

## ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE AÇAIZEIRO<sup>1</sup>

JOÃO TOMÉ DE FARIAS NETO<sup>2</sup>, MARCOS DEON VILELA DE RESENDE<sup>3</sup>,  
MARIA DO SOCORRO PADILHA DE OLIVEIRA<sup>2</sup>, OSCAR LAMEIRA NOGUEIRA<sup>2</sup>,  
PETER NILTON BEZERRA FALCÃO<sup>4</sup>, NELMA SANTOS AMORIM DOS SANTOS<sup>4</sup>

**RESUMO** - O presente trabalho teve como objetivos estudar a variabilidade genética, estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, e realizar a predição de valores genéticos dos indivíduos de açaizeiro irrigado no Estado do Pará, utilizando a metodologia BLUP/REML a partir da avaliação de progênies com base nos caracteres altura do primeiro cacho (APC), peso total do cacho (PTC), peso total de frutos (PTF), número de cachos (NC), peso médio do cacho (PMC), comprimento médio da ráquis (CMR), número médio de ráquias (NMR), número de perfilhos (NP) e peso médio de cem frutos (P100). Cinquenta progênies foram avaliadas em dois látices 5 x 5 com duas repetições e parcelas lineares de cinco plantas cada, no espaçamento de 5 m x 5 m. O programa computacional Selegen- Reml/Blup foi utilizado para as análises genéticas e a identificação dos melhores indivíduos para compor a população de produção de sementes para um programa a curto prazo e a de melhoramento para um programa a longo prazo. As correlações genotípicas de maiores magnitudes foram aquelas envolvendo o peso total de frutos e peso total do cacho, peso total do cacho e número de cacho e peso total de fruto e número de cacho, indicando que a seleção para peso total de frutos pode ser realizada por meio da seleção daquela de mais fácil seleção. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam excelente potencial seletivo da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da população a curto e longo prazos. Ganho genético considerável de 45,33% em relação à média do experimento pode ser obtido com a seleção dos 20 melhores indivíduos para o caráter produção total de frutos.

**Termos para indexação:** predição de ganhos, parâmetros genéticos, Reml/Blup, frutífera.

### ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND SELECTION GAINS IN PROGENIES OF OPEN POLLINATION OF AÇAÍ TREE (*Euterpe oleracea*)

**ABSTRACT**- The present work aimed to study the genetic variability, estimate the genetic and phenotypic parameters and to conduct the prediction of genetic values of individuals of irrigated açai tree in the state of Pará. The objective was the selection and genetic improvement of the production of fruits, using the REML/BLUP procedure applied in the progenies for the characters height of the first cluster, total cluster mass, total fruit mass, number of clusters, mean cluster weight, average length of the leaf rachis, average number of rachillas, number of tillers and average mass of one hundred fruits. Fifty progenies were evaluated in two 5 x 5 lattice design with two replications and linear plots- of five plants each, in a 5 m x 5 m spacing. The software Selegen- Reml/Blup was used for the genetic analyses and identification of the best individuals to compose the population for seed production (short-term program) and of improvement (long-term program). The estimation of genotypic correlation was high between total fruit mass and number of cluster and average among total fruit mass and average cluster mass and number of rachillas. The estimates of the genetic parameters obtained in the present study show excellent selective potential of the population and sufficient genetic variability for the genetic improvement of the population in short and long terms. Considerable genetic gain of 45.33% relative to the average of the experiment can be obtained with the election of the 20 best individuals for the character total production of fruits.

**Index terms:** predicting gain, genetic parameters, Reml/Blup, *Euterpe oleracea*, fruit tree.

### INTRODUÇÃO

O açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) é uma espécie frutífera e produtora de palmito, nativa da Amazônia e tem com centro de origem o Estado do Pará, que é o maior produtor e o principal consumidor, onde estão estabelecidas densas e diversificadas populações naturais.

Atualmente, a demanda e o potencial de mercado do açai cresceram de maneira significativa e deixaram de possuir uma dimensão regional para ganhar importância nacional e, mais

recentemente, internacional, graças à qualidade nutricional da bebida resultante da maceração dos seus frutos, denominada vinho ou suco de açai. O crescimento do mercado do açaizeiro está associado aos benefícios à saúde que a ciência vem atribuindo à ingestão desse alimento que apresenta baixo nível de calorias, altas concentrações de vitaminas, fibras, sais minerais e elevado teor de antocianinas (Rogez, 2000).

Trata-se de uma espécie perene, que é propagada principalmente por sementes (Jardim, 1991; Oliveira et al., 2002), preferencialmente alógama, com 12,9% de autofecundação em condições naturais (Souza, 2002), tendo como principal

<sup>1</sup>(Trabalho 003-08). Recebido em: 02-01-2008. Aceito para publicação em: 26-05-2008.

<sup>2</sup>Pesquisadores da Embrapa Amazônia Oriental, Trav. Dr. Enéas Pinheiro, s/n Caixa Postal 48, 66095-100 Belém-PA. tome@cpatu.embrapa.br, spadilha@cpatu.embrapa.br, oscar@cpatu.embrapa.br

<sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, km 11, Caixa Postal 319, 83411-000 Colombo-PR.

característica a formação de agrupamentos de estipes, denominados touceira (Calzavara, 1988), e para Clement (1992) trata-se de uma espécie semidomesticada ou em fase de domesticação.

O açaizeiro encontra condições ideais de cultivo nas faixas climáticas com regular distribuição de chuvas e em áreas que, mesmo com período de estiagem definido, disponham de umidade satisfatória no solo, como nas várzeas. Quando cultivado em área de terra firme, com tipo climático Ami (apresenta índice pluviométrico anual que define uma estação relativamente de estiagem, mas com precipitação acima de 2.500 mm anual) e Awi (índice pluviométrico anual entre 1.000 e 2.500 mm, com nítida estação de estiagem), para evitar a redução ou paralisação do crescimento, floração e frutificação, é importante planejar, nos períodos menos chuvosos, a utilização de irrigação (Calzavara, 1972). Para Taiz & Zeiger (2004), a resposta ao estresse hídrico limita o tamanho e o número de folhas, levando à redução do consumo de carbono e energia por esse órgão da planta, ocorrendo grande alocação de fotoassimilados para o sistema radicular. Observa-se, também, redução da expansão foliar, altura e diâmetro das plantas, resultando em perda da biomassa vegetal.

O programa de melhoramento genético do açaizeiro para as condições de terra firme irrigado na Embrapa Amazônia Oriental é recente, e o método de seleção empregado tem sido os testes de progênies de polinização livre, que são úteis para os objetivos de seleção, melhoria genética e o estudo dos parâmetros genéticos. Estudos realizados por Farias Neto et al. (2005, 2007), empregando características vegetativas em açaizeiro, sugerem a existência de variabilidade entre e dentro de procedência/progênies. Entretanto, estimativas de parâmetros genéticos envolvendo características produtivas inexistem na literatura.

Em espécies perenes, a etapa de avaliação é a mais onerosa e demorada nos programas de melhoramento genético. Assim, a aplicação de metodologias eficientes que aumentem a acurácia no processo seletivo, é de extrema importância.

Segundo Resende & Dias (2000), no melhoramento de espécies perenes, o uso de técnicas de avaliação genética, com base em modelos mistos tipo REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viciada), é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com potencial para a seleção, a nível intrapopulacional e interpopulacional. O procedimento REML/BLUP tem sido usado no melhoramento de palmáceas para a seleção de progênies e indivíduos em pupunheira (Farias Neto & Resende, 2001) e palmeira-real (Bovi et al. 2003; 2004).

O presente trabalho teve como objetivos estudar a variabilidade genética, estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e realizar a predição de valores genéticos dos indivíduos de açaizeiro irrigado no Estado do Pará, visando à seleção e melhoramento genético da produção de frutos, empregando a metodologia REML/BLUP.

## MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na base experimental da Embrapa Amazônia Oriental, localizada no município de Tomé-Açu, no

nordeste paraense, aproximadamente entre as latitudes de 01°57'38" e 03°16'37" S e as longitudes de 47°53'32" W e 48°49'15" W. Os parâmetros meteorológicos climáticos indicam clima quente e úmido, ajustando-se ao tipo climático Ami, da classificação de Köppen (Pacheco & Bastos, 2001). A precipitação pluviométrica é caracterizada por dois períodos distintos de chuvas, um de dezembro a maio, com índices superiores a 150 mm/mês, onde se concentram cerca de 80% do total anual de precipitação, e outro, de junho a novembro, com índice variando de 49 mm a 105 mm.

Os experimentos foram estabelecidos em março de 2003 em 2 latices 5 x 5 com duas repetições e 5 plantas por parcela, no espaçamento de 5 m x 5 m, totalizando 50 progênies, além de uma bordadura externa ao experimento. Os tratamentos foram representados por progênies de polinização livre, originadas de plantas selecionadas nos municípios de Afuá e Chaves, região norte da Ilha de Marajó. Essa região apresenta como principal característica a produção de frutos em período considerado como entressafra na região próxima à cidade de Belém.

Na seleção fenotípica das árvores em condições naturais, utilizaram-se como critérios de seleção o número de cacho por planta, o tamanho do cacho, a presença de perfilhos e o estado fitossanitário das plantas.

A avaliação das progênies teve início em agosto de 2006, quando as plantas estavam com 3,5 anos até setembro de 2007 (4,5 anos) ao nível de indivíduos para os caracteres altura do primeiro cacho (APC), peso total do cacho (PTC), peso total de fruto (PTF), número de cacho (NC), peso médio do cacho (PMC), comprimento médio da ráquis (CMR), número médio de ráquias (NMR), número de perfilhos (NP) e peso médio de cem frutos (PM100). Os dados encontram-se desbalanceados em virtude da perda (morte) de algumas plantas nas parcelas. Atualmente, a colheita dos frutos é realizada quinzenalmente.

Para a análise dos dados, foi empregada a metodologia de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) para o delineamento de blocos incompletos desbalanceado. Isto permitiu o ajuste para os gradientes ambientais de blocos e também a recuperação de informação genética interblocos incompletos, propiciando eficiente estimação de parâmetros e seleção em nível de indivíduos. Os efeitos de blocos foram considerados como aleatórios, visando a propiciar a recuperação de informação genética interblocos. A metodologia REML/BLUP produz, simultaneamente, três tipos de informação: estimativas dos efeitos genéticos (e conseqüentemente do ganho ou progressão genética), estimativas dos efeitos ambientais e estimativas dos componentes de variância genética e ambiental (parâmetros genéticos).

Os parâmetros genéticos foram estimados via REML, e os genéticos aditivos individuais foram estimados pelo procedimento BLUP, por meio do software genético-estatístico Selegen-Re/ml/Blup (Resende, 2002).

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação genética (Resende, 2002):

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

y, m, a, p, b, e = vetores de dados, de efeitos da média geral (fixo), de efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios),

de efeitos de parcela (aleatórios), de efeitos de blocos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente.

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

Associados a esse modelo, têm-se as seguintes distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$\begin{aligned} y|m, V &\sim N(Xm, V) \\ a|A, \sigma_a^2 &\sim N(0, A \sigma_a^2) \\ c|\sigma_c^2 &\sim N(0, I \sigma_c^2) \\ b|\sigma_b^2 &\sim N(0, I \sigma_b^2) \\ e|\sigma_e^2 &\sim N(0, I \sigma_e^2) \end{aligned}$$

As co-variâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xm \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & TB & R \\ GZ & G & 0 & 0 & 0 \\ CW & 0 & C & 0 & 0 \\ BT & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \quad \text{em que:}$$

$$\begin{aligned} G &= A \sigma_a^2 \\ C &= I \sigma_c^2 \\ B &= I \sigma_b^2 \\ R &= I \sigma_e^2 \\ V &= ZA \sigma_a^2 Z' + WI \sigma_c^2 W' + T' I \sigma_b^2 T + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + TBT' + R. \end{aligned}$$

As equações de modelo misto para a predição BLUP dos valores genéticos individuais equivalem a:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + \Lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + \Lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix} \quad \text{em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c^2-b^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2-b^2}{c^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1-h^2-c^2-b^2}{b^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2} \quad \text{: herdabilidade individual no}$$

$$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2) \quad \text{: correlação devida ao ambiente comum da parcela.}$$

$$b^2 = \sigma_b^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2 + \sigma_b^2) \quad \text{: correlação devida ao ambiente comum do bloco dentro de repetição.}$$

$\sigma_a^2$  : variância genética aditiva.

$\sigma_c^2$  : variância entre parcelas.

$\sigma_b^2$  : variância entre blocos.

$\sigma_e^2$  : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva).

A: matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância por REML via algoritmo EM equivalem a:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}' X'y - \hat{a}' Z'y - \hat{c}' W'y - \hat{b}' T'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}' A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} (A^{-1} C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}' c + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}] / s, \quad \text{em que:}$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}' \hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{44}] / \eta, \quad \text{em que:}$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr: operador traço matricial.

r(x) : posto da matriz X.

N, q, s,  $\eta$  : número total de dados, de indivíduos, de parcelas e de blocos, respectivamente.

Com base nos valores genéticos individuais, os ganhos genéticos esperados com a prática da seleção para peso total de frutos foram estimados admitindo-se duas estratégias de seleção: 20 indivíduos pertencentes a 9 progênies, representando a população de produção de sementes, simulando o programa a curto prazo e com 50 indivíduos, pertencentes a 23 progênies, para compor a população de melhoramento, simulando o programa a longo prazo.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas Tabelas 1 e 2, são apresentados os componentes de variância e as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos associados aos nove caracteres. Constata-se ampla variabilidade genética para os caracteres APC, PMC e NMR, conduzindo a altos valores de herdabilidade a nível individual e média de progênies. Os valores moderados de herdabilidade foram estimados para os caracteres PTC e PTF.

Esses fatos associados a componentes de variância genética relativa aos caracteres revelam excelentes possibilidades de seleção na população experimental. Apesar de os caracteres CMR e NC terem apresentado coeficientes de herdabilidade de baixa magnitude em nível de indivíduo de 10,7675% e 13,4008%, existem boas possibilidades de seleção, pois conduziram as estimativas de herdabilidade de média de progênies igual a 35,3023% e 36,2814% e acurácias na seleção de progênies de 59,4157% e 60,2340%, respectivamente. Em geral, herdabilidades individuais de baixa magnitude são comuns para caracteres quantitativos e, via de regra, conduzem a moderadas magnitudes das herdabilidades em nível de médias de progênies (Resende, 2002).

Os coeficientes de variação experimental (CV<sub>e</sub>%) obtidos para os caracteres APC, PMC, CMR, NMR, P100 e NP podem ser

considerados baixos e demonstram boa precisão. Já para os caracteres PTC e PTF, estes coeficientes foram 34,1253% e 36,1971%, respectivamente, valores altos, indicando grande variação dos dados.

Os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ( $c^2$ ) ficaram entre 4,048% e 9,133% para todos os caracteres, exceção para os caracteres NMR, CMR e P100, que apresentaram valores próximos de zero, revelando que pequena variação ambiental permaneceu dentro das parcelas.

Os valores de  $c^2$  observados em bons experimentos, em plantas perenes, situam-se em torno de 10%, quando a herdabilidade estimada é da ordem de 30%, ou seja, 10% da variação fenotípica total dentro do bloco. Assim, para o nível de 30% de herdabilidade individual,  $c^2 > 0,10$  pode ser classificado como baixo e  $c^2 > 0,10$  pode ser classificado como alto, permitindo, assim, inferência sobre a variabilidade espacial dentro dos blocos.

Valores altos de  $c^2$  indicam alta variabilidade entre parcelas dentro de blocos e alta correlação ambiental entre observações dentro de parcelas (Sturion & Resende, 2004). No presente estudo, mesmo para aquelas herdabilidades de menores magnitudes, como para PTF, cuja herdabilidade foi igual a 29,4831%, o  $c^2$  é considerado baixo.

As estimativas do coeficiente de determinação dos efeitos de bloco foram baixas, com exceção do caráter APC (13,2541%), indicando que o delineamento em látice foi importante para aqueles caracteres. Os ajustes para todas essas variações entre parcelas e entre blocos foram realizados pelo procedimento REML/BLUP, que forneceu os valores genéticos livres de todos esses efeitos.

As estimativas de correlações genotípicas entre os nove caracteres, que refletem associações de natureza herdável, são apresentadas na Tabela 3. As correlações genotípicas de maiores magnitudes foram aquelas envolvendo peso total do cacho e peso total de frutos (0,9916), peso total do cacho e número de cacho (0,8941) e peso total de fruto e número de cacho (0,8864), indicando que é possível aumentar o peso total de frutos por intermédio de seleção indireta para peso total de cachos e número de cachos. O peso total de frutos apresentou valores de média

magnitude com número médio de ráquias (0,4922) e com peso médio do cacho (0,4456). Quanto à correlação entre o peso de cem frutos e produção total de frutos, a estimativa foi baixa (0,2659), indicando ser possível a obtenção de progênies produtivas apresentando menor peso ou menor tamanho do fruto. Esse fato é de máxima importância, haja vista que os processadores de açaí preferem tamanho de fruto pequeno.

Os resultados referentes à seleção de indivíduos com base em seus valores genéticos aditivos são apresentados na Tabela 4. A determinação do número adequado de indivíduos a serem selecionados deve considerar a endogamia na geração de plantio, para a composição da população de produção de sementes e a manutenção de tamanho efetivo populacional compatível com a obtenção do limite seletivo para a composição da população de melhoramento (Resende & Bertolucci, 1995). No presente trabalho, maximizou-se o ganho, preestabelecendo um tamanho efetivo mínimo de 12,43 e 29,29 para a composição das populações de produção de sementes e de melhoramento, respectivamente. Verificam-se altos ganhos genéticos empregando as duas modalidades de seleção. A seleção dos 20 indivíduos visando a transformar o teste em pomar de sementes por muda, simulando um programa a curto prazo, é representado por 9 famílias e propicia ganhos estimado de 45,33% em relação à média, fato que eleva a média do caráter PTF de 8.966,81 kg para 13.031,72 kg, com tamanho efetivo populacional de 12,43, suficiente para prevenir a ocorrência de depressão endogâmica na geração de plantio.

Por outro lado, a seleção dos 50 melhores indivíduos correspondente a, aproximadamente, 10% do total dos indivíduos existentes no experimento para o estabelecimento de uma população de melhoramento, simulando programa a longo prazo, é constituída por 23 progênies e proporcionou um ganho estimado de 28,09% em relação à média, elevando a média populacional de 8.966,81 kg para 11.486,19 kg e um tamanho efetivo de 29,29, suficiente para a manutenção da variabilidade genética e a obtenção de ganhos em ciclos subsequentes de seleção. Vale ressaltar que os valores genéticos aditivos são também úteis no planejamento dos cruzamentos para avaliação no próximo ciclo seletivo, podendo os indivíduos com os maiores valores genéticos aditivos participarem de maior número de cruzamentos.

**TABELA 1** - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura médio do primeiro cacho (APC), peso total do cacho (PTC), peso total de frutos (PTF) e número de cachos (NC) em progênies de açaizeiro irrigado. Belém-PA. 2007.

Parâmetro	APC	PTC	PTF	NC
Variância genética aditiva individual	0,0831	24889583,781	12784534,868	1,8182
Variância entre parcelas	0,0112	5933410,630	3187853,972	0,7596
Variância entre blocos	0,0163	385829,138	243900,069	0,1857
Variância residual	0,0127	49644871,574	27146007,666	10,8045
Variância fenotípica	0,1234	80853695,124	43362296,577	13,5681
Herdabilidade aditiva individual (%)	67,347	30,7835	29,4831	13,4008
Coefficiente de determinação de parcelas (%)	9,1332	7,3385	7,3517	5,5984
Coefficiente de determinação de blocos (%)	13,2541	0,4772	0,5625	1,3691
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	13,7321	38,4595	39,8753	21,2133
Coefficiente de variação genotípica progênie (%)	6,8660	19,2297	19,9376	10,6066
Coefficiente de variação experimental (%)	7,7211	34,1253	36,1971	28,1125
Herdabilidade da média de progênie ajustada (%)	75,9821	55,9500	54,8239	36,2814
Herdabilidade dentro de progênie (%)	83,1088	27,3263	26,1020	11,2069
Acurácia na seleção de progênie	87,1677	74,7997	74,0432	60,2340
Média Geral	2,0991	12971,9349	8966,8111	6,3564

**TABELA 2** - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres peso médio do cacho (PMC), comprimento médio da ráquis (CMR), número médio de ráquias (NMR), número de perfilhos (NP) e peso de cem frutos (P100) em açaizeiro sob irrigação. Belém-PA. 2007.

Parâmetro	PMC	CMR	NMR	NP	P100
Variância genética aditiva individual	21728,425	10,248	109,3706	0,5359	705,7515
Variância entre parcelas	1651,972	0,427	0,2463	0,05069	2,4008
Variância entre blocos	2062,695	0,415	0,7618	0,0011	0,2197
Variância residual	5334,979	84,085	31,3221	0,6644	-260,539
Variância fenotípica	30778,070	95,1751	141,7008	1,2522	447,8331
Herdabilidade aditiva individual (%)	70,5971	10,7675	77,1842	42,7983	-
Coefficiente de determinação de parcelas (%)	5,3674	0,4487	0,1738	4,0483	0,5361
Coefficiente de determinação de blocos (%)	6,7018	0,4363	0,5376	0,0902	0,0491
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	23,6259	6,0614	11,5447	22,9794	20,7166
Coefficiente de variação genotípica progênie (%)	11,8129	3,0307	5,7723	11,4897	10,3583
Coefficiente de variação experimental (%)	12,3935	8,2057	5,2845	16,1275	5,8437
Herdabilidade da média de progênie ajustada (%)	78,4231	35,3023	82,6768	66,9990	92,6296
Herdabilidade dentro de progênie (%)	75,3368	8,3752	72,3669	37,6914	-
Acurácia na seleção de progênie	88,5568	59,4157	90,9268	81,8529	96,2443
Média Geral	623,9145	52,8136	90,5867	3,1858	128,2349

**TABELA 3** - Estimativas de correlações genotípicas entre os caracteres altura do primeiro cacho (APC), peso total do cacho (PTC), peso total de frutos (PTF), peso médio do cacho (PMC), comprimento médio dos ráquis (CMR), número médio de ráquias (NMR), peso médio de cem sementes (P100), número de perfilhos (NP) e número de cachos (NC) em açaizeiro. Belém-PA. 2007.

Variável	APC	PTC	PTF	PMC	CMR	NMR	P100	NP	NC
APC	1	-0,4120	-0,4118	-0,2984	-0,0311	-0,1814	-0,1108	0,1497	-0,3506
PTC		1	0,9916	0,5130	0,1688	0,5252	0,2803	-0,2373	0,8941
PTF			1	0,4456	0,0917	0,4922	0,2659	-0,2386	0,8864
PMC				1	0,4859	0,6238	0,4334	-0,1962	0,1916
CMR					1	0,2470	0,2299	0,2496	0,0506
NMR						1	0,1212	-0,2371	0,2682
P100							1	0,0372	0,1469
NP								1	-0,1628
NC									1

**TABELA 4** - Valores genéticos aditivos individuais, ganho genético e tamanho efetivo populacional (Ne) com a seleção dos 20 melhores indivíduos e do indivíduo de número 50 para o caráter produção total de frutos, em açaizeiro, visando à propagação sexuada. Belém-PA. 2007.

Ordem	Família	Planta	Valor Fenotípico	Valor Genético Aditivo	Ganho Genético Acumulado (%)	Ne
1	04	3	35366	16760,19	86,91	1,00
2	11	2	30108	16145,22	80,05	2,00
3	37	5	30677	15444,58	72,24	3,00
4	11	2	25810	15228,28	69,83	3,49
5	26	1	29930	15063,84	68,00	4,49
6	11	1	23272	14360,89	60,16	4,64
7	11	4	22384	14129,11	57,57	4,64
8	20	3	23988	14033,13	56,50	5,59
9	11	3	21240	13830,50	54,24	5,47
10	47	1	25548	13804,41	53,95	6,38
11	47	4	22892	13698,18	52,79	7,05
12	31	3	26396	13484,55	50,38	7,97
13	31	1	26244	13444,88	49,94	8,65
14	21	5	27224	13347,49	48,85	9,56
15	50	1	24564	13334,14	48,71	10,49
16	04	5	22192	13321,52	48,56	11,16
17	20	4	20798	13301,61	48,34	11,84
18	20	1	20712	13178,03	46,96	12,25
19	20	2	20458	13111,73	46,22	12,43
20	20	2	19764	13031,72	45,33	12,43
n	n	n	n	n	n	n
50	26	4	13112	11486,1980	28,09	29,29

## CONCLUSÕES

1-As correlações genotípicas de maiores magnitudes foram aquelas envolvendo o peso total de frutos e o peso total do cacho, peso total do cacho e número de cacho, e peso total de fruto e número de cacho, indicando que a seleção para peso total de frutos pode ser realizada por meio da seleção daquela de mais fácil seleção.

2-As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam excelente potencial seletivo da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da população a curto e longo prazos.

3-Ganho genético considerável de 45,33% em relação à média do experimento pode ser obtido com a seleção dos 20 melhores indivíduos para o caráter produção total de frutos.

## AGRADECIMENTOS

À Secretária de Ciência e Tecnologia do Estado do Pará (SECTAM/FUNTEC), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Agência de Desenvolvimento da Amazônia (ADA), pelo apoio financeiro.

## REFERÊNCIAS

- BOVI, M.L.A.; RESENDE, M.D.V.; SPIERING, S.H. Genetic parameters estimation in King palm through a mixed mating system model. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 1, p. 93-98, 2003.
- BOVI, M.L.A.; RESENDE, M.D.V.; SÁES, L.A.; UZZO, R.P. Genetic analysis for sooty mold resistance and heart of palm yield in Archontophoenix. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 178-184, 2004.
- CALZAVARA, B.B.G. **As possibilidades do açazeiro no estuário Amazônico**. Belém-PA: FCAP, 1972. 103p. (Boletim, 5).
- CALZAVARA, B.B.G. Importância do açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) como produtor de frutos e palmito para o Estado do Pará. In: ENCONTRO NACIONAL DE PESQUISADORES EM PALMITO, 1., 1987. Curitiba. **Anais...** Curitiba: Embrapa-CNPq, 1988. p. 249-259.
- CLEMENT, C.R. Domesticated palms. **Principes**, Lawrence, v. 36, n.2, p. 70-78. 1992.
- FARIAS NETO, J.T. de; RESENDE, M.D.V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.
- FARIAS NETO, J.T. de; OLIVEIRA, M.S.P. de; MULLER, A.A.; NOGUEIRA, O.L.; ANAISSI, D.F.S.P. Variabilidade genética em progênies jovens de açazeiro. **Cerne**, Lavras, v.11, n.4, p.336-341, 2005.
- FARIAS NETO, J.T. de; RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, M.S.P. de; SANTOS, N.S.A.; CANUTO, E.L.; NOGUEIRA, O.L.; MULLER, A.A. Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açai (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. **Cerne**, Lavras, v.13, n.4, p. 376-383. 2007.
- JARDIM, M.A.G. **Aspectos da biologia reprodutiva de uma população natural de açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) no Estuário Amazônico**. 1991. 90f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1991.
- OLIVEIRA, M.S.P. de; CARVALHO, J.E.U. de; NASCIMENTO, W.M.O. do; MULLER, C.H. **Cultivo do açazeiro visando à produção de frutos**. Belém-PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2002. 18p (Circular Técnica, 026).
- PACHECO, N.A.; BASTOS, T.X. **Caracterização climática do Município de Tomé-Açu, PA**. Belém-PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2001. 18p. (Documentos, 87).
- RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.22, n.11, p.44-52, 2000.
- RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**, Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE ON EUCALYPTUS PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, 1995, Hobart, Australia. **Proceedings papers...** Sandy Bay: CRCTHF, 1995. p.167-170.
- ROGEZ, H. **Açai: preparo, composição e melhoramento da conservação**. Belém-PA: EDUFPA, 2000. 312p.
- SOUZA, P.C.A. de. **Aspectos ecológicos e genéticos de uma população natural de *Euterpe oleracea* Mart. no Estuário Amazônico**. 2002. 60 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.
- STURION, J. A.; RESENDE, M.D.V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.50, p.3-10. 2004.
- TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 3.ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. 719p.