



Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos¹

Selection of experimental clones of cupuaçu for the agro industry using mixed models

Maria Clideana Cabral Maia^{2*}, Marcos Deon Vilela de Resende³; Luís Cláudio de Oliveira⁴; Virgínia de Souza Álvares⁵; Vlayrton Tomé Maciel⁶; Angélica Costa de Lima⁷

Resumo - As estatísticas REML/BLUP são análises mais detalhadas e podem ser usadas como critérios seletivos na rotina dos programas de melhoramento do cupuaçu. O objetivo desse trabalho é a seleção de clones experimentais pré-melhorados para características agroindustriais via modelos mistos. Os experimentos incluíram oito clones experimentais, obtidos a partir de seleção massal estratificada em área de produtor com base na produtividade, características tecnológicas e sanidade das matrizes. Para a avaliação foram considerados variáveis de componentes primários da produção (peso do fruto – g e peso da polpa – g); caracteres agroindustriais (comprimento do fruto – cm, diâmetro do fruto – cm, diâmetro da casca – mm, peso de sementes – g, número de sementes, firmeza do fruto, °Brix, pH e vitamina C). Foram estimados via modelos mistos os componentes de variância por REML individual e os componentes de médias (BLUP individual). Os dados foram analisados através da metodologia REML/BLUP (Maximum Restricted Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction) com o emprego do software Selegen. Os melhores clones (27, 29 e 31) com destaque para o clone 29 apresentando maiores ganhos genéticos com médias finais superiores a média geral para as variáveis comprimento de fruto, diâmetro do fruto, peso de fruto, firmeza do fruto, diâmetro de casca, peso de polpa, peso de sementes, °Brix, pH e vitamina C. A variável peso de fruto apresentou alta correlação genética com diâmetro de fruto, peso de polpa e peso de sementes. O atributo diâmetro do fruto pode ser usado para extrapolar resultados para os demais caracteres por ser de medição mais fácil e menos factível de erros. Os clones 27, 29 e 31 por suas características agroindustriais favoráveis podem fazer parte da composição de um pomar comercial.

Palavras chave - *Theobroma grandiflorum*. Componentes de variância. Componentes de médias.

Abstract - The statistical methods REML/BLUP are detailed analyses and can be used as selective criteria in the routine of breeding programs cupuaçu. This study had as its objective the selection of pre-improved experimental clones for agro industries via mixed models. The experiments included 8 experimental clones, obtained using stratified mass selection from orchards based on productivity, technological characteristics, and the health of the plant matrices. To evaluation it's considered variables of the primary components of production and agro industry characters. We used mixed models to estimates the components of variance by REML individual and to estimates the components of averages (BLUP individual). The data were analyzed by the REML/BLUP methodology using the SELEGEN. The best clones were (27, 29 and 31 clone) 29 showed higher genetic gains with average final above the overall average for the variables fruit length, fruit diameter, fruit weight, fruit firmness, diameter of coat, weight of pulp, seed weight, °Brix, pH and vitamin C. The fruit weight showed high genetic correlation with fruit diameter, weight of pulp and seed weight, fruit diameter. The attribute fruit weight can be used to extrapolate results for the other characters because of its easier measurement and less prone for errors. Clones 27, 29 and 31, for their favorable agro industry characteristics, might be part of the composition of a commercial orchard.

Key words - *Theobroma grandiflorum*. Variance components. Components of averages

*Autor para correspondência.

¹Recebido para publicação 07/10/2010 e aprovado em 27/01/2011.

²Embrapa Acre, clideana@cpafac.embrapa.br

³Universidade Federal de Viçosa, marcos.deon@gmail.com

⁴Embrapa Acre, lclaudio@cpafac.embrapa.br

⁵Embrapa Acre, virginia@cpafac.embrapa.br

⁶Embrapa Acre, vlayrton@cpafac.embrapa.br

⁷Embrapa Acre, angelicalima27@hotmail.com

Introdução

As fontes de variação em uma análise estatística podem ser tomadas como efeitos fixos ou estocásticos dependendo da natureza da variação assumida, isto é, de como as informações experimentais são consideradas na análise dos dados. Neste contexto, os modelos mistos se apresentam como elementos mais realísticos, resultando na obtenção de resultados mais acurados.

A aplicação de procedimentos genético-estatísticos mais refinados como o é a análise padrão de estimação de componentes de variância e predição de componentes de média via REML/BLUP individuais constituem em uma tendência recente no melhoramento genético de plantas, fornecendo parâmetros adicionais importantes na identificação de materiais genéticos superiores.

A predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância são atividades essenciais no melhoramento de plantas perenes constituindo em técnicas ótimas de avaliação genética, sendo que o procedimento padrão de estimação/predição é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) (RESENDE, 2000 a,b).

Para Maia *et al.* (2009), a estrutura genética de uma população de plantas pode ser bem particionada, através de predições de componentes de médias e estimativas de componentes de variância. Tais informações são importantes no direcionamento dos programas de melhoramento genético e funcionam como facilitadoras do processo seletivo, servindo, em última análise, como referencial teórico que dá suporte às recomendações dos materiais comerciais.

Espécies em domesticação com pouca informação sobre sua genética e distribuição da variabilidade genética representam um fator de complexidade para o estabelecimento de estratégias de melhoramento. A avaliação genética representa uma ferramenta de impacto uma vez que permite a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos que auxiliam tanto nos programas de melhoramento genético quanto na conservação da espécie. O melhoramento genético do cupuaçu na Embrapa Acre encontra-se em fase inicial. Neste sentido, a análise genética pode representar um ponto de partida para estabelecer critérios de seleção dos genótipos experimentais estudados, se constituindo em suporte teórico importante na obtenção de material genético agronomicamente superior de modo mais eficaz.

Em última instância o que mais interessa ao produtor é o desempenho produtivo, sendo esta característica determinada por seus componentes primários e secundários, tais como: resistência a pragas e doenças,

elevada capacidade de frutificação, arquitetura favorável assim como adaptabilidade e estabilidades genotípicas do material melhorado.

A avaliação de espécies perenes pressupõe a realização de medições repetidas em cada indivíduo, o que representa uma dificuldade intrínseca ao melhoramento genético dessas espécies por envolver tempo, geralmente, elevado para recomendação de um cultivar superior, fato que pode levar a obtenção de um material obsoleto ao final do processo seletivo. A proposta da avaliação genética para seleção precoce prevê a reunião de informações científicas que subsidiem a formação de uma população base para o melhoramento dessa espécie relativamente pouco estudada.

Por suas características agroindustriais o fruto do cupuaçu se constitui em matéria prima para processamento de derivados com valor agregado bastante desejáveis no agronegócio, principalmente, da região Norte do Brasil onde é crescente a procura por materiais genéticos melhorados dessa cultura.

As estatísticas REML/BLUP são análises mais detalhadas e podem ser usadas como critérios seletivos na rotina dos programas de melhoramento do cupuaçu. Objetivou-se com esse trabalho selecionar clones experimentais pré-melhorados para características agroindustriais via modelos mistos.

Material e métodos

O experimento incluiu oito clones experimentais, obtidos a partir de seleção massal estratificada em área de produtor com base na produtividade, características tecnológicas e sanidade das matrizes, sendo realizada a correção das médias dos clones em relação à média do estrato. Cada estrato era composto de 50 progênies de meios-irmãos. Os oito clones foram pré-selecionados de uma população base composta de 350 plantas matrizes. Foi realizada uma amostragem representativa de oito frutos por planta para tomada de dados.

Para a avaliação foram considerados variáveis de componentes primários da produção (peso do fruto – g e peso da polpa – g); caracteres agroindustriais (comprimento do fruto – cm, diâmetro do fruto – cm, diâmetro da casca – mm, peso de sementes – g, número de sementes, firmeza do fruto, °Brix, pH e vitamina C).

O modelo matemático utilizado foi o que segue: ($y = Xb + Zg + e$), em que: y , b , g , e : vetores de dados observados, de efeitos de blocos (efeito fixo), de valores genotípicos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente. X e Z : matrizes de incidência para b e g , respectivamente.

Equações de Modelo Misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ g \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

Onde I é uma matriz identidade; σ_g^2 é a variância genotípica e σ_e^2 a variância residual.

Estimador ML:

Segundo o modelo apresentado e o algoritmo EM, os estimadores para obtenção de σ_g^2 e σ_e^2 são:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y] / [N - r(X)]; \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \sigma_e^2 t C^2] / N_g, \text{ em que:}$$

N_g : número de elementos aleatórios (indivíduos);

I : matriz identidade;

tr : operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz;

N : número total de dados;

$r(X)$: posto ou número de colunas linearmente independentes de X ; e

C^{22} é da fórmula:

$$\begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}$$

A^{-1} matriz de correlação genética aditiva e de dominância entre os clones experimentais avaliados.

As soluções para as equações de modelo misto devem ser obtidas por métodos iterativos de resolução de sistemas de equações lineares, tais como o método de Gauss Seidel. A solução direta via inversão da matriz dos coeficientes é impossível na prática.

Para realizar o agrupamento (via o método de Tocher) dos clones experimentais utilizaram-se matrizes de distâncias euclidianas quadradas genéticas e médias genéticas, sendo os coeficientes de correlação genética calculados pela correlação entre os BLUP's univariados.

Todas as análises foram realizadas por meio de software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002).

Resultados e discussão

Para Cruz (2005), uma das fases primordiais de um programa de melhoramento é a escolha de genitores a serem inter cruzados para formar a população base, na qual o pesquisador investirá seus esforços em busca de material genético de maior produtividade, qualidade e adaptação, sendo observados o desempenho relativo a vários atributos,

a capacidade combinatória e a adaptação. Outro aspecto fundamental é a diversidade, esperando-se obter por meio de recombinações gênicas a complementariedade e a variabilidade indispensáveis para que a seleção seja praticada.

O cupuaçuzeiro é uma espécie alógama que apresenta sistema de autoincompatibilidade fato que garante altas taxas de cruzamentos aleatórios. É esperado que uma população com elevado tamanho efetivo se apresente em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Neste sentido, fica patente a condição ideal para o estudo da estrutura genética dessa população no que diz respeito a estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos (REML Individual) e componentes de média (BLUP Individual).

A estatística coeficiente de variância de natureza genotípica (CVgi%) quantifica a porcentagem de variação genética acessível nos materiais genéticos experimentais, sendo altos valores desejáveis. Alves e Resende (2008) relatam coeficientes de variação genética variando de 27% a 88% no âmbito de progênies de meios irmãos de cupuaçu e de 38% a 123% no âmbito individual como estatísticas que revelam excelentes possibilidades para seleção na população estudada. Para todas as variáveis consideradas os coeficientes de variação experimentais foram de maior monta que os de natureza genética, obviamente, devido a influência marcante do efeito ambiental na manifestação dessas variáveis.

Por outro lado, o coeficiente de variação ambiental (CVe%) tem uma propriedade referencial sobre o nível de precisão com que o experimento foi conduzido. É conhecido que em se tratando de atributos governados por vários complexos gênicos e muito influenciado pelas condições ambientais de cultivo apresentam, via de regra, altas magnitudes de CVe%. Os maiores coeficientes de ordem experimental foram apresentados pelos caracteres: comprimento de frutos, firmeza de frutos e vitamina C devido sua variação assistemática, isto é, de sentido e direção incertos dificultando seu controle na experimentação. A seleção de clones com base nessas variáveis não pode ser feita com certeza matemática.

O coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo extrai a variância aditiva e de dominância entre as unidades de seleção da variância fenotípica entre unidades de seleção que serve ao propósito da seleção de clones visto que transmite via clonagem toda variância genética. Valores medianos de herdabilidade foram encontrados para os seguintes atributos: diâmetro do fruto (44%), peso do fruto (33%), firmeza do fruto (31%), diâmetro da casca (39%) e peso da polpa (35%). Esse resultado indica condição favorável para ganho genético com seleção via variáveis consideradas. Para as demais características os

Tabela 1 - Estimativas dos componentes de variância (REML individual) e dos componentes de médias (BLUP individual) para as variáveis: comprimento do fruto, diâmetro do fruto, peso do fruto, firmeza do fruto, diâmetro da casca, peso da polpa, peso de sementes, número de sementes, °Brix, pH e vitamina C, de 8 clones experimentais de cupuaçu

COMPRIMENTO DO FRUTO							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
33	10,38	Vg	63,703691	1,5651	178,1731	1,5651	178,1731
29	5,76	Ve	32698,667423	0,5290	177,1370	1,0470	177,6550
27	10,82	Vf	32762,371114	-0,0557	176,5523	0,6795	177,2875
31	5,76	h2g	0,001944 +/- 0,0158	-0,2574	176,3506	0,4452	177,0532
26	8,90	CVgi%	4,519308	-0,3224	176,2856	0,2917	176,8997
32	-	CVe%	102,389316	-0,3696	176,2384	0,1815	176,7895
30	10,38	CVr	0,044138	-0,3837	176,2243	0,1008	176,7088
34	10,82	PEV	62,367148	-0,7053	175,9027	0,0000	176,6080
		SEP	7,897287				
	Média Geral		176,608005				
DIÂMETRO DO FRUTO							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
29	83,26	Vg	168,382922	17,0212	129,9001	17,0212	129,9001
27	87,69	Ve	215,760282	12,6917	125,5706	14,8564	127,7354
32	73,03	Vf	384,143204	6,0051	118,8840	11,9060	124,7849
31	83,26	h2g	0,438334 +/- 0,2378	2,8349	115,7138	9,6382	122,5171
33	87,42	CVgi%	11,495719	-3,5169	109,3620	7,0072	119,8861
30	87,42	CVe%	13,012863	-6,6141	106,2649	4,7370	117,6159
34	87,69	CVr	0,883412	-11,9464	100,9326	2,3536	115,2326
26	86,37	PEV	17,568100	-16,4755	96,4035	0,0000	112,8789
		SEP	4,191432				
	Média Geral		112,878932				
PESO DO FRUTO							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
29	78,41	Vg	43542,506694	193,9010	1284,8825	193,9010	1284,8825
31	78,41	Ve	90245,941120	182,5856	1273,5671	188,2433	1279,2248
32	65,55	Vf	133788,447813	144,3376	1235,3191	173,6081	1264,5896
27	84,66	h2g	0,325458 +/- 0,2049	122,0405	1213,0219	160,7162	1251,6977
26	82,74	CVgi%	19,126669	-86,3513	1004,6302	111,3027	1202,2842
34	84,66	CVe%	27,535722	-128,1541	962,8273	71,3932	1162,3747
30	84,27	CVr	0,694613	-169,3532	921,6283	37,0009	1127,9823
33	84,27	PEV	6903,445532	-259,0061	831,9753	0,0000	1090,9815
		SEP	83,086976				
	Média Geral		1090,981459				continua.....

Tabela 1 - Continua

FIRMEZA DO FRUTO							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
30	83,86	Vg	0,187840	0,5440	1,8966	0,5440	1,8966
27	84,26	Ve	0,410164	0,4340	1,7866	0,4890	1,8416
26	82,27	Vf	0,598004	0,2720	1,6247	0,4167	1,7693
33	83,86	h2g	0,314111 +/- 0,2013	-0,0141	1,3385	0,3090	1,6616
32	64,68	CVgi%	32,041660	-0,1966	1,1560	0,2079	1,5605
34	84,26	CVe%	47,347850	-0,2980	1,0546	0,1235	1,4762
31	77,79	CVr	0,676729	-0,3303	1,0224	0,0587	1,4113
29	77,79	PEV	0,031112	-0,4110	0,9416	0,0000	1,3526
		SEP	0,176385				
	Média Geral		1,352628				
DIÂMETRO DA CASCA							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
34	86,63	Vg	0,843947	1,3327	7,6271	1,3327	7,6271
31	81,53	Ve	1,305628	0,6441	6,9385	0,9884	7,2828
29	81,53	Vf	2,149575	0,4257	6,7201	0,8009	7,0953
26	85,09	h2g	0,392611 +/- 0,2251	-0,0058	6,2886	0,5992	6,8936
30	86,32	CVgi%	14,594976	-0,0818	6,2126	0,4630	6,7574
32	70,24	CVe%	18,153292	-0,2460	6,0484	0,3448	6,6392
33	86,32	CVr	0,803985	-0,8179	5,4765	0,1787	6,4731
27	86,63	PEV	0,104059	-1,2512	5,0432	0,0000	6,2944
		SEP	0,322581				
	Média Geral		6,294400				
PESO DE POLPA							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
				Seleção de Clones			
	Acurácea			g	u + g	Ganho	Nova média
27	85,51	Vg	21778,196840	172,0456	837,5893	172,0456	837,5893
29	79,74	Ve	40069,498563	137,5950	803,1387	154,8203	820,3640
31	79,74	Vf	61847,695403	79,5976	745,1413	129,7460	795,2898
32	67,51	h2g	0,352126 +/- 0,2132	63,4609	729,0047	113,1747	778,7185
26	83,76	CVgi%	22,173504	-56,7043	608,8395	79,1989	744,427
34	85,51	CVe%	30,076710	-101,7987	563,7451	49,0327	714,5764
30	85,16	CVr	0,737232	-129,9717	535,5721	23,4606	689,0044
33	85,16	PEV	3120,704059	-164,2243	501,3194	0,0000	665,5438
		SEP	55,863262				
	Média Geral		665,54377				

Tabela 1 - Continua

PESO DE SEMENTES							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
	Acurácea			Seleção de Clones			
				g	u + g	Ganho	Nova média
27	64,56	Vg	336,610266	17,3079	216,2623	17,3079	216,2623
32	37,12	Ve	3598,280330	11,2608	210,2152	14,2844	213,2388
29	52,53	Vf	3934,890596	4,9340	203,8883	11,1676	210,1220
31	52,53	h2g	0,085545 +/- 0,1051	4,0754	203,0298	9,3945	208,3489
26	60,28	CVgi%	9,221683	-2,9481	196,0062	6,9260	205,8804
30	63,63	CVe%	30,150465	-8,7886	190,1658	4,3069	203,2613
33	63,63	CVr	0,305855	-9,7210	189,2334	2,3029	201,2573
34	64,56	PEV	165,897715	-16,1205	182,8339	0,0000	198,9544
		SEP	12,880129				
		Média Geral	198,954367				
NÚMERO DE SEMENTES							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
	Acurácea			Seleção de Clones			
				g	u + g	Ganho	Nova média
31	7,37	Vg	0,171627	0,0762	27,4101	0,0762	27,4101
34	12,33	Ve	75,243742	0,0208	27,3547	0,0485	27,3824
32	-	Vf	75,415368	0,0168	27,3507	0,0380	27,3718
30	11,88	h2g	0,002276 +/- 0,0171	0,0052	27,3390	0,0298	27,3636
27	12,33	CVgi%	1,515624	0,0030	27,3368	0,0244	27,3583
26	10,39	CVe%	31,734686	-0,0026	27,3312	0,0199	27,3538
29	7,37	CVr	0,047759	-0,0574	27,2765	0,0089	27,3427
33	11,88	PEV	0,167426	-0,0620	27,2719	0,0000	27,3339
		SEP	0,409177				
		Média Geral	27,333861				
°BRIX							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
	Acurácea			Seleção de Clones			
				g	u + g	Ganho	Nova média
34	79,34	Vg	1,009622	0,7626	11,8610	0,7626	11,8610
30	78,76	Ve	3,745738	0,7453	11,8436	0,7539	11,8523
29	70,59	Vf	4,755360	0,5875	11,6858	0,6984	11,7968
26	76,53	h2g	0,212312 +/- 0,1655	0,3397	11,4381	0,6088	11,7071
32	55,36	CVgi%	9,053369	0,0022	11,0962	0,4866	11,5849
31	70,59	CVe%	17,4384998	-0,3539	10,7444	0,3465	11,4449
33	78,76	CVr	0,519171	-0,5166	10,5818	0,2232	11,3216
27	79,34	PEV	0,254638	-1,5623	9,5361	0,0000	11,0984
		SEP	0,504617				
		Média Geral	11,098380				

Tabela 1 - Continua

pH							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
	Acurácea			Seleção de Clones			
				g	u + g	Ganho	Nova média
27	75,75	Vg	0,072803	0,2825	4,1199	0,2825	4,1199
29	65,76	Ve	0,366112	0,1838	4,0212	0,2331	4,0706
30	75,06	Vf	0,438915	0,0921	3,9296	0,1861	4,0236
33	75,06	h2g	0,165871 +/- 0,1463	0,0808	3,9183	0,1598	3,9973
26	72,44	CVgi%	7,031191	-0,0090	3,8285	0,1260	3,9635
32	49,90	CVe%	15,767419	-0,0978	3,7397	0,0887	3,9262
34	75,75	CVr	0,445932	-0,2166	3,6209	0,0451	3,8826
31	65,76	PEV	0,022841	-0,3158	3,5217	0,0000	3,8375
		SEP	0,151132				
		Média Geral	3,837481				

Vitamina C							
Clone	Componentes de Variância (REML Individual)			Componentes de Médias (BLUP Individual)			
	Acurácea			Seleção de Clones			
				g	u + g	Ganho	Nova média
32	8,13	Vg	0,233878	0,0762	10,7573	0,0762	10,7573
31	13,79	Ve	47,068401	0,0670	10,7480	0,0716	10,7527
30	19,26	Vf	47,302279	0,0514	10,7324	0,0649	10,7459
27	19,84	h2g	0,004944 +/- 0,0253	0,0387	10,7198	0,0583	10,7394
29	13,79	CVgi%	4,527725	0,0315	10,7126	0,0530	10,7340
26	17,39	CVe%	64,231811	-0,0270	10,6540	0,0396	10,7207
33	19,26	CVr	0,070490	-0,0524	10,6287	0,0265	10,7075
34	19,84	PEV	0,221757	-0,1854	10,4957	0,0000	10,6811
		SEP	0,470911				
		Média Geral	10,681065				

Vg – variância genotípica, Ve – variância residual, Vf – variância fenotípica individual, h2g – coeficiente de herdabilidade individual no sentido amplo, CVgi% - coeficiente de variação genética aditiva individual, CVe% - coeficiente de variação experimental, CVr - coeficiente de variação relativa, PEV - : variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa, SEP - raiz quadrada da PEV: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa, g – valor genético, u + g – valores genotípicos.

valores dos intervalos levam aqueles coeficientes assumirem o valor zero fato que os descredenciam como parâmetros úteis como referência para seleção. Sabidamente, valores intermediários desse parâmetro são estimados para variáveis de natureza quantitativa (Tabela 1).

Efeitos estocásticos pronunciados na tomada de estimativas de acuráneas de variáveis governadas por vários clusters gênicos e influenciadas pelo ambiente experimental podem levar a obtenção de valores baixos e medianos dessas estimativas como ficou evidenciado para as características: vitamina C, número de sementes,

comprimento de frutos e peso de sementes. Por outro lado, altos valores de variação relativa para diâmetro do fruto (0,88), peso do fruto (0,69), firmeza do fruto (0,68), diâmetro da casca (0,80) e peso de polpa (0,74) levaram a quocientes moderados de herdabilidade (confiabilidade) ao nível de médias de clones possibilitando boas acuráneas para essas variáveis. Para esses atributos e para °Brix e pH, para todos os clones experimentais, altos valores das estimativas de acurácea foram encontrados oportunizando segurança e certeza matemática na prática da seleção. Conseqüentemente, a precisão da seleção com base nessas

variáveis será alta, conforme corroborado pelos baixos desvios padrões dos erros de predição (SEP) com exceção para peso de fruto (83,09).

Os clones experimentais de cupuaçu do programa de melhoramento da Embrapa Acre é constituído por oito clones obtidos a partir de seleção massal estratificada em áreas de produtores com base na produtividade e resistência a doenças.

Espécies que apresentam oportunidade para multiplicação vegetativa representam um fator facilitador para o melhoramento, aumentando significativamente as possibilidades de ganho em eficiência do processo seletivo. Ao considerar a seleção individual de plantas superiores e sua clonagem estamos explorando toda sua variância genética e reproduzindo integralmente seu genoma. O clone 29 destacou-se dos demais, por apresentar maiores ganhos genéticos com médias finais superiores a média geral para as variáveis comprimento de fruto, diâmetro do fruto, peso de fruto, firmeza do fruto, diâmetro de casca, peso de polpa, peso de sementes, °Brix, pH e vitamina C (Tabela 1).

Para os caracteres peso de fruto e peso de polpa, componentes primários da produtividade, o clone 33 mostrou inferioridade para rendimento produtivo. Este clone pode ser descartado do programa de melhoramento principalmente na etapas finais do programa onde um maior número de ensaios com maior número de repetições se faz necessário representando um custo adicional.

O clone 31 se destacou para maior número de sementes e peso de sementes, podendo ser explorado para produção de óleo característica importante para extração de derivados primários da semente do fruto. Este clone apresentou superioridade para as características: comprimento do fruto, diâmetro do fruto, diâmetro da casca e para variáveis implicadas na produtividade (peso do fruto e peso de polpa) podendo ser considerado como de dupla aptidão.

Seguidamente o clone 27 aparece com valores dos componentes primários da produção superiores ao da média geral apresentando adicionalmente altos valores para comprimento do fruto, diâmetro do fruto, firmeza do fruto, peso de sementes e vitamina C. Este clone apresentou pH de 4.1199 fato que o credencia para o consumo na forma de suco, por exemplo, devido sua menor acidez.

A variável peso de fruto (PF) apresentou alta correlação genética com diâmetro de fruto (DF) peso de polpa (Ppolpa) e peso de sementes (PS), podendo o atributo diâmetro do fruto ser usado para extrapolar resultados para os demais caracteres por ser de medição mais fácil e menos factível de erros. Neste sentido, a característica diâmetro de fruto também pode ser utilizada para inferência sobre o °Brix dos frutos de cupuaçu sob essa condição ambiental (Tabela 2).

Outra constatação importante foi observada entre diâmetro da casca e pH, com correlação genética negativa de alta magnitude (-0,7079). Para essas variáveis, quanto maior o diâmetro do fruto, menor o pH. Para seleção de frutos com baixo pH podemos tomar indiretamente frutos com diâmetros de casca maiores. O diâmetro da casca apresenta correlação genética negativa com firmeza. Essa associação forte e negativa indica que frutos com diâmetro de casca maior apresenta menor firmeza de fruto levando a busca por frutos de menor diâmetro de casca para obter frutos com maior firmeza.

Pelo agrupamento de (Tocher) de distâncias euclidiana quadradas e médias genéticas a partição obtida determinou quatro grupos de clones experimentais: grupo 1, com os seguintes clones classificados por similaridade: 31, 32, 30, 33 e 26; o segundo grupo ficou composto do clone 34; o terceiro grupo ficou formado pelo clone 29; e um quarto grupo pelo clone 27. Como pode ser observado houve alta concordância entre as medidas de dissimilaridade com a separação dos clones em quatro grupos disjuntos. Os

Tabela 2 - Coeficientes de correlações genética entre diâmetro de frutos (DF), peso de frutos (PF), firmeza do fruto, diâmetro da casca (DC), peso de polpa (Ppolpa), peso de sementes (PS), teor total de sólidos solúveis (°Brix), Acidez e pH.

	DF	PF	Firmeza	DC	Ppolpa	PS	°Brix	Acidez	pH
DF	1,0000	0,7591	-0,2648	-0,3081	0,8229	0,7653	-0,4384	0,4736	0,4265
PF		1,0000	-0,4050	0,0655	0,9482	0,8209	-0,2608	0,4727	-0,0381
Firmeza			1,0000	-0,6191	-0,2214	0,0433	-0,2537	0,0560	0,5375
DC				1,0000	-0,1511	-0,4990	0,7369	-0,3077	-0,7079
Ppolpa					1,0000	0,8995	-0,4530	0,4726	0,2189
PS						1,0000	-0,6376	0,5381	0,3315
°Brix							1,0000	0,0054	-0,3228
Acidez								1,0000	0,4673
pH									1,0000

clones 27, 29 e 31 por suas características agroindustriais favoráveis podem fazer parte da composição de um pomar comercial. Estudos de divergência genética para espécies que apresentam autoincompatibilidade genotípica como o cupuaçu são importantes para formação de pomares com genótipos com complementariedade gênica refletindo em maiores rendimentos produtivos e industriais (Tabela 3).

Uma população em equilíbrio de espécies alogamas ou panmíticas é constituída prevalentemente por uma mistura equitativa de híbridos onde se estabelece uma complementação acentuada ao nível de genoma entre os indivíduos que se inter cruzam. O vigor de híbrido devido à heterose deve ser buscado e mantido em uma população em equilíbrio. Neste sentido, é esperado que a seleção de clones alocados em grupos geneticamente divergentes redundem em formação de população com complementação gênica apreciável.

É esperado que os clones que sobressaíram e que foram selecionados para os componentes primários da produção e para características agroindustriais tendo também clones (29, 31, 32, 27 e 34) alocados em grupos divergentes haja otimização do esquema seletivo precoce que visa a implementação de experimentos com materiais produtivos e complementares da população de primeiro ciclo.

Tabela 3 - Agrupamento (Tocher) de distâncias euclidianas para os 8 clones experimentais

Agrupamento (Tocher) de Distâncias Euclidianas Quadradas Genéticas	
Grupo	Genótipos
1	31, 32, 30, 33 e 26
2	34
3	29
4	27

Agrupamento (Tocher) de Distâncias Euclidianas Médias Genéticas	
Grupo	Genótipos
1	31, 32, 30, 33 e 26
2	29
3	34
4	27

Conclusões

Os melhores clones foram o 27, 29 e 31, com destaque para o clone 29 apresentando maiores ganhos genéticos, com médias finais superiores a média geral para as variáveis comprimento de fruto, diâmetro do fruto, peso de fruto, firmeza do fruto, diâmetro de casca, peso de polpa, peso de sementes, °Brix, pH e vitamina C.

O diâmetro do fruto pode ser usado para extrapolar resultados para os demais caracteres por ser de medição mais fácil e menos factível de erros.

Os clones 27, 29 e 31 por suas características agroindustriais favoráveis podem fazer parte da composição de um pomar comercial.

Agradecimentos

À FUNTAC/CNPq, Fundação de Tecnologia do Estado do Acre/Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico instituições financiadoras do projeto e à Embrapa Acre pelo apoio na condução do experimento.

Literatura científica citada

- ALVES, R.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**. Jaboticabal – SP, v. 30, n. 3, p. 696-701, 2008.
- CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa. Editora UFV. 2005. 394p.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D.V.; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. de; Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 39, n.1, p. 43-50, 2009.
- RESENDE, M. D. V. *Selegen-Reml/Blup*. 2002.
- RESENDE, M. D. V. de. Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 2000a. 68p. (*Embrapa Florestas*. Documentos, 46).
- RESENDE, M. D. V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 2000b. 101p. (*Embrapa Florestas*. Documentos, 47).