

Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil

João Tomé de Farias Neto ^(1*); Charles Roland Clement ⁽²⁾; Marcos Deon Vilela de Resende ⁽³⁾

⁽¹⁾ Embrapa Amazônia Oriental. Trav. Dr. Enéas Pinheiro s/n, 6609-100, Belém (PA), Brasil.

⁽²⁾ Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia (INPA), Av. André Araújo, 2936, 69083-000, Manaus (AM), Brasil.

⁽³⁾ Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, km 11, Caixa Postal 319, 83411-000 Colombo (PR), Brasil.

^(*) Autor correspondente: joao.farias@embrapa.br

Recebido: 17/Dez./2012; Aceito: 10/Jun./2013

Resumo

O estudo objetivou estimar parâmetros e valores genéticos para os caracteres número de cachos (NC), peso médio do cacho (PMC) e peso total do cacho (PTC) aos seis anos, pelo método de modelos mistos (REML/BLUP). O teste de progênies foi estabelecido sob o delineamento de blocos ao acaso com 50 tratamentos (progênies), 10 blocos e uma planta por parcela, no espaçamento de 5 x 5 m, além de uma bordadura externa ao experimento. As estimativas de herdabilidade individual e médias no sentido restrito para PTC (0,213 e 0,360) e NC (0,286 e 0,435), respectivamente, foram de boas magnitudes. O coeficiente de variação genética individual exibiu valores elevados para PTC (19,86) e NC (17,59). A raiz quadrada da herdabilidade ao nível de médias das progênies resulta em acurácia seletiva na ordem de 0,60 para PTC e 0,66 para NC, atestando boa precisão e confiança nos parâmetros genéticos estimados, promovendo segurança na seleção. O potencial da população para fins de melhoramento pode ser observado por meio dos ganhos genéticos para PTC, que oscilaram de 8,3 a 19,9 kg, elevando a nova média populacional para o caráter após um ciclo de seleção, para 40,4 kg, equivalente a 25,8%.

Palavras-chave: *Bactris gasipaes*, melhoramento genético, ganho genético, teste de progênies, REML/BLUP.

Estimates of genetic parameters and selection gain for fruit production in open-pollinated progenies of peach palm in the State of Pará, Brazil

Abstract

The study aimed to estimate parameters and breeding values for the traits number of bunches (NC), average weight of bunch (PMC) and total weight of the bunch (PTC) in palm-trees on six years, by the method of mixed models (REML/BLUP). The progeny test was established under a randomized block design with 50 treatments (progeny), 10 blocks and one plant per plot, spaced 5 x 5 m, and an outer boundary to the experiment. Magnitudes of heritability estimates at the individual level and averages in the narrow sense for PTC (0.21 and 0.36) and NC (0.286 and 0.435) were good. The coefficient of genetic variation at the level of individual exhibited moderate values for PTC (19.86) and NC (17.59). The square root of heritability for the average of the progeny results in selective accuracy in the order of 0.60 to 0.66 for PTC and NC, confirming good accuracy and confidence in genetic parameters estimated by promoting security in the selection. The potential for the population for improvement can be observed by means of genetic gains for PTC that ranged from 8.3 to 19.9 kg, increasing the mean of the new population for the character, after one cycle of selection to 40.4 kg, equivalent to 25.8%.

Key words: *Bactris gasipaes*, genetic improvement, genetic gain, progeny trial, REML/BLUP.

1. INTRODUÇÃO

A pupunheira (*Bactris gasipaes Kunth*) é uma palmeira de crescimento rápido que pode atingir uma altura de 20 metros. Geralmente forma uma pequena touceira. É encontrada no trópico úmido das Américas entre as latitudes 16°S e 17°N (MORA-URPI et al., 1997). A pupunheira é cultivada de duas formas muito distintas de exploração: para fruto e para palmito. Na Amazônia brasileira a pupunheira é cultivada quase exclusivamente

para fruto, principalmente por agricultores de baixa renda. Praticamente todos possuem um número reduzido de plantas dessa espécie. O fruto quando maduro possui um epicarpo fibroso que varia de cor, podendo ser vermelho, laranja ou amarelo, e um mesocarpo que varia de amiláceo a oleoso, com um endocarpo envolvendo uma amêndoa fibrosa e oleosa. O principal uso do fruto é cozido na forma inteira e consumido como parte do lanche ou do café de manhã. A pupunha foi domesticada pelos Ameríndios, o que resultou em

diversas variedades tradicionais que se diferenciam principalmente pelo tamanho do fruto e pela percentagem de óleo (MORA-URPI et al., 1997; CLEMENT et al., 2009).

Quanto aos aspectos reprodutivos, a pupunheira é uma espécie monóica, possuindo flores masculinas e femininas na mesma inflorescência (MORA-URPI et al., 1997). Ainda, segundo esse mesmo autor, a planta é alógama e possui um sistema de incompatibilidade gamética, o que pode levar à produção de frutos partenocárpicos. A inflorescência monóica aparece nas axilas das folhas senescentes. Após a polinização, os cachos podem conter entre 50 e 1.000 frutos e pesar de 1 a 25 kg (CLEMENTE et al., 2009). Um único tronco é capaz de produzir de dois a seis inflorescências/ano, podendo atingir dez.

O plantio da pupunheira em nível comercial é feito por meio de mudas originadas de sementes, uma vez que a multiplicação vegetativa por embriogênese somática (cultura de tecidos) para a produção de propágulos em larga escala encontra-se em fase de validação. Assim, para que a cultura da pupunha conquiste avanços agrônômicos, como aconteceu nas demais culturas industriais que são cultivadas por meio de sementes, é preciso investir no melhoramento genético da espécie produzindo cultivares superiores, na formação de pomares de sementes e no oferecimento ao agricultor de sementes de boa qualidade genética e fisiológica.

O melhoramento genético depende do acerto na escolha dos melhores indivíduos para serem os genitores das próximas gerações, de modo a reduzir esforços e abreviar o tempo necessário para obtenção de materiais genéticos superiores. Uma das maneiras de identificar os indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação morfo-genética dos candidatos à seleção. A seleção deve ser feita com base nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados. Nesse sentido, uma eficiente estimativa dos parâmetros genéticos constitui base fundamental para o sucesso de qualquer programa de melhoramento.

Os testes de progênies têm sido utilizados como instrumento importante para o trabalho do melhorista na quantificação de parâmetros genéticos por gerarem informações sobre o potencial genético de indivíduos, famílias e clones, entre outros, a serem selecionados e/ou recombinados para um novo ciclo de seleção (RESENDE, 2002a). Nenhuma referência bibliográfica foi encontrada na literatura sobre estimativas de parâmetros genéticos, como a herdabilidade individual e em nível de médias envolvendo produção de frutos em pupunheira.

O estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e prever os valores genéticos aditivos a partir da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), e identificar os materiais genéticos superiores em experimento com progênies de meios irmãos de pupunha para fruto.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O estudo está sendo realizado na estação experimental da Embrapa Amazônia Oriental, localizada no município de Tomé-Açu, no Nordeste paraense localizado a 2°24'50,83" S, 48°08'59,77" W. O clima é quente e úmido, do tipo climático Am, da classificação de Köppen (PACHECO e 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 a 105 mm.

Foram adquiridos em vários mercados municipais nos estados do Pará, de Manaus e de Rondônia aproximadamente 200 cachos de pupunha, todos com principal característica de frutos com coloração vermelhada. Em seguida, parte dos frutos foi cozida e realizada análise sensorial degustativa para se verificar suas qualidades quanto ao sabor, a oleosidade e a textura (ausência de fibras e polpa aguada), e 50 cachos foram selecionados por atender as exigências do paladar e suas sementes foram utilizadas para o plantio.

O teste de progênie foi instalado no delineamento de blocos ao acaso com 50 tratamentos (progênies), 16 blocos e uma planta por parcela, no espaçamento de 5x5 m, além de uma bordadura externa ao experimento. Devido à grande perda de plantas em determinados blocos, os resultados apresentados dizem respeito a apenas dez blocos completos. O peso total do cacho (cacho e frutos) foi obtido aos seis anos pós-plantio, em nível de touceira.

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos lineares mistos (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o software genético-estatístico SELEGEN – REML/BLUP (RESENDE, 2002b), considerando as progênies como sendo de meios-irmãos, seguindo o procedimento proposto por RESENDE (2002a):

$$y = Xb + Za + e,$$

em que:

y, b, a, c, e - vetores de dados, dos efeitos de bloco (fixos), genéticos aditivos (aleatório e de erros aleatórios, respectivamente); X e Z - são matrizes de incidência para b e a, respectivamente).

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

$$\begin{aligned} y|b, v &\sim N(Xb, V) \\ a|A, \sigma_a^2 &\sim N(0, A \sigma_a^2) \\ e|\sigma_e^2 &\sim N(0, I \sigma_e^2) \end{aligned}$$

As covariâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} e \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & R \\ GZ' & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que:

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_e^2$$

$$V = ZA \sigma_a^2 Z' + I \sigma_e^2 = ZGZ' + R.$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} b \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XX' & XZ \\ ZX' & ZZ' + A^{-1} \lambda_1 \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

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

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}; \text{ herdabilidade individual no sentido restrito.}$$

σ_a^2 : variância genética aditiva.

σ_e^2 : variância residual (ambiental + não aditiva).

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

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para o caráter PTC, a estimativa de herdabilidade individual no sentido restrito foi de 21,3%, classificada como de média magnitude conforme RESENDE (2002a). Em pupunheira para fruto, estimativa superior de 0,43 para PTC foi obtida por SILVA et al. (2011). VENCovsky (1987) e RESENDE (2002a) relatam que a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica apresenta herdabilidade individual ao redor de 20%, conforme verificado no presente trabalho (Tabela 1). Para o caráter número de cachos (NC), a estimativa obtida foi de 28,6% e para PMC, de 8,1% (Tabela 1). Estimativas de herdabilidade para caracteres morfo-agronômicos em palmáceas são escassas. SOH et al. (2003) relatam herdabilidades variando de 22 a 36% para caracteres produtivos em dendê. Também SOH (1994), compilado por RESENDE (2002a), relata os seguintes valores para a herdabilidade individual no sentido restrito: 35%; 20% e 15%, para número de cachos, peso de cacho e produção de óleo, respectivamente. Em híbridos envolvendo as espécies *Elaeis guineensis* e *E. oleifera*, as estimativas de herdabilidades individuais com ausência de dominância foram de 24,5, 25,3 e 30,4% para os caracteres PMC, PTC e NC (LOPES et al., 2012). Estes valores são coerentes e próximos dos obtidos no presente trabalho. Em açazeiro, FARIAS NETO et al. (2008) relatam herdabilidades variando de 12,0 a 44,6% e, em coqueiro, estimativas dos coeficientes de determinação

genética em nível de parcelas individuais equivaleram de 16 a 41% (FARIAS NETO et al. 2009). Todas essas estimativas denotam uma situação favorável para a seleção em palmáceas.

Valores mais expressivos foram estimados tendo como unidade de seleção a média entre progênies. Estas estimativas são similares a outras obtidas de ensaios para palmito, tanto de pupunha (FARIAS NETO, 1999; FARIAS NETO e REZENDE, 2001) como de açaí-do-pará (*Euterpe oleracea*) (FARIAS NETO et al., 2008; YOKOMIZO et al., 2012), e demonstram que o valor fenotípico médio das progênies são bons preditores dos valores genéticos e que a seleção fenotípica entre progênies pode ser eficiente.

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética, que expressa a magnitude da variação genética em relação a média do caráter. O coeficiente de variação genética individual exibiu valor de 19,86 para PTC (Tabela 1). Em geral, esse valor é similar aos outros estudos (FARIAS NETO et al., 2008, SILVA et al., 2011) e mostra elevada variação genética, fato que confirma o potencial da população para a seleção, ou seja, ganho genético é esperado aplicando procedimento adequado de seleção nas gerações avançadas de melhoramento.

O coeficiente de variação experimental para PTC de 41,9% (Tabela 1) é coerente com a natureza quantitativa e poligênica do caráter, com grande influência ambiental. Valores moderados a altos de CV_e têm sido verificados em estudos com pupunheira (FARIAS NETO, 1999) e açaí (FARIAS NETO et al., 2008; YOKOMIZO et al., 2012).

Segundo MAIA et al. (2009), a adoção de um número adequado de repetições nos experimentos é determinante para reduzir a variância fenotípica entre as médias das progênies. A raiz quadrada da herdabilidade ao nível de médias das progênies resultou em acurácia seletiva

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres número de cachos (NC), peso médio do cacho (PMC) e peso total do cacho (PTC) em indivíduos de pupunheira. (*Bactris gasipaes*) avaliados aos cinco anos de idade em Tomé-Açú, Pará

Parâmetros Genéticos	NC	PMC (kg)	PTC (kg)
Variância genética aditiva	2,881	86497,13	40,643
Variância ambiental entre parcelas	7,193	920091,87	149,9001
Variância fenotípica	10,074	1006589,07	190,543
Herdabilidade individual no sentido restrito	0,286	0,086	0,213
Herdabilidade da média de progênie	0,435	0,180	0,360
Acurácia na seleção de progênie	0,659	0,4243	0,600
Coefficiente de variação genética individual	17,598	8,938	19,866
Coefficiente de variação genética entre progênies	8,799	4,469	9,933
Coefficiente de variação residual	31,70	30,17	41,85
Coefficiente de variação relativa	0,277	0,148	0,237
Média	9,64	3,29	32,09

moderada (0,60), atestando boa precisão e, com isso, a confiança nos valores genéticos estimados, promovendo segurança na seleção. Segundo RESENDE (2002a), valores dessa magnitude são adequados na fase inicial de programas de melhoramento genético.

Correlações genéticas positivas de altas magnitudes foram estimadas entre PTC com NC (0,784) e PTC com PMC (0,617), fato que mostra que principalmente NC é um grande determinante do PTC, tanto que 12 indivíduos (48%) selecionados para NC também estão entre os 25 indivíduos selecionados para PTC. A correlação genética estimada entre NC e PMC foi de 0,084. Portanto, preferencialmente a seleção para NC proporciona alterações favoráveis no PTC e, conseqüentemente, na produtividade de frutos. Correlações positivas semelhante entre NC e PTC (0,84) e PMC e PTC (0,52) foram encontradas por LOPEZ et al. (2012) em híbridos de dendezeiro.

Os valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população referente à recombinação dos melhores indivíduos, acham-se na tabela 2. No presente trabalho, maximizou-se o ganho genético, preestabelecendo um tamanho efetivo mínimo de 18 para a composição da população de produção de sementes. Desse modo, um total de 25 indivíduos de 9 diferentes progênies foram selecionadas para compor o primeiro ciclo de seleção, com destaque para as progênies 4, 5 e 6, com 4 indivíduos cada. Os valores genéticos oscilaram de 5,197 a 16,942 kg, elevando a nova média populacional para o

PTC, após um ciclo de seleção para 40,4 kg equivalente a um aumento de 25,8%.

O ganho genético para o caráter peso total do cacho, envolvendo a sobreposição de gerações e considerando os 25 melhores genitores e indivíduos, é apresentado na tabela 3. É importante ressaltar que há três estratégias que podem ser adotadas para a formação de pomares de semente, usando a metodologia de modelos lineares mistos ou REML/BLUP: 1) pomar de sementes testado (1,5 geração), com seleção de genitores; 2) pomar de sementes, com seleção de indivíduos no experimento (pomar de segunda geração); 3) pomar com sobreposição de geração, que é uma modalidade recente. Esse pomar é constituído da mistura de indivíduos selecionados no experimento com algum genitor superior. Nesse caso, é realizada uma classificação por valores genéticos preditos, e os materiais superiores são incluídos no pomar de sementes sem levar em consideração se pertencem à geração atual ou anterior (RESENDE, 2002a).

Observa-se que entre os 25 melhores indivíduos a serem incluídos no pomar de sementes com sobreposição de geração, 3 deles na classificação para a característica (identificado por zero na coluna bloco) referem-se aos genitores 20, 30 e 33. Sob processo de seleção, indivíduos da geração atual tendem a ser melhores que aqueles da geração anterior, como esperado, apesar dos genitores 20, 30 e 33 serem superiores a muitos indivíduos da geração atual e poderiam ser mantidos na população de melhoramento.

Tabela 2. Valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e novas médias da população com base na seleção dos 25 melhores indivíduos para o caráter peso total do cacho de pupunheira (*Bactris gasipaes*) avaliados aos 5 anos de idade em Tomé-Açú, Pará

Ordem	Bloco	Progênie	Valores Fenotípicos	Valores Genéticos	Ganho Genético	Nova Média
1	5	20	108,955	16,942	16,942	49,03
2	2	20	84,563	13,232	15,087	47,12
3	2	30	84,001	11,325	13,833	45,92
4	10	33	73,437	10,343	13,036	45,13
5	8	38	82,157	10,410	12,511	44,61
6	1	9	81,334	10,289	12,140	44,23
7	4	20	67,175	10,274	11,874	43,96
8	1	21	76,801	9,909	11,628	43,72
9	5	14	77,173	9,337	11,374	43,46
10	6	33	72,278	9,026	11,139	43,23
11	9	30	61,688	8,179	10,870	42,96
12	4	14	63,903	7,487	10,588	42,68
13	5	47	69,234	6,902	10,304	42,40
14	5	45	62,424	6,825	10,05	42,15
15	6	11	74,276	6,782	9,838	41,93
16	4	33	54,379	6,586	9,634	41,72
17	8	33	50,025	6,550	9,453	41,54
18	1	45	57,925	6,497	9,289	41,38
19	7	31	60,926	6,147	9,123	41,21
20	6	20	46,040	6,118	8,973	41,06
21	6	19	59,554	5,878	8,826	40,92
22	9	21	19,060	5,829	8,689	40,78
23	10	9	47,715	5,406	8,547	40,63
24	4	45	51,085	5,301	8,411	40,50
25	7	29	67,781	5,197	8,283	40,37
Acurácia seletiva						60,02

Tabela 3. Valores genéticos preditos para o caráter peso total do cacho por seleção com sobreposição de geração dos 25 melhores indivíduos para produção total de frutos de progênies de pupunheira. (*Bactris gasipaes*) avaliados aos 6 anos de idade em Tomé-Açu, Pará

Bloco	Progênies	Efeito genético aditivo predito (a)	Ganho genético	Nova média
5	20	16,942	16,942	49,033
2	20	13,232	15,087	47,178
2	30	11,325	13,833	45,924
10	33	10,644	13,036	45,127
0	20	10,602	12,549	44,640
8	38	10,410	12,192	44,284
1	9	10,289	11,920	44,012
4	20	10,274	11,715	43,806
1	21	9,909	11,514	43,605
5	14	9,337	11,297	43,388
6	33	9,026	11,090	43,181
9	30	8,179	10,847	42,939
4	14	7,487	10,589	42,680
0	33	6,928	10,327	42,419
5	47	6,902	10,091	42,190
5	45	6,825	9,895	41,986
6	11	6,782	9,712	41,803
4	33	6,585	9,538	41,629
8	33	6,550	9,381	41,471
1	45	6,497	9,236	41,328
0	30	6,236	9,094	41,185
7	31	6,147	8,959	41,050
6	20	6,118	8,836	40,927
6	19	5,878	8,713	40,804
9	21	5,829	8,597	40,688

4. CONCLUSÃO

A população estudada apresenta considerável variabilidade genética, fato primordial e que permite a continuidade do programa de melhoramento desta população e de excelentes possibilidades para aumento da produção de frutos via seleção. Na formação do pomar de sementes, recomenda-se, para o grupo de progênies avaliadas neste experimento, a estratégia de sobreposição de geração, considerando também os genitores com potencial acima dos demais.

REFERÊNCIAS

- CLEMENT, C.R.; KALIL FILHO, A.N.; MODOLO, V.A.; YUYAMA, K.; PICANÇO RODRIGUES, D.; van LEEUWEN, J.; FARIAS NETO, J.T.; CRISTO ARAÚJO, M.; CHÁVEZ FLORES, W.B. Domesticação e melhoramento de pupunha. In: BORÉM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C.R. (Ed.). Domesticação e melhoramento: espécies amazônicas. Viçosa: Editora UFV, p.367-398, 2009.
- FARIAS NETO, J.T. Estimativas de parâmetros genéticos em progênies de meios-irmãos de pupunheira. Boletim de Pesquisa Florestal, v.39, p.109-117, 1999.
- FARIAS NETO, J.T.; 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, v.23, p.320-324, 2001. DOI: 10.1590/S0100-29452001000200024
- FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, M.S.P.; NOGUEIRA, O.L.; FALCÃO, P.N.B.; SANTOS, N.S.A. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênies de polinização aberta de açaizeiro. Revista Brasileira de Fruticultura, v.30, p.1051-1056, 2008. DOI: 10.1590/S0100-29452008000400035
- FARIAS NETO, J.T.; LINS, P.M.P.; RESENDE, M.D.V.; MULLER, A. A Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. Revista Brasileira de Fruticultura, v.31, p.190-196, 2009. DOI: 10.1590/S0100-29452009000100026
- LOPES, R.; CUNHA, R.N.V.; RESENDE, M.D.V. Produção de cachos e parâmetros genéticos de híbridos de caiauí com dendezeiro. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.47, p.1496-1503, 2012. DOI: 10.1590/S0100-204X2012001000012
- MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTE, J.J.V.; BARROS, I.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. Pesquisa Agropecuária Tropical, v.39, p.43-50, 2009.
- MORA URPÍ, J.; WEBER, J.C.; CLEMENT, C.R. Peach palm, *Bactris gasipaes* Kunth. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops, 20. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research – IPK / International Plant Genetic Resources Institute - IPGRI, Gatersleben / Rome, 1997. 83p.
- PACHECO, N.A.; BASTOS, T.X. Caracterização climática do Município de Tomé-Açu, PA. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 18p., 2001. (Embrapa Amazônia Oriental. Documentos, 87)
- RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47)
- RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002a. 975p.
- RESENDE, M.D.V. Software SELEGEN – REML/BLUP. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67p. (Embrapa Florestas – Documentos 77)
- SOH, A.C. Ranking parents by best linear unbiased prediction (BLUP) of breeding values in oil palm. Euphytica, v.76, p.13-21, 1994. DOI: 10.1007/BF00024016
- 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.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). Melhoramento genético do milho. 2ed. Campinas: Fundação Cargill, v.1, p.137-214, 1987.
- YOKOMIZO G.K.; QUEIROZ, J.A.L., CAVALCANTE, E.S.; PINHEIRO, I.N., SILVA, P.A.R., MOCHIUTTI, S. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de Euterpe oleracea coletadas no Afuá-Pará nas condições do Amapá. Cerne, v.18, p.205-213, 2012. DOI: 10.1590/S0104-77602012000200004