentados com o uso de SRR foram relatados por Gascon et al. (1988) e Cochard et al. (1993).

Segundo Cruz e Carneiro (2003), o melhoramento genético depende do acerto na escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações. A seleção dos indivíduos superiores é feita com base em várias características, as quais podem ser genética e fenotipicamente correlacionadas. O viés de seleção pode ocorrer se tais características forem analisadas individualmente (POLLAK et al., 1984; IM et al., 1989). A seleção deve ser feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação, sendo necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva para a predição de ganhos, partindo-se de estratégias baseadas na reprodução sexuada (ROCHA et al., 2006). No programa de melhoramento genético de dendê é essencial conhecer o controle genético da característica peso total de cachos por planta, por ser o principal determinante da produtividade do dendê (OKWUAGWU et al., 2008; OKOYE et al., 2009).

Em ensaios realizados no banco de germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo, do INIAP, para a seleção das melhores genitoras Duras, foram utilizadas a seleção entre e dentro de famílias e a seleção combinada (ORTEGA et al., 2008a).

Para estimação dos parâmetros genéticos em testes de progênes, destacam-se a análise de variância (ANOVA) e a decomposição dos quadrados médios com base nas suas esperanças matemáticas (CRUZ; CARNEIRO, 2003), bem como o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada). O BLUP é um procedimento que utiliza as informações entre parentes e maximiza a acurácia seletiva, proporcionando maiores ganhos genéticos. O REML é um procedimento ótimo de estimação dos componentes de variância, superando o método da análise de variância (ANOVA) em situações diversas, principalmente com dados desbalanceados (RESENDE, 2002).

A predição de valores genéticos usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos na população-base não selecionada. Entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros valores dos componentes de variância, que são estimados com o procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), o qual interage nas equações de modelos mistos do procedimento BLUP.

Resende (2002) afirmou que o procedimento adequado para a predição dos valores genéticos utilizados na avaliação genética de plantas perenes tem sido o BLUP individual. Isso porque tal procedimento consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas, por meio de metodologia de modelos mistos (HENDERSON; QUAAS, 1976).

Com base no exposto, este trabalho teve como objetivo otimizar o Programa de Melhoramento do Dendê no Equador, por meio da estimação de parâmetros genéticos e seleção dos melhores indivíduos provenientes das famílias de irmãos germanos do material Dura x Dura, do estudo da correlação entre caracteres, do agrupamento de famílias pela dissimilaridade multivariada e da determinação do número de medidas repetidas necessárias para a seleção das características número de cachos, peso de cachos e peso médio de cachos, com a utilização do método REML/BLUP.

2. MATERIAL DE MÉTODOS

Para este estudo foram utilizados dados de cinco anos de avaliação de famílias de irmãos germanos de Dendê (*Elaeis guineensis*, Jacq), procedente do banco de germoplasma da Estação Experimental Santo Domingo do INIAP, Equador, localizado no km 38 da via Santo Domingo-Quinindé, situada na longitude 79°20'Oeste e latitude 00° 06' Norte, com altitude de 300 m sobre o nível do mar.

O delineamento empregado foi blocos casualizados, em parcelas de 12 plantas, quatro repetições e espaçamento de 9 m x 9 m, de maneira triangular. Foram testadas 24 famílias procedentes de três ensaios, nos lotes 3A (12 famílias), 13B (9 famílias) e Caseta (6 famílias) de irmãos germanos do tipo Dura x Dura, com uma testemunha em cada ensaio. As características avaliadas foram: número de cachos, peso de cachos e peso médio de cachos.

Os valores genotípicos de cada caráter avaliado foram obtidos a partir do procedimento REML – Máxima Verossimilhança Restrita, aplicada ao modelo linear misto e da predição dos valores genéticos pelo procedimento BLUP – Melhor Predição linear não viesada. Dessa forma, para avaliação das 27 famílias (incluídas as testemunhas), foi utilizado o programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007). Adotou-se o modelo estatístico: $y = X\beta + Za + Wc + Tp + e$, em que y é o vetor de dados, β é o vetor dos efeitos fixos (médias de bloco, ensaio e ano) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios), c é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatório), p é o vetor dos efeitos permanentes de plantas (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros

ou resíduos (aleatórios). As letras X, Z, W e T são matrizes de incidência para β , a, c e p, respectivamente. As distribuições e estruturas de médias e variância são:

$$y | \beta, V \sim N(X\beta, V)$$

$$a | A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$c | \sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$p | \sigma_p^2 \sim N(0, I\sigma_p^2)$$

$$e | \sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

cujas equações do modelo misto são:

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

$$\lambda_1 = \frac{1-\rho}{h_a^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}; \lambda_2 = \frac{1-\rho}{c^2} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2}; \lambda_3 = \frac{1-\rho}{(\rho - h_a^2 - c^2)} = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2};$$

$$\rho = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{repetibilidade individual,}$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito,}$$

$$c^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação de parcela e}$$

$$p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos permanentes.}$$

Devido à existência de desbalanceamento no experimento, realizou-se a análise de Deviance (ANADEV), empregando o teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As Deviances, com o modelo completo e o modelo reduzido, foram obtidas com o uso do modelo com e sem os valores de h^2 , c^2 e p^2 estimados, para cada variável, obtendo-se, pela subtração da Deviance dos modelos reduzidos em relação àquelas do modelo completo, os LRT, que foram testados pelo qui-quadrado a um grau de liberdade de 1 e 5% de probabilidade.

Pelo REML individual foram obtidos os parâmetros genéticos V_g : variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, $(1/2)$ da variância genética aditiva mais $(1/4)$ da variância genética de dominância, ignorando epistasia; V_{parc} : variância ambiental entre parcela; V_{perm} : variância dos efeitos permanentes; V_{dentro} : variância residual dentro de parcela; V_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito, ignorando a fração $(1/4)$ da variância genética de dominância; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; c^2_{perm} : coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; h^2_{gd} : herdabilidade dentro de parcela, ignorando a fração da variância genética de dominância; CV_e : coeficiente de variação residual; CV_g : coeficiente de variação genotípica entre progênes; e CV_r : coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e).

Para seleção das melhores famílias, foi considerada a variável peso de cachos. Posteriormente, para aumentar a eficiência da seleção foi levada em consideração a seleção simultânea das três variáveis em estudo, para a qual se utilizou o índice de seleção com base na média dos ranques (MULAMBA; MOCK, 1978), em que se hierarquizaram as 27 famílias, incluindo as três testemunhas, por meio da atribuição de valores genéticos para cada uma das características, associado ao índice de ranque médio. As famílias foram ordenadas pelos menores ranques médios.

Estudaram-se, também, as correlações genotípicas entre as três características avaliadas. Foi feita a análise de agrupamento pelo método de Tocher (RAO, 1952) e descrita em detalhes por Cruz e Regazzi (1994). Utilizou-se, como medida de dissimilaridade entre fenótipos, a distância euclidiana média genética. Além disso, foram determinados a repetibilidade, a eficiência das colheitas durante os cinco anos de avaliação e os valores da acurácia atingida, em cada uma das características.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de Deviance (ANADEV) foi realizada considerando o modelo ajustado para os efeitos de genótipo, de parcela e permanente que, mediante o teste da razão de verossimilhança (LTR), demonstraram ser significativos a 1% e 5% de probabilidade, pelo teste de qui-quadrado, para as características número (NC), peso (PC) e peso médio de cachos (PMC) de dendê (Tabela 1). O efeito significativo de genótipo indica a existência de variabilidade genética entre as 27 famílias avaliadas nos três ensaios, para as três características em estudo. Com relação ao efeito de parcela, também foram demonstradas diferenças ambientais significativas entre parcelas em cada repetição e ensaio. A análise evidenciou a existência de diferenças permanentes altamente significativas ($P < 0,01$) (ambiente permanente e efeitos não aditivos) entre os indivíduos ao longo dos cinco anos de avaliação (Tabela 1).

A média geral estimada, com o respectivo desvio, para a característica NC foi $8,8 \pm 0,89$; para o PC, $96,09 \pm 15,58$ kg; e $11,42 \pm 2,39$ kg para o PMC, durante os cinco anos de avaliação (Tabela 1). Lopes et al. (2012), em estudo com híbridos de caiaué com dendezeiro, apresentaram valores de médias para NC igual a 7,06, para PC igual a 99,3 e para PMC igual a 13,46. Cabe ressaltar que esses caracteres foram avaliados do sétimo ao décimo terceiro ano.

Tabela 1 – Análise de Deviance (ANADEV) para as variáveis número, peso e peso médio de cachos, procedentes dos três ensaios de progênes de irmãos germanos Dura x Dura

Efeito	Número de cachos (NC)		Peso de cachos (PC)		Peso médio cachos (PMC)	
	Deviance	LRT (Qui-quadrado)	Deviance	LRT (Qui-quadrado)	Deviance	LRT (Qui-quadrado)
Genótipo	21421,801 ⁺	25,221**	50651,953 ⁺	43,91**	21783,214 ⁺	104,20**
Parcela	21465,724 ⁺	69,144**	50662,926 ⁺	54,88**	21701,741 ⁺	22,73**
Permanente	21534,179 ⁺	137,599**	50847,065 ⁺	239,02**	22311,919 ⁺	632,90**
Modelo Completo	21396,580		50608,045		21679,015	
Média geral		8,8		96,09		11,42
Variância		0,79		242,72		5,70
Desvio		0,89		15,58		2,39

Qui-quadrado tabelado: 3.84 e 6.63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

+ Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos.

Para a característica peso de cachos, os desvios foram maiores, uma vez que essa característica depende de outras características (número de espiguetas, número de flores por espiguetas, porcentagem de frutificação, peso médio do fruto e peso da estrutura ou pedúnculo) e das condições ambientais (BROEKMANS, 1957b) e da eficiência da polinização (WONG; HARDON, 1971).

Para a variância genotípica entre famílias para NC, a estimativa foi 1,11, para peso de cachos 309 e para o peso médio de cachos 6,52, apresentando 7%, 11% e 27%, respectivamente, da variância total (Tabela 2). Lopes et al. (2012), trabalhando com híbridos de caiaué com dendê, estimaram variâncias genotípicas 3,24 para NC, 554,28 para PC e 5,92 para PMC.

Para a variância de parcela, as estimativas foram inferiores a 5% da variância total, para as três características em estudo, indicando bom controle ambiental nas parcelas. Porém, a variância permanente apresentou estimativas para número de cachos 1,91 e para peso de cachos 436,66, em que cada uma representa menos do que 15% da variabilidade total. Para peso médio de cachos, a variância permanente foi 5,08, que representa 21% da variabilidade total. De maneira geral, evidencia-se a existência de diferença nas plantas ao longo dos anos de avaliação nas colheitas, em grande parte pela influência do ambiente. Esse resultado é concordante com os de Corley e Gray (1976b), que explicaram que o peso de cachos nos primeiros anos é de 5 kg, mas aos 15 anos chega a 25 kg; quanto ao número de cachos, com o passar dos anos a tendência é diminuir (LIM; CHAN, 1998).

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos para as variáveis número, peso e peso médio de cachos, procedentes dos três ensaios de progênes de irmãos germanos Dura x Dura

Estimativas de parâmetros	Número de cachos	Peso de cachos	Peso médio
Vg	1,11	309,00	6,52
Vparc	1,0	151,10	0,80
Vperm	1,91	436,66	5,08
Vdentro	12,67	2004,88	11,82
Vf	16,69	2901,65	24,21
h ² a	0,133±0,019	0,21±0,024	0,54±0,04
C ² parc	0,059	0,052	0,033
C ² perm	0,11	0,15	0,21
h ² gd	0,088	0,15	0,55
CVe(%)	10,11	16,21	20,93
CVg(%)	11,97	18,29	22,36
CVr	1,18	1,13	1,07

Vg: variância genotípica entre progênes de irmãos germanos, (1/2) da variância genética aditiva, mais (1/4) da variância genética de dominância, ignorando a epistasia; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Vperm: variância dos efeitos permanentes; Vdentro: variância residual dentro de parcela; Vf: variância fenotípica individual; h²a: herdabilidade individual no sentido restrito, ignorando a fração (1/4) da variância genética de dominância; C²parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas; C²perm: coeficiente de determinação dos efeitos permanentes; h²gd: herdabilidade dentro de parcela, ignorando a fração da variância genética de dominância; CVe: coeficiente de variação residual; CVg: coeficiente de variação genotípica entre progênes; e CVr: coeficiente de variação relativa (CVg/CVe).

Com relação à variância fenotípica dentro de parcela, houve estimativas de 12,7 para NC, 2004,9 para PC e 11,82 para PMC, que representam, com relação à variância total, 76%, 69% e 49%, respectivamente, indicando que a maior variabilidade está dentro das parcelas e que isso se deve aos efeitos ambientais dentro de cada parcela distribuída nos três ensaios (distanciamento entre plantas).

Verifica-se, na Tabela 3, que a herdabilidade em sentido restrito ou de natureza aditiva para a variável NC foi de 13,3%, considerada de magnitude relativamente baixa em relação à encontrada por Lopes et al. (2012), que foi de 38%. Para a variável peso de cachos, foi de 21%. Soh et al. (2003) relataram herdabilidade para peso de cachos de 0,22 a 0,36, enquanto Lopes et al. (Idem) relataram valores estimados de 31%. Para peso médio de cachos, foi de 54% maior que a estimada por Lopes et al. (Idem), que foi de 31%. De acordo com essas estimativas, pode-se recomendar, prioritariamente, que o programa de melhoramento leve em consideração, para a seleção das melhores plantas e a obtenção de aumento de ganho genético, as características peso e peso médio de cachos. No entanto, deve-se mencionar que a variabilidade genética na população é baixa, em razão da base genética estreita do dendê. Corley e Tinker (2009) comentaram sobre a perda da

variação genética em populações de dendê Dura Deli após gerações de seleção com base genética limitada. Soh (1994), usando REML, encontrou valores de herdabilidade individual, no sentido restrito, de 35% para número de cachos e 20% para peso de cachos.

Observou-se, também, que a herdabilidade dentro de parcelas foi menor para número e peso de cachos (8,8% e 15%, respectivamente), mas para peso médio de cachos foi similar à encontrada entre famílias. Tal fato demonstra que, para as duas primeiras variáveis, a variância dentro estava influenciada pelo ambiente, dificultando a seleção dos melhores indivíduos. No caso do peso médio de cachos, verificou-se que estava relacionada ao número e peso de cachos. Sparnaaij (1969), Ooi et al. (1973) e Van der Vossen (1974) relataram que o número de cachos tem correlação negativa com o peso médio do cachos. Portanto, seria mais conveniente utilizar a herdabilidade aditiva, que é mais eficiente na seleção dos indivíduos com base entre as melhores famílias do que a seleção dentro de famílias.

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) (Tabela 3) foi de baixa magnitude (0,06 para NC, 0,05 para PC e 0,03 para PMC), revelando que o delineamento experimental utilizado foi adequado e que a homogeneidade dentro dos blocos foi atendida. O efeito permanente dentro de parcela reflete as variações de ambiente entre parcelas dentro de blocos. A parte relativa ao ambiente é causada pelas circunstâncias que afetam permanentemente o indivíduo (CRUZ et al., 2004). Verificou-se que o efeito permanente de indivíduo (c^2_{perm}) foi 0,11; 0,15; e 0,21, com menor magnitude para a variável NC, demonstrando que os efeitos das plantas durante os anos de avaliação e os efeitos não aditivos não influenciaram a expressão fenotípica das características avaliadas.

O coeficiente de variação experimental (CVe %) apresentou baixas magnitudes de 10% a 21%, o que revela a boa precisão experimental e que as características foram medidas com baixa taxa de erro. Okoye et al. (2009), em cruzamentos de Duras x Teneras, verificaram que os coeficientes de variação experimental variaram de 16% a 24%, enquanto Okwuagwu et al. (2008), em três populações de Dura x Tenera, constataram que o coeficiente de variação foi de 16,1% a 37,8%, para as características número de cachos, peso de cachos e peso médio de cachos. Os coeficientes de variação genética entre famílias apresentaram maiores magnitudes (12% a 22%), com relação ao coeficiente de variação experimental, evidenciando-se a existência da variabilidade predominantemente

genética das variáveis em estudo. E o coeficiente de variação relativa (CVr %) das três variáveis foi maior que 1. De acordo com Resende e Duarte (2007), com CVr igual a 1 e quatro blocos ou repetições, têm-se 89% de acurácia, o que demonstra ser adequado o experimento utilizado. Tal fato permite maior eficiência ao selecionar as melhores famílias, corroborando a herdabilidade aditiva estimada entre as famílias, que também foi altas em relação à herdabilidade dentro de família (Tabela 3).

Tabela 3 – Seleção dos 10 melhores indivíduos para genitores potenciais e novos cruzamentos para a variável peso de cachos, efeito genético aditivo, valores genéticos aditivos, ganho e média melhorada, nos três ensaios de progênies de irmãos germanos de Dura x Dura

Cruzamentos	Família	Perm	f	a	u+a	Ganho	Média melhorada
14-269Dx2-263D	7B	B177	170,4	45,31	141,50	45,31	141,50
14-269Dx2-263D	7B	B337	194,6	43,84	140,03	44,57	140,77
14-269Dx14-662D	5B	B243	210,2	43,05	139,25	44,07	140,26
14-269Dx2-263D	7B	B156	163,9	43,01	139,20	43,80	139,99
14-269Dx2-263D	3A	A315	199,4	42,59	138,78	43,56	139,75
14-269Dx2-263D	3A	A360	198,0	42,09	138,28	43,31	139,51
14-269Dx2-756D	5A	A72	213,8	39,81	136,00	42,81	139,01
14-269Dx2-263D	7B	B323	181,6	39,23	135,43	42,37	138,56
14-269Dx2-263D	7B	B49	185,8	39,12	135,31	42,01	138,20
16B-312Dx14-131D	2B	B478	199,4	38,95	135,14	41,70	137,89

Perm- efeito permanente; a letra representa o ensaio e o número, a planta; f-valor fenotípico; a- valor aditivo; e u+a- valor genotípico.

Na Tabela 4 são listadas as 10 melhores plantas selecionadas com base na característica peso de cachos, sendo sete do ensaio 13B e três do 3A. Das sete pertencentes ao ensaio 13B, cinco plantas são da família 7B, uma da família 5B e uma da família 2B, enquanto das três plantas do ensaio 3A, duas pertencem à família 3A e uma à família 5A. Cabe ressaltar que as cinco plantas da família 7B e as duas da família 3A são oriundas do mesmo cruzamento (14-269D x 2-263D) e que as plantas da família 5B (14-269Dx14-662D) e 5A (14-269Dx2-756D) também têm o genitor 14-269D em comum. As médias dos valores fenotípicos das plantas selecionadas variaram de 163,9 a 213,8 kg. Os efeitos aditivos estimados variaram de 38,95 a 45,31 kg e o valor genético aditivo, de 135,1 a 141,5 kg. O ganho genético das plantas para a variável produção foi de 41,70 kg sobre a média geral de 96,09, em que a média da população melhorada para a próxima geração será de 137,89 kg.

Portanto, o ganho genético será de 43,4%. Ortega et al. (2008a), com o uso da seleção entre e dentro de famílias de irmãos completos, obtiveram estimativa de ganho de 4,42% e com a seleção combinada, de 4,92% para a variável peso de cachos, considerando apenas um dos ensaios avaliados.

Tabela 4 – Estimativas da correlação genotípica entre número, peso e peso médio de cachos, procedentes dos três ensaios de progênies de irmãos germanos de Dura x Dura

Caráter	Número de cachos	Peso de cachos (Kg)	Peso médio (kg)
Número de Cachos	1	0,269	-0,368
Peso de Cachos (kg)	0,269	1	0,779**
Peso Médio (kg)	-0,368	0,779**	1

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste t

As estimativas dos coeficientes de correlação genética entre os caracteres número, peso e peso médio de cachos são apresentadas na Tabela 5. De modo geral, as estimativas de correlação foram baixas, exceto para peso e peso médio de cachos (0,78). Lopes et al. (2012) também obtiveram estimativas de correlações genéticas entre peso e peso médio de cachos de magnitude razoável (0,52). Entretanto, a associação entre número e peso médio de cachos foi baixa (-0,37). Para esses caracteres, Okwuagwu et al. (2008) também relataram valor baixo de correlação, enquanto Okoye et al. (2009) encontraram valores de correlação de -0,57. Segundo Sparnaaij (1969), Ooi et al. (1973) e Van der Vossen (1974), o número de cacho e o peso médio dos cachos estão correlacionados negativamente, devido ao abastecimento de carboidratos da fotossíntese que é limitante no rendimento, de forma que, ao se aumentar o número de cachos pela seleção, inevitavelmente se reduz o peso médio dos cachos por efeito de compensação. Deve ser ressaltado que no início da produção de dendê o número de cachos é elevado, mas seu peso médio é baixo. À medida que as plantas se desenvolvem, o número de cachos diminui e o peso dos cachos aumenta. Ortega et al. (2008b), em plantas duras de dendê avaliadas nos anos 1992 a 1996, obtiveram estimativas de correlações genéticas entre número e peso de cachos negativas, com exceção do ano 1994, em que foi positiva e de magnitude similar (0,21) à estimada (0,27). Esses resultados indicam grande influência do ambiente na

manifestação desses caracteres, de forma que a seleção de famílias visando ao melhoramento da população Dura deve basear-se simultaneamente nas variáveis NC, PC e PMC.

Tabela 5 – Ordenamento das famílias com base no valor genético, pelo índice de seleção Mulamba e Mock–ranque e ranque médio das características peso, número e peso médio de cachos, procedentes dos três ensaios de progênies de irmãos germanos de Dura x Dura

Famílias	Ranque médio	Valor genético Número de cachos	Valor genético Peso de cachos	Valor genético Peso médio
7B	4,67	3	1	10
3A	5,00	5	2	8
5C	8,00	4	6	14
2B	9,00	7	8	12
11A	9,67	21	5	3
3B	10,33	17	7	7
3C	10,33	26	3	2
9A	10,67	12	10	11
5A	10,67	27	4	1
5B	11,33	15	10	9
6A	11,67	8	14	13
10A	12,33	19	13	5
7A	12,33	1	11	25
1C	13,67	25	12	4
8B	14,67	23	15	6
4A	15,33	10	18	18
8A	15,67	16	16	15
1B	16,00	6	19	23
4C	16,00	14	17	17
2C	16,33	2	21	26
1A	17,00	9	23	19
2A	17,33	11	20	21
6B	18,33	13	22	20
4B	20,67	22	24	16
6C	22,33	20	25	22
18B	22,67	18	26	24
12A	26,00	24	27	27

Visando à seleção de famílias para o melhoramento da população Dura, as 27 famílias de irmãos germanos (incluindo as três testemunhas) foram ordenadas com base no ranque médio dado pela média dos ranques dos caracteres NC, PC e PMC (Tabela 6). Para o número de cachos, destacam-se as famílias 7A, 2C e 7B; para peso de cachos, as famílias 7B, 3A e 3C; e para peso médio de cachos, as famílias 5A, 3C e 11A. Porém, com base no ranque médio e considerando os três caracteres, as

famílias de melhor desempenho foram 7B, 3A e 5C (Tabela 5). Entretanto, segundo Ramalho et al. (2004), o sucesso do melhoramento intrapopulacional dependerá do intercruzamento de plantas das melhores famílias, porém as mais divergentes. Assim, na Tabela 6 é apresentado o agrupamento por dissimilaridade das 27 famílias de irmãos germanos, com base na distância euclidiana média padronizada.

Tabela 6 – Agrupamento das famílias avaliadas pelo método de Tocher utilizando a distância genética euclidiana média

Grupos	Agrupamento das famílias														
I	2A	9A	4A	10A	8A	6A	1A	1B	2B	3B	4B	5B	8B	6B	4C
II	5A	11A	1C	3C											
III	18B	6C													
IV	3A	7B	5C												
V	7A	2C													
VI	12A														

Foram obtidos seis grupos distintos, sendo o grupo I com 15 famílias. No grupo II estão agrupadas as famílias 5A, 3C e 11A, que tiveram os menores ranques genéticos da característica número médio de cachos (1, 2 e 3). Observou-se que, no grupo III, foram alocadas as famílias 18B e 6C, utilizadas como testemunhas nos ensaios 13 B e Caseta. Essas duas famílias são oriundas do cruzamento 14-1050D x 13A-491P e a terceira testemunha (cruzamento 14-93D x 13A-527P), avaliada no ensaio 3^a, foi alocada no grupo VI. No grupo IV foram reunidas as três melhores famílias (3A, 7B e 5C), que apresentaram os menores ranques médios (4,67; 5; e 8), e no grupo V foram alocadas as famílias 7A e 2C, que exibiram os menores ranques genéticos para número de cachos (1, 2 e 3) (Tabela 5).

Na sequência, foram selecionadas 10 plantas dessas famílias que apresentaram estimativas de valor genético superior a 34 (Tabela 7). A família 7A do grupo V de dissimilaridade, embora tenha sido superior à família 2C, não foi contemplada com plantas entre as selecionadas para a recombinação, em razão de suas duas melhores plantas não apresentarem valores genéticos superiores a 21, ocupando as posições 108 e 141, respectivamente, no ranque dos valores genéticos.

Tabela 7 – Seleção das 10 melhores plantas para um novo ciclo de recombinação com base no ranque médio, ordem do valor aditivo da característica peso de cachos (média kg) e no grupo de dissimilaridade

Ordem	Família	\bar{X} NC	\bar{X} PMC	\bar{X} PC	Valor aditivo	Grupo
1	7B-177	14	12,6	170	45,3	IV
2	7B-337	14	15,4	194,6	43,8	IV
5	3A-315	13	15,1	199,4	42,6	IV
6	3A-360	11	17,3	198	42,1	IV
7	5A-72	10	24,0	213,8	39,8	II
16	5A-60	8	23,3	190,4	36,4	II
17	1C-149	11	17,9	190,2	35,5	II
3	5B-243	13	16,9	210,2	43	I
10	2B-478	14	14,6	199,4	38,9	I
20	2B-496	12	15,7	204,6	34,6	I

Na Tabela 7 foram selecionadas quatro plantas das famílias 7B e 3A, alocadas no grupo IV, e que apresentaram o menor ranque médio das três características em que seu valor aditivo variou de 42,1 a 45,3 com base na produção, em que as médias das quatro plantas foi de 11 a 14 cachos, de 12,6 a 17,3 kg para o peso médio de cachos e de 170 a 199,4 kg para peso de cachos.

No grupo II foram selecionadas três plantas correspondentes às famílias 5A e 1C, com valores genéticos estimados de 35,5 a 39,8, com base no peso de cachos e com médias de 8 a 11 cachos, de 17,9 a 24 kg para peso médio de cachos e de 190,2 a 213,8 kg para peso de cachos. No grupo I foram selecionadas três plantas das famílias 2B e 5B, com valores aditivos de 34,6 a 43 com base no peso de cachos, apresentando média de 12 a 14 cachos, de 14,6 a 16,9 kg para peso médio de cachos e de 199,4 a 210,2 kg para peso de cachos das três plantas.

Visando determinar o número mínimo de colheitas necessário para avaliação das plantas de dendê, foram estimados os coeficientes de repetibilidade, o coeficiente de determinação, a acurácia permanente e a eficiência das avaliações em relação a uma única medida, para as três variáveis em estudo (Tabela 8). Para a característica número de cachos, a repetibilidade genética para uma só colheita foi 0,31, com acurácia genética de 0,27 e coeficiente de determinação genético de 0,08, considerado baixo. No entanto, com cinco colheitas, a repetibilidade aumentou para 0,69, a acurácia para 0,54 e o coeficiente de determinação para 0,29, com eficiência de 96%.

Tabela 8 – Número de colheitas necessárias para as variáveis número, peso e peso médio de cachos para atingir determinados valores de acurácia

Número de colheitas	Número de cachos									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Repetibilidade	0,31	0,47	0,57	0,64	0,69	0,73	0,76	0,78	0,80	0,82
Coefficiente de determinação	0,08	0,14	0,20	0,25	0,29	0,33	0,36	0,39	0,42	0,45
Acurácia	0,27	0,37	0,44	0,50	0,54	0,57	0,60	0,63	0,65	0,67
Eficiência	1,00	1,36	1,61	1,81	1,96	2,09	2,20	2,29	2,37	2,44
Peso de cachos										
Repetibilidade	0,42	0,59	0,68	0,74	0,78	0,81	0,83	0,85	0,86	0,88
Coefficiente de Determinação	0,09	0,17	0,23	0,29	0,33	0,38	0,41	0,44	0,47	0,50
Acurácia	0,30	0,41	0,48	0,53	0,58	0,61	0,64	0,67	0,69	0,71
Eficiência	1,00	1,35	1,59	1,77	1,91	2,03	2,13	2,21	2,28	2,34
Peso médio de cachos										
Repetibilidade	0,78	0,88	0,91	0,93	0,95	0,96	0,96	0,97	0,97	0,97
Coefficiente de Determinação	0,16	0,28	0,37	0,44	0,49	0,54	0,58	0,61	0,64	0,66
Acurácia	0,40	0,53	0,61	0,66	0,70	0,73	0,76	0,78	0,80	0,81
Eficiência	1,00	1,31	1,50	1,64	1,74	1,82	1,88	1,93	1,98	2,01

Para o peso de cachos, a repetibilidade genética foi 0,42, com acurácia genética de 0,30, e o coeficiente de determinação genética, 0,09, para uma só colheita. Esses valores são maiores que os apresentados para número de cachos. Considerando cinco colheitas, a repetibilidade aumentou para 0,78, a acurácia para 0,58 e o coeficiente de determinação para 0,33, com eficiência de 91% (Tabela 8). Segundo Ortega et al. (2008b), que utilizaram os métodos de ANOVA e componentes principais na estimação da repetibilidade fenotípica para peso de cachos em progênies de Duras, a variabilidade foi de 0,64 a 0,74, com coeficiente de determinação de 0,90 a 0,94. Muito diferente deste estudo, em que foram determinados a repetibilidade e o coeficiente de determinação genética.

Com relação ao peso médio de cachos, a repetibilidade, a acurácia e o coeficiente de determinação genética foram altos em relação às outras variáveis, cujos valores foram 0,78, 0,40 e 0,16, respectivamente, considerando-se uma só colheita. Nas cinco colheitas, a repetibilidade, a acurácia e o coeficiente de determinação genética apresentaram acréscimos com valores de 0,95; 0,70; e 0,49, respectivamente, com eficiência das avaliações por cinco anos de colheita de 74%. Assim, na avaliação de progênies de irmãos germanos de dendê, recomenda-se avaliar por cinco colheitas o peso e o número de cachos.

4. CONCLUSÕES

- A variabilidade genética e as herdabilidades estimadas estimulam a continuidade do Programa de Melhoramento Genético do Dendê, com possibilidade de maximização de ganhos nas gerações futuras.

- A seleção das plantas com base na variável peso de cachos deve ser priorizada por proporcionar ganhos satisfatórios.

- As estimativas de correlação do número de cachos com o peso de cachos e com o peso médio de cachos foram de baixa magnitude. Já a estimativa de correlação do peso e peso médio de cachos foi de alta magnitude (0,78%).

- A metodologia REML/BLUP foi eficiente na seleção de plantas de dendê, visando ao melhoramento da espécie.

- Cinco anos foram suficientes para avaliação dos caracteres NC e PC em dendê.

REFERÊNCIAS

ANCUPA – Asociación Nacional de cultivadores de palma Africana. **Estadísticas nacionales de palma africana**. 2010. Disponible en: <www.ancupa.com>.

BARROS, M.; PIRES, I.; BARROS, R.; RODRIGO CRUZ, C. Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia forestalis**, n. 71, p. 99-107, 2006.

BROEKMANS, A. F. M. Growth, flowering and yield of the oil palm in Nigeria. **F.W. Afr. Inst. Oil Palm Res.**, v. 2, p. 187-220, 1957b. [2.2.1.4; 4.2.1.1; 4.4; 4.5.1; 4.5.4].

COCHARD, B.; NOIRET, J. M.; BAUDOUIN, L.; AMBLARD, P. Second cycle de selection récurrente réciproque chez le palmier à huile *Elaeis guineensis*: résultat des tests d'hybrides Deli x La Mé. **Oléagineux**, v. 48, n. 11, p. 441-451, 1993.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v. 41, p. 360-367, 1949.

CORLEY, R. H. V.; GRAY, B. S. Yield and yield components. In: **Oil palm research**. CORLEY, R. H. V.; HARDON, J. J.; WOOD, B. J. (Ed.). Amsterdam: Elsevier, 1976b. p. 77-86. [2.2.2.1; 2.2.2.2; 2.2.2.7; 4.4.4; 4.4.7; 5.3.3.2].

CORLEY, R. H. V. How much palm oil do we need? **Environmental Science and Policy**, v. 12, p. 134-139, 2009.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004. v. 1, 480 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006. v. 2, 585 p.

FEDAPAL. **Fundación de fomento de exportaciones de aceite de palma y sus derivados de origen nacional**. Producción, consumo y excedente de aceite de palma. Destino de exportaciones de aceite de palma ecuatoriano. 2011. Disponible en: <www.fedapal.com>.

FERREIRA, C. B. B.; LOPES, M. T. G.; LOPES, R.; CUNHA, R. N. V.; MOREIRA, D. A.; BARROS, W. S.; MATIELLO, R. R. Diversidade genética molecular de progênies de dendezeiro. **Pesq. Agrop. Brasileira**, Brasília, v. 47, p. 378-384, 2012.

GASCON, J. P.; LE GUEN, V.; NOUY, B. Résultats d'essais de secondcycle de sélectionrécurrent reciproque chez le palmier à huile. **Oléagineux**, v. 43, n. 1, p. 1-7, 1988.

GOMES, M.; BIONDI, A.; BRIANEZI, T.; GLASS, V. **O Brasil dos agrocombustíveis: impactos das lavouras sobre a terra, o meio e a sociedade – Gordura animal, dendê, algodão, pinhão-manso, girassol e canola**. [S.l.]: Centro de Monitoramento dos Agrocombustíveis, 2009. 69 p.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 3, p. 1188-1197, 1976.

KITAMURA, P. C. **Dendê: oferta e demanda no Mercado internacional**. Belém: EMBRAPA/CPATU, 1990. 24 p. (Documentos, 13).

MEUNIER, J.; GASCON, J. P. Le schémagénéral d'amélioration du palmier à huile à l'IRHO. **Oléagineux**, v. 40, p. 365- 372, 1972. [5.4.2.1].

LIM, K. C.; CHAN, K. W. Bunch components studies over the past two decades. In: RAJANAIDU, N.; HENSON, I. E.; JALANI, B. S. (Ed.). **Proc. 1996 Int. Conf. Oil and kernel production in oil palm – A global perspective**. Kuala Lumpur: Palm oil Res. Inst. Malaysia, 1998. p. 133-150. [4.3.5.2;4.4;4.4.7;4.5.2].

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, v. 7, p. 40-51, 1978.

OKOYE, M. N.; OKWUAGWU, C. O.; UGURU, M. I. Population improvement for fresh fruit bunch yield and yield components in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq). **American-Eurasian Journal of Scientific Research**, v. 4, p. 59-63, 2009.

OKWUAGWU, C. O.; OKOYE, M. N.; OKOLO, E. C.; ATAGA, C. D.; UGURU, M. I. Genetic variability of fresh fruit bunch yield in Deli/dura x tenera breeding populations of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq) in Nigeria. **Journal of Tropical Agriculture**, v. 46, p. 52-57, 2008.

OOI, S. C.; HARDON, J. J.; PHANG, S. Variability in the Deli Dura breeding population of the oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq). I Components of bunch yield. **Malay. agric. F.**, v. 49, p. 112-121, 1973. [5.3.2;5.5.2.2].

ORTEGA, D. S. C.; FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; CRUZ, C. D.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B. Selection among and within and combined selection in oil palm families derived from Dura x Dura. **Ciência Rural**, 2008a.

ORTEGA, D. S. C.; BARROS, W. S.; FERREIRA, F. M.; DIAS, L. A. S.; ROCHA, R. B.; CRUZ, C. D. Correlation and repeatability in progenies of African oil palm. **Acta Scientiarum**, v. 30, n. 2, p. 197-201, 2008b.

SPARNAAIJ, L. D. Oil palm – *Elaeis guineensis* Jacquin . In: FERWERDA, F. P.; WIT, F. (Ed.). **Outlines of perennial crop breeding in the tropics**. Wageningen: Veenman & Zonen, 1969. p. 339-387. [5.3.2;5.3.3.1;5.4.4].

SOH, A. C. Ranking parents by best linear unbiased prediction (BLUP) of breeding values in oil palm. **Euphytica**, Dordrecht, v. 76, n. 1-2, p. 13-21, 1994. [5.4.2.4;5.5.1.2].

SOH, A. C.; GAN, H. H.; WONG, G.; HOR, T. Y.; TAN, C. C. Estimates of within family genetic variability for clonal selection in oil palm. **Euphytica**, v. 133, p. 147-163, 2003.

RAMALHO, M. A.; LAMBERT, E. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 2, p. 228-249, 2004.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley and Sons, 1952. 390 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**, Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo, PR: EMBRAPA FLORESTA, 2007. 359 p.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo, PR: EMBRAPA FLORESTAS, 2007. 362 p.

LOPES, R.; CUNHA, R. N. V.; RESENDE, M. D. V. Produção de cachos e parâmetros genéticos de híbridos de caiaué com dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 10, p. 1496-1503, 2012.

ROSENQUIST, E. A. The genetic base of oil palm breeding populations. In: **Proc. Int. workshop 'Oil palm germplasm and utilization**. Kuala Lumpur: Palm Oil Res. Inst. Malaysia, 1986. p. 27-56. [5.1;5.5.1.4].

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

VAN DER VOSSEN, H. A. M. **Towards more efficient selection for oil yield in the oil palm** (*Elaeis guineensis*, Jacquin). 1974. Thesis – Wageningen University, Wageningen, 1974. [5.1.6;5.1.6.1;5.2.6.3;5.3.2;12.1.5.3;12.1.8].

WONG, Y.K.; HARDON, J.J. **A comparison of different methods of assisted pollination in the oil palm**, Chemara Res. StnComm.(Agron.)9, Seremban, Malaysia.1971 [4.4.7.1; 4.4.7.3].