

Análise genética de famílias de meios-irmãos de cupuaçuzeiro

Maria Clideana Cabral Maia¹, Marcos Deon Vilela de Resende², Luís Cláudio de Oliveira¹, Rafael Moisés Alves³, João Luis da Silva Filho⁴, Maurisrael de Moura Rocha⁵, José Jaime Vasconcelos Cavalcante⁴, Givanildo Roncatto¹

¹Embrapa Acre, Rodovia BR-364, Km 14, CP 321, CEP 69908-970, Rio Branco, AC, Brasil

²Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, Km 111, CP 319, CEP 83411-000, Colombo, PR, Brasil

³Embrapa Amazônia Oriental, Trav. Dr. Enéas Pinheiro, s/nº, CP 48, CEP 66095-100, Belém, PA, Brasil

⁴Embrapa Algodão, Rua Osvaldo Cruz, 1.143, CP 174, CEP 58428-095, Campina Grande, PB, Brasil

⁵Embrapa Meio Norte, Av. Duque de Caxias, 5.650, CEP 64066-220, Teresina, PI, Brasil

*Autor correspondente:

clideana@cpafac.embrapa.br

Termos para indexação:

Theobroma grandiflorum

Melhoramento

Seleção precoce

Index terms:

Theobroma grandiflorum

Breeding

Precocious election

Histórico do artigo:

Recebido em 08 mar 2010

Aprovado em 16 fev 2011

Publicado em 30 jun 2011

doi: 10.4336/2011.pfb.31.66.123

Resumo - O cupuaçuzeiro, espécie nativa da região Amazônica, encontra-se em processo de domesticação, apresentando ampla variabilidade genética e condições favoráveis para o estabelecimento de estratégias de melhoramento e conservação. O objetivo foi avaliar geneticamente 36 progênies de meios-irmãos de cupuaçu oriundos de seleção massal estratificada em áreas de produtores, com base nos componentes primários da produtividade. O experimento para seleção das progênies superiores foi instalado no delineamento aleatorizado em blocos, com quatro plantas por parcela e três repetições. Foram consideradas as variáveis de caracterização do fruto (comprimento e largura, ambos em centímetro) e componentes de produção avaliados em grama (peso médio de fruto por planta, peso médio de polpa com sementes por planta e peso médio de polpa por planta). Os dados foram analisados através da metodologia REML/BLUP com o emprego do software Selegen. Para realizar o agrupamento, utilizaram-se matrizes de distâncias euclidianas genéticas e de Mahalanobis. A população experimental possibilitou a seleção de parentais superiores para formação de população base para o melhoramento genético do cupuaçu. Das 36 progênies analisadas, apenas as progênies 9, 10 e 18 mostraram divergência genética, podendo ser recomendadas juntamente com alguma progênie do grupo 1 que mostrar superioridade agrônômica para formar população base de clones experimentais com alta dissimilaridade genética.

Genetic analysis of half-sib progenies of *Theobroma grandiflorum*

Abstract - The cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*), species native from the Amazon region, has been domesticated presenting a broad genetic variability, and thus favorable conditions for establishing of strategies to breeding and genetic conservation. The aim of this work was to evaluate 36 half-sib progenies of *Theobroma grandiflorum* obtained from a stratified mass selection in farmers areas based on primary components of yield. The experiment for selection of elite progenies was set up in a randomized complete block design with three replications and four plants per plot. The fruit traits (length and width, in cm) and components of production (average weight of fruit/plant; average weight of pulp with seeds/plant and average weight of pulp/plant, in g) were evaluated. The data were analyzed through the methodology of REML/BLUP using the Selegen software. Analysis of grouping was performed using the matrix of genetic euclidean distances and Mahalanobis. The experimental population allowed the selection of superior parents for formation of base population to be used in the genetic improvement of cupuaçu. Among the 36 analyzed lineages only the genotypes 9, 10 and 18 showed genetic divergence and they can be recommended with some lineage of group 1 that demonstrates agronomic superiority to form base population of experimental clones with high genetic dissimilarity.

Introdução

O cupuaçuzeiro, espécie nativa da região Amazônica, encontra-se em processo de domesticação, apresentando grande importância socioeconômica para a região (Moraes et al., 1994), ampla variabilidade genética e condições favoráveis para o estabelecimento de estratégias de melhoramento e conservação.

Os frutos do cupuaçuzeiro são muito apreciados pela indústria de alimentos, sendo por isso muito comercializados na região Norte do Brasil. A polpa apresenta sabor agradável e as sementes produzem uma gordura fina, da qual pode ser elaborado o cupulate, semelhante ao chocolate (Vasconcelos et al., 1975). Apesar de sua grande importância, a cultura apresenta baixa produtividade. Desse modo, programas de melhoramento são essenciais como forma de garantir a sustentabilidade de seu sistema produtivo (Alves & Figueira, 2002).

Análises de distribuição da variabilidade genética, estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos dependem dos diferentes ambientes em que se encontram os genótipos. Nas condições do Estado do Acre, onde a Embrapa está iniciando o programa de melhoramento genético do cupuaçuzeiro, este tipo de informação é escasso, porém imprescindível ao estabelecimento de estratégias de seleção e de conservação de germoplasma.

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 o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada) o procedimento padrão de estimação/predição (Souza et al., 2002).

Em se tratando de espécie perene, o melhoramento do cupuaçu requer a realização de medidas repetidas em cada indivíduo, o que representa uma dificuldade intrínseca por envolver tempo geralmente elevado para recomendação de uma cultivar superior. A seleção precoce constitui, assim, uma alternativa mais ágil para a formação de populações-base.

O melhoramento apresenta resultados em consonância aos interesses dos produtores, resumindo-se em material produtivo ou elevada capacidade de frutificação, resistente a pragas e doenças e com adequadas características de adaptabilidade e estabilidade.

Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de identificar materiais genéticos promissores e promover

seleção de progênies de cupuaçu, promover a clonagem dos melhores genitores e formar híbridos de polinização aberta entre as progênies com maior divergência genética.

Material e métodos

A população experimental do programa de melhoramento do cupuaçu da Embrapa Acre é constituída por 36 famílias de meios-irmãos obtidos a partir de seleção massal estratificada, em áreas de produtores, com base na produtividade e resistência a doenças.

O experimento constou de 36 progênies de meios-irmãos de cupuaçu, instaladas em delineamento aleatorizado em blocos, com quatro plantas por parcela e três repetições na área experimental da Embrapa Acre, Rio Branco, AC (09°58'29"S, 67°48'36"W; altitude de 153 m; clima Am, segundo a classificação de Köppen). As variáveis analisadas foram as de caracterização do fruto (comprimento e largura, ambos em cm) e componentes de produção (peso médio, em grama, de fruto por planta; de polpa com sementes por planta e de polpa por planta).

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação das 36 progênies no delineamento de blocos ao acaso com uma observação por parcela:

Modelo linear misto (modelo aditivo univariado)

$$y = Xb + Za + Wc + e, \text{ em que}$$

y, b, a, c e e: vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), dos efeitos genéticos aditivos (aleatórios), de efeitos de parcela (aleatórios) e dos erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W: matrizes de incidência para b, a e c, respectivamente.

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

em que:

$$G = A \sigma_a^2$$

$$R = I \sigma_c^2$$

$$C = I \sigma_e^2$$

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

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2}$$

h^2 : herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;

$c^2 = \sigma_c^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2)$: correlação devida ao ambiente comum da parcela;

σ_a^2 : variância genética aditiva;

σ_c^2 : variância entre parcelas;

σ_e^2 : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva);

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

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.

Visando à formação de híbridos de polinização aberta em população-base isolada, foi estimada a divergência genética entre progênies utilizando-se o agrupamento das progênies (pelo método de Tocher), por meio de matrizes de distâncias euclidianas genéticas e de Mahalanobis. Os coeficientes de correlação genética foram 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

Nesse trabalho, os CVs experimentais das características peso médio do fruto, peso médio de polpa com sementes e peso médio de polpa foram muito altos, de 37,3%, 39,3% e 40,9% (Tabela 1), respectivamente. Os valores podem ser explicados tanto pelos altos coeficientes de variação genética de 27,42%, 27,43% e 26,89%, para peso médio de frutos, peso médio de polpa com sementes e peso médio de polpa por planta, respectivamente (Tabela 1), como por perdas localizadas de plantas em certas repetições, contribuindo ao aumento do erro experimental. Alves & Resende (2008) relatam coeficientes de variação genética (CVg) variando de 27% a 88% no âmbito de progênie e de 38% a 123% no âmbito individual como estatísticas que revelam excelentes possibilidades para a seleção na população estudada. Os coeficientes de variação genética aditiva

individual apresentaram altas magnitudes para as características físicas dos frutos com valores maiores que os respectivos coeficientes de variação ambiental (Tabela 1). Esse resultado indica condição favorável para seleção do material em estudo.

De acordo com Maia et al. (2009), o número de repetições é determinante para reduzir a variância fenotípica entre as médias das progênies. A raiz quadrada da herdabilidade ao nível de médias resulta nas acurácias seletivas (raiz quadrada da h^2) na ordem de 0,8182 para comprimento dos frutos e 0,7707 para largura (Tabela 1), atestando boa precisão e controle das causas de variação ambiental de ordem aleatória, promovendo segurança na seleção.

É possível que a redução na taxa de sobrevivência dos indivíduos e a presença de plantas improdutivas, causas do desbalanceamento do experimento, tenham contribuído para as moderadas a baixas acurácias médias observadas; para as características: peso médio de frutos (0,5375), peso médio de polpa com sementes (0,5174) e peso médio de polpa (0,4951). Para Resende (2001), plantas com altos valores genéticos preditos, mas com acurácia baixa, devem ser utilizadas com ressalvas.

Para os caracteres de componentes de variância avaliados, os valores intermediários de coeficientes de variação relativa (0,37; 0,35 e 0,33) associados a um número razoável de repetições levaram a quocientes moderados de herdabilidade (confiabilidade) ao nível de médias de famílias (0,29; 0,27 e 0,25), possibilitando acurácias medianas com valores situados próximos de 0,5 (0,54; 0,52 e 0,50) da seleção de progênies. Neste contexto, são factíveis as boas expectativas de seleção para o incremento da produção nesta população base.

Ao se estimar a herdabilidade individual no sentido restrito ($h^2_a = 0,1625 \pm 0,145$; $0,1611 \pm 0,145$ e $0,1563 \pm 0,143$), considera-se a dispersão genética aditiva: porção da variância genética atribuída a efeitos gênicos aditivos que são repassados para as progênies de meios-irmãos, por exemplo, via cruzamentos estocásticos. Neste caso, isso é pertinente pois trata-se de seleção populacional onde se explora a variância genética aditiva. Com respeito aos desvios apresentados, suas magnitudes não levam aquelas estimativas a assumirem o valor zero, o que é favorável e esperado para os caracteres considerados. Estimativas de parâmetros genéticos em cupuaçuzeiro são raras. Souza et al. (2002) relatam estimativas de herdabilidade e repetibilidade para o caráter produção de frutos, da ordem de 25%

e 30%, respectivamente. Esses valores são superiores aos obtidos no presente trabalho e podem refletir as diferentes estruturas genéticas das populações usadas em cada trabalho.

Para Resende (2001), a seleção intrapopulacional é geralmente baseada em índice, incluindo as informações do indivíduo e da média da família, com recombinação dos próprios indivíduos avaliados. Isto conduz à maior intensidade de seleção e também à menor acurácia em relação à seleção de genitores.

A seleção com base em testes de progênies de meios-irmãos explora toda a variância genética aditiva na seleção realizada entre indivíduos na população como um todo, isto é, procedendo-se seleção entre e dentro das famílias. As estimativas dessa variância mostraram-se significativas para todos os caracteres considerados. Adicionalmente, entre as características avaliadas, os caracteres relacionados ao rendimento se complementam e podem ser usados simultaneamente na escolha de parentais promissores para composição do lote de recombinação de primeiro ciclo, promovendo uma mistura equitativa dos alelos favoráveis dos materiais genéticos deixados para reprodução.

Uma seleção de parentais em uma população constituída por famílias de meios irmãos implica na existência de dispersão genética aditiva entre eles. A variância genética aditiva para as variáveis envolvidas na produtividade mostraram menor amplitude que suas respectivas variâncias de efeitos residuais (ambiental + não aditiva). A natureza quantitativa desses caracteres causa essa dispersão residual acentuada (Tabela 1).

As estimativas das variâncias dos efeitos ambientais apresentaram magnitudes relativamente baixas para as características menos influenciadas pelo ambiente como o são o comprimento e a largura do fruto com valores de 0,22 a 0,36. Essas quantidades mostraram-se inferiores às variâncias genéticas aditivas (3,74 e 4,23) (Tabela 1).

As famílias 10, 9, 26, 18, 3 e 12 se destacaram em produtividade de frutos por progênie ao ano. Em um grupo de baixo desempenho produtivo foram reunidas as progênies 24, 23, 33 e 34. Para o rendimento de polpa com sementes por progênie ao ano, as famílias 18, 10, 26,

8, 12 e 3 mostraram superioridade. Apresentando menor peso médio de polpa com sementes por progênie ao ano, apareceram as famílias 34, 23, 24, 33 e 25. O peso médio de polpa é uma característica altamente desejável quando o produto explorado é a polpa para processamento de derivados. As famílias que apresentaram elevados rendimentos de polpa foram 18, 10, 12, 29, 8 e 26. As progênies com produção de polpa inferior foram 34, 23, 33 e 24 (Tabela 2).

Os maiores ganhos preditos simultaneamente para as características peso médio de fruto, peso médio de polpa com sementes e peso médio de polpa livre de sementes foram encontrados para as famílias 10, 26, 18, e 12. Cabe ressaltar que não existe na literatura um parâmetro definido para comparar o desempenho do material experimental de cupuaçu. Uma seleção precoce e menos intensa pode ser orientada no sentido de compor a população de primeiro ciclo com vistas à realização de intercruzamentos em que haverá ampliação da variabilidade genética a ser explorada nos ciclos subsequentes (Tabela 2).

Os coeficientes de correlação genética entre as características peso médio de fruto e peso de polpa com sementes (0,8860), peso do fruto e peso de polpa (0,902) e peso de polpa e peso de polpa com sementes (0,9702) apresentaram altas magnitudes. Este fato refletiu-se na classificação bastante conservada das famílias do grupo mais produtivo e do grupo de menor rendimento para características de produção.

Para Cruz (2005), uma das fases primordiais de um programa de melhoramento é a escolha de genitores a serem intercruzados 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 complementaridade e a variabilidade indispensáveis para que a seleção seja praticada.

Tabela 1. Estimativas de Componentes de Variância e parâmetros genéticos (REML Individual) para os variáveis de caracterização do fruto (comprimento do fruto - CF e largura do fruto - LF) e componentes de produção em g (peso médio (P) de fruto/planta; peso médio (P) de polpa com sementes/planta e peso médio (P) de polpa/planta.

Estimativas	CF (cm)	LF (cm)	P (Fruto)	P (polpa+sem)	P (polpa)	Parâmetros
Va	3,7376	4,23057	21,2380	7,2133	3,8586	V Va: variância genética aditiva.
Vparc	0,2155	0,36629	10,4572	5,4038	3,9776	Vparc: variância ambiental entre parcelas.
Ve	1,8704	4,03592	99,0274	32,1570	16,8475	Ve: variância residual (ambiental + não aditiva).
Vf	5,8235	8,63278	*****	44,7742	24,6837	Vf = Va + Vparc + Ve:
h2a	0,6418 +- 0,289	0,4901 +- 0,253	0,1625 +-0,145	0,1611 +-0,145	0,1563 +-0,143	h2a = Va/Vf: herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos.
h2aj	0,6665	0,5118	0,1766	0,1832	0,1864	h2aj = Va/(Va + Ve): herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela.
c2parc	0,8182	0,0424	0,0710	0,1207	0,1611	c2parc = Vparc/Vf: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela.
h2mp	0,6695	0,5940	0,2890	0,2677	0,2451	h2mp = (0.25 Va) / [0.25 Va + Vparc/3 + (0.75 Va + Ve)/12]: herdabilidade da média de progênies, assumindo sobrevivência completa, em que 3 é o número de repetições e 12 é o número de repetições multiplicado pelo número de plantas por parcela (4).
Acprog	0,8182	0,7707	0,5375	0,5174	0,4951	Acprog = raiz quadrada de h2mp: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa.
h2ad	0,5998	0,4401	0,1386	0,1440	0,1466	h2ad = (0.75 Va) / (0.75 Va + Ve): herdabilidade aditiva dentro de parcela.
CVgi%	10,7419	6,6085	27,4229	27,4375	26,8878	CVgi% = [(Va) ^{1/2} / Média Geral] * 100: coeficiente de variação genética aditiva individual.
CVgp%	5,3710	3,3043	13,7115	13,7188	13,4439	CVgp%: [(Va/4) ^{1/2} / Média Geral] * 100: coeficiente de variação genotípica entre progênies.
Cve%	6,5363	4,7314	37,2545	39,2955	40,86489	Cve% = {(0.75 Va + Ve)/3 + Vparc} ^{1/2} / Média Geral} * 100: coeficiente de variação experimental.
CVr	0,8217	0,6984	0,3680	0,34912	0,3290	CVr = CVgp/Cve = coeficiente de variação relativa.
PEV	0,3088	4,2938	3,7753	1,3205	0,7282	PEV = (1 - Acprog ²) Va/4: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa.
SEP	0,5557	2,0721	1,9430	1,1491	0,8534	SEP = raiz quadrada da PEV: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa.
Média	17,9976	9,8422	16,8052	9,7887	7,3057	Média geral do experimento.

Tabela 2. Predição dos Componentes de Média (Blup Individual) para os variáveis de componentes de produção em g (peso médio (P) de fruto/planta; peso médio (P) de polpa com sementes/planta e peso médio (P) de polpa/planta.

Seleção de genitores								
P (fruto)			P (polpa+sems)			P (polpa)		
Genitor	Ganho	Nova média	Genitor	Ganho	Nova média	Genitor	Ganho	Nova média
10	5,3313	22,1365	18	3,7068	13,4954	18	2,4050	9,7103
9	4,9383	21,7438	10	3,3183	13,1070	10	2,0815	9,3872
26	4,3303	21,1355	26	2,6651	12,4538	12	1,7641	9,0698
18	3,9567	20,7619	8	2,2649	12,0535	29	1,5811	8,8868
3	3,5669	20,3721	12	2,0193	11,8083	8	1,4477	8,7534
12	3,2618	20,0670	3	1,8371	11,6258	26	1,3526	8,6583
20	3,0399	19,8451	29	1,7025	11,4912	2	1,2568	8,5624
13	2,8670	19,6722	20	1,5978	11,3864	3	1,1671	8,4728
2	2,7258	19,5310	22	1,5028	11,2914	22	1,0925	8,3982
8	2,6021	19,4073	2	1,4250	11,2136	9	1,0294	8,3351
29	2,4857	19,2909	3	1,3510	11,1397	13	0,9734	8,2790
22	2,3422	19,1474	9	1,2750	11,0636	17	0,9125	8,2181
28	2,2110	19,0162	28	1,1986	10,9872	20	0,8593	8,1646
35	2,0779	18,8831	36	1,1076	10,8962	21	0,8054	8,1111
36	1,9559	18,7610	21	1,0280	10,8166	36	0,7572	8,0629
30	1,8435	18,6487	35	0,9517	10,7403	28	0,7125	8,0181
7	1,7185	18,5237	11	0,8812	10,6699	30	0,6661	7,9718
19	1,5970	18,4022	7	0,8163	10,6050	7	0,6224	7,9281
21	1,4869	18,2920	19	0,7576	10,5463	11	0,5811	7,8867
16	1,3783	18,1835	4	0,7034	10,4920	32	0,5436	7,8492
17	1,2705	18,0757	16	0,6542	10,4429	35	0,5087	7,8144
15	1,1681	17,9733	17	0,6081	10,3968	19	0,4698	7,7755
32	1,0739	17,8791	30	0,5660	10,3546	4	0,4308	7,7365
4	0,9873	17,7925	15	0,5267	10,3154	14	0,3936	7,6993
1	0,9017	17,7069	32	0,4890	10,2777	5	0,3586	7,6643
11	0,8207	17,6259	1	0,4480	10,2367	16	0,3251	7,6308
14	0,7451	17,5503	5	0,4078	10,1964	15	0,2937	7,5993
5	0,6711	17,4763	27	0,3661	10,1548	27	0,2638	7,5695
31	0,6004	17,4056	31	0,3237	10,1124	1	0,2333	7,5390
27	0,5324	17,3376	14	0,2828	10,0714	31	0,2048	7,5105
6	0,4475	17,2527	6	0,2374	10,0260	6	0,1724	7,4781
25	0,3575	17,1626	25	0,1936	9,9823	25	0,1385	7,4442
34	0,2718	17,0769	33	0,1442	9,9328	24	0,1020	7,4077
33	0,1824	16,9876	24	0,0947	9,8833	33	0,0671	7,3728
23	0,0971	16,9023	23	0,4642	9,8350	23	0,0342	7,3399
24	0,0000	16,8052	34	0,0000	9,7887	34	0,0000	7,3057

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, está-se explorando toda variância genética e reproduzindo integralmente seu genoma. As plantas: 9.3, 10.4, 10.2, 18.2, 18.4 e 10.1 apresentaram melhor classificação quanto ao peso médio do fruto, da polpa e polpa com sementes (Tabela 3). Técnicas de propagação vegetativa por estaquia e propagação *in vitro* encontram-se em desenvolvimento no cupuaçuzeiro, visando acelerar a produção em larga escala de clones selecionados nos programas de melhoramento (Ferreira et al., 2005; Ledo et al., 2002).

Pelo agrupamento (Tocher) de distâncias euclidianas quadradas genéticas, determinaram-se os dois grupos de progênies. Grupo 1: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 33, 34, 35, 36, 31, 32, e um segundo grupo reuniu as progênies 10 e 18. Através do agrupamento (Tocher) de distâncias genéticas Mahalanobis quadradas

genéticas, foram disjuntos três grupos. No grupo 1, as seguintes progênies foram classificadas por similaridade: 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36; o grupo 2 ficou composto pela progênie 9 e um terceiro grupo ficou formado pela progênie 18. Houve alta concordância entre as duas medidas de similaridade. Das 36 progênies analisadas, apenas as progênies 9, 10 e 18 mostraram divergência genética, podendo ser recomendadas juntamente com alguma progênie do grupo 1 que mostrar superioridade agrônômica para implantação de experimentos com clones experimentais com alta dissimilaridade genética, condição desejável, já que o cupuaçu é espécie que apresenta autoincompatibilidade, afim de serem testados em vários ambientes representativos das condições onde aqueles materiais serão recomendados.

A alta concentração de progênies reunidas no primeiro grupo pelas duas metodologias permitiu inferir que as famílias que compõem a população de trabalho do programa de melhoramento apresentam mesma procedência.

Tabela 3. Predição dos Componentes de Média (Blup Individual) para os variáveis de componentes de produção em g (peso médio (P) de fruto/planta; peso médio (P) de polpa com sementes/planta e peso médio (P) de polpa/planta.

Seleção de indivíduos								
P (fruto)			P (polpa+sems)			P (polpa)		
Planta ¹	Ganho	Nova média	Planta ¹	Ganho	Nova média	Planta ⁽¹⁾	Ganho	Nova média
9.3B1	12.4316	29.2367	18.2B1	7.5579	17.3465	18.2B1	5.1778	12.4835
10.4B2	9.3926	26.1978	10.4B2	5.6857	15.4744	10.4B2	3.8557	11.1614
10.2B3	8.2180	25.0232	10.2B3	4.8311	14.6198	12.4B1	3.2992	10.6049
18.2B1	7.5574	24.3626	18.4B1	4.3904	14.1791	10.1B1	3.0187	10.3244
10.2 B1	6.9760	23.7812	10.1B2	4.0985	13.8871	29.2B2	2.8007	10.1064
10.1B2	6.5646	23.3698	10.1B1	3.8827	13.6714	18.4B1	2.6353	9.9410

⁽¹⁾ indivíduos selecionados da população experimental.

Uma população em equilíbrio de espécies alógamas ou panmíticas é constituída prevalentemente por uma mistura 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 de cruzamentos melhorada. Neste contexto, espera-se que a seleção de parentais alocados em grupos divergentes geneticamente redunde em formação de população com complementação gênica apreciável. A seleção incluiu as famílias 9; 10 e 18 dos grupos menores e as progênies 3; 8; 12; 26 e 29 do grupo 1.

É esperado que haja otimização no esquema seletivo precoce, que visa à implementação de experimentos com materiais produtivos e complementares na composição da população de primeiro ciclo, para os indivíduos que se sobressaíram e que foram selecionados para os componentes primários da produção, tendo também suas famílias (9, 10, 18 12) alocadas em grupos divergentes.

Conclusões

- Há indivíduos superiores para formação de população-base para o melhoramento genético do cupuaçu na população experimental.

- Apenas as progênies 9; 10 e 18 mostram divergência genética e são recomendadas, juntamente com algumas progênies do grupo 1 que mostraram superioridade agrônômica, para formar a população de primeiro ciclo do programa de melhoramento.

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.

Referências

- ALVES, R.M.; FIGUEIRA, A. Cupuassu (*Theobroma grandiflorum*) genetic resources and breeding in the Brazilian Amazon. **Ingenic Newsletter**, v.7, p.25-32, 2002.
- ALVES, R.; RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética de indivíduos e progênies de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal v. 30, n. 3, p. 696-701, 2008.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa. Editora UFV. 2005. 394 p.
- FERREIRA, M. G. R.; CARVALHO, C.H.S; CARNEIRO, A.A. Indução de embriogênese somática em cupuaçu. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 27, n.3, p. 500-503, 2005.
- LEDO, A.S.; LAMEIRA, O.A.; BENBADIS,A.K. Explantes de cupuaçuzeiro submetidos a diferentes condições de cultura in vitro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 24, n.3, p. 604-607, 2002.
- MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de; PAIVA, J. R. de; CAVALCANTE, J. J. V.; BARROS, L. M. de. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Revista de Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n.1, p. 43-50, 2009.
- MORAES, V. H. F; MULLER, C.H.; SOUZA, A. C. Native fruit species of economic potential from the Brazilian Amazon. **Angewandte Botanik**, v. 68, p.47-52, 1994.
- RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento de Espécies Perenes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds.). **Recursos genéticos em melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 357-422.
- RESENDE, M. D. V. de. **Software Selegen-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 67 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 77).
- SOUZA, A. G. C.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, S.E.L.; SOUZA, N. R. The cupuaçu genetic improvement program at Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, n. 2, p. 471-478, 2002.
- VASCONCELOS, M. N. L.; SILVA, M. L.; MAIA, J. G. S. S; GOTTLIEB, O. R. Estudo químico das sementes do cupuaçu. **Acta Amazônica**, v. 5, n. 3, p. 293-295, 1975.