

DESEMPENHO EM CARACTERÍSTICAS DE CACHOS DE PROGÊNIES DE AÇAIZEIRO

Gilberto Ken Iti Yokomizo^{1*}, Kuang Hongyu², Francisco de Oliveira Cruz Júnior³, João Tomé de Farias Neto⁴.

Afiliação 1: Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Amapá

Afiliação 2: Estatística e Experimentação, Universidade Federal do Mato Grosso, Departamento de Estatística.

Afiliação 3: Biodiversidade Tropical. IEPA (Instituto de Pesquisas Científicas e Tecnológicas do Amapá).

Afiliação 4: Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Amazônia Oriental.

* Autor correspondente: gilberto.yokomizo@embrapa.br.

Resumo

O aumento do consumo de polpa do fruto do açaizeiro amplia-se para novos mercados nacionais e internacionais, demandando pesquisas para a obtenção de cultivares novos que possam atender esta demanda crescente. Muitas pesquisas envolvem grande número de progênies que dificulta a interpretação dos resultados em análises gráficas, portanto o objetivo deste trabalho foi combinar a análise multivariada com o agrupamento por dendrograma para redução do quantitativo de progênies para posterior análise AMMI visando identificar as superiores. As 76 progênies foram instaladas em delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições e cinco plantas por parcela. As características avaliadas foram: FL – número de cachos em florescimento; FV – número de cachos imaturos por estipe; TM - tamanho do cacho. As conclusões são de que o uso combinado da análise multivariada, agrupamento pelo dendrograma e análise gráfica AMMI mostram-se importantes e eficientes num quantitativo grande de progênies; há variabilidade genética pelas evidentes contribuições individuais distintas para a interação GxA e de efeitos ambientais, importante para o melhoramento genético; as melhores progênies no modelo AMMI1 são P55, P7, P70, P71, P5 e P22, somando-se com o modelo AMMI2 a progênie P12. Adicionando-se pelo dendrograma as progênies P72, P61 e P62 e; o diferente comportamento das progênies entre anos mostra que o desenvolvimento das plantas influencia as respostas aos fatores ambientais, tornando importante a pesquisa para se conhecer as exigências e respostas do açaizeiro.

Palavras-chave: *Euterpe oleracea*; melhoramento genético; interação genótipo x ambiente; análise de componentes principais.

1. INTRODUÇÃO

O açaizeiro é uma palmeira da família *Arecaceae*, vastamente disseminada e cultivada na Amazônia brasileira. Ocorre de forma natural na região amazônica e possui grande importância econômica para a fruticultura regional, principalmente para o Pará cujas produção, comercialização e consumo de polpa movimentam grandes mercados (Neves et al., 2015), sendo o suco de açaí um produto ícone deste Estado, representando o principal produto extraído da palmeira (Silvestre et al., 2016).

Com a popularização do apelo ecológico e das descobertas das qualidades nutricionais a comercialização da polpa de açaí tem crescido gradativamente juntamente com uma expansão para outros mercados nacionais e atingindo até níveis internacionais (Pagliarussi, 2010). Esta produção torna o Brasil o maior produtor, consumidor e exportador de polpa de açaí (Menezes, 2005), sendo que o Brasil produziu em 2017 a quantidade de 1.334.517 t, numa área de 195.006 ha, gerando cerca de R\$ 5,5 bilhões, com a região Norte representando mais de 99% destes valores, destacando-se o Pará com mais de 95% do total brasileiro (IBGE, 2017).

No Estado do Pará o açaí envolve mais de 13.000 produtores, tendo grande importância socioeconômica no estado, abrangendo 300 mil pessoas de 54 municípios. (COMEX DO BRASIL, 2017). Na capital, Belém, estima-se que 25 mil pessoas atuam de forma direta e indireta, na comercialização do açaí, como extração, transporte, comercialização e industrialização, e com isso correspondendo a 70% da fonte de renda da população ribeirinha (Nogueira et al., 2013; Rodrigues et al., 2015a, 2015b).

A Secretaria de Desenvolvimento Agropecuário e da Pesca (SEDAP), avalia que 60% da produção do açaí é consumida internamente no Pará, 30% em outros estados do Brasil e 10% são exportados para outros países, revelando o mercado interno e nacional como grandes consumidores do fruto e o mercado externo com potencial apreciável de crescimento (Pessoa e Teixeira, 2012; Tavares e Homma, 2015). Na exportação, destacam-se alguns países da Europa, nos Estados Unidos, Japão e China, (Schreckinger et al., 2010), adicionalmente também sendo exportado para Holanda e Coréia do Sul (Carvalho et al., 2017), impulsionado em função de suas propriedades antioxidantes, da composição nutricional, rica em fibras, lipídeos, fenóis e a antocianina que podem estar relacionados à prevenção de doenças cardiovasculares (Moura Rocha, 2015; Yamaguchi et al., 2015). Sendo rico também em proteínas, vitamina E, e minerais, como manganês, cobre, boro e cromo (Silva et al. 2017) e apresentar efeito hipocolesterolêmico (Souza et al., 2011).

Com a valorização e o acréscimo na demanda dos diversos mercados pelo açaí, há marcante necessidade de aumento do quantitativo de frutos necessários para atender aos consumidores. Neste contexto, está ocorrendo expansão dos açaizais manejados, em áreas de várzeas e em áreas de terra firme (Farias Neto et al., 2011). Observando-se também na mesorregião do Pará, Nordeste Paraense, a incorporação da tecnologia da irrigação no plantio de açaizeiros no período de estiagem, visando permitir uma produção de açaí na entressafra (Nogueira et al., 2013). Uma parceria entre instituições de pesquisa e a Secretaria de Agricultura do Pará (SEDAP) visa expandir a área de produção em 50 mil ha até 2024, permitindo um incremento de até 360 mil t de produção e também haveria a redução da sazonalidade do fruto (PORTAL BRASIL, 2016).

Mas para atingir este objeto é necessário que o melhoramento genético disponha de variabilidade e divergência genética que possibilitem obter as informações necessárias para subsidiar o processo de seleção (Gomes Júnior et al., 2014). Trabalhos publicados demonstram a que existe a possibilidade de selecionar genótipos melhorados em progênies de açaizeiros, pois há a presença de plantas se destacando (Yokomizo et al., 2016a, 2016b; Farias Neto et al., 2018).

Um complicador para esta seleção é o efeito que o ambiente tem sobre o comportamento de um material genético, modificando sua expressão fenotípica. Assim, quanto maior a quantidade de variações nos fatores ambientais há probabilidade maior de diferentes expressões das características vegetativas e reprodutivas nas plantas. Essa manifestação é denominada de interação genótipos versus ambientes (GxA), tornando-se um complicador ao dificultar a seleção e recomendação de genótipos adaptados e estáveis (Cruz et al., 2014). Baseado nestes aspectos, em geral, os programas de melhoramento genético tentam selecionar materiais com ampla adaptação e estabilidade, sendo, portanto, recomendados para diversos locais (Malosetti et al., 2013).

Para a avaliação da interação GxA uma ferramenta que vem sendo utilizada com grande sucesso é a chamada análise AMMI ("Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model"), permitindo a interpretação e compreensão

dos diferentes padrões de interação ao caracterizar de forma mais eficaz os fatores genéticos e ambientais envolvidos e, assim, propiciar melhores estimativas das respostas genotípicas nos diferentes ambientes (Duarte, 2001).

Com os resultados obtidos da análise AMMI pode-se gerar uma representação simultânea individual nos gráficos de cada genótipo e ambiente fornecendo informações sobre a estabilidade e a adaptabilidade de ambos, além de permitir a realização de zoneamento agrônomico e a escolha de locais-chave para o processo de avaliação e seleção (Lavoranti, 2003). Atualmente é amplamente utilizado para detectar genótipos estáveis e especificar a significância da interação GxA (Karimizadeh et al., 2016)

Com base nestas informações o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônomico de uma população de açaizeiros inicialmente com a multivariada entre as características, visando posteriormente identificar as progênies mais responsivas e adequadas aos níveis de variação ambiental, apoiado em uma pré-seleção de progênies por agrupamento pelo dendrograma, este procedimento foi adotado pois o número elevado de progênies impossibilitaria a visualização do comportamento nos gráficos AMMI.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Esse estudo é parte do programa de melhoramento genético de açaizeiro para produção de frutos no estuário amazônico, conduzindo um plantio de açaizais em área de várzea no Campo Experimental de Mazagão da Embrapa Amapá que possui solo predominante do tipo Gley Pouco Húmido de textura média, drenado e de média a alta fertilidade natural. A área utilizada apresenta topografia plana e cobertura vegetal tipo capoeira. Apresenta tipo climático Am segundo classificação de Köppen, tropical chuvoso, com temperatura média do mês mais frio (junho) de 22,7°C e do mês mais quente (setembro) de 32,8°C, com precipitação do mês mais seco (outubro) de 32 mm e do mês mais chuvoso (março) de 365 mm. O regime climático anual apresenta precipitação total de 2410 mm, com concentração entre os meses de janeiro e junho, temperatura média anual de 27°C e umidade relativa média do ar de 85% (CLIMATE-DATA.ORG, 2025).

O material genético utilizado na área é composto por duas populações distintas. A população 1 é originada de sementes coletadas de 76 matrizes selecionadas em açaizais nativos da região oeste da Ilha de Marajó (safra de inverno), a população 2 teve sua origem de 100 matrizes selecionadas na região leste da mesma Ilha (safra na estiagem). O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com duas repetições e cada parcela representada por cinco plantas, plantadas no espaçamento de 4 x 5m. O número reduzido de repetições se deve a quantidade de progênies e a área total do experimento.

As avaliações foram realizadas mensalmente no período de 2009 a 2013 por meio de três descritores, sendo: FL – Cacho com inflorescência em floração: contagem de cachos que apresentam inflorescência em floração por estipe; FV – Número de cachos verdes em formação: contagem de cachos imaturos por estipe; TM - Tamanho do cacho: valor atribuído a avaliação visual dos cachos: onde 1 é atribuído aos menores valores, e 7 para os maiores.

Muitas pesquisas envolvem a avaliação de mais de uma característica ou descritor que são analisadas genético-estatístico de forma individual, contudo a posterior discussão destes resultados de forma individualizada dificulta a compreensão do desempenho do material genético, por este motivo foi realizada uma análise multivariada, permitindo observar e compreender as diferenças no comportamento em relação as três características simultaneamente.

O quantitativo de progênies impossibilita o uso do AMMI, causando um aglomerado que impede a interpretação da análise gráfica, portanto decidiu-se realizar preliminarmente o agrupamento das progênies pelo dendrograma, selecionando-se cerca de 50% destas que é obtido utilizando-se o limite de corte de 0,121% de dissimilaridade. Essa redução das progênies permite o uso na análise AMMI, com posterior vinculação dos melhores materiais aos que compuseram os mesmos grupos no dendrograma. Essa junção de metodologias, dendrograma e AMMI, representa o primeiro uso deste tipo para facilitar e possibilitar o estudo pelo AMMI de grande quantitativo de material genético.

A análise de agrupamento foi feita, adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade, por considerar a correlação entre os caracteres avaliados, segundo Cruz et al. (2014). Com base na matriz de dissimilaridade gerada, foi elaborado dendrograma pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method*

with Arithmetic Mean) cujo critério utilizado para a formação dos grupos é a média das distâncias entre todos os pares de itens que formam cada grupo.

O tratamento estatístico dos dados, incluindo-se análises de variância individuais e conjunta, considerando-se os anos de avaliações de 2009 a 2013, bem como a análise de estabilidade e adaptabilidade via modelo AMMI, foi realizado utilizando-se os procedimentos do programa R versão 3.4.1 (R CORE TEAM, 2020).

A análise AMMI, descrita detalhadamente em Duarte e Vencovsky (1999), baseia-se no seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

em que: Y_{ij} é a resposta média das repetições do i -ésima progênie ($i = 1, 2, 3, \dots, g$) no j -ésimo ano ($j = 1, 2, 3, \dots, a$); μ é a média de todas as progênies em todos os anos (média geral); g_i é o efeito principal da progênie “ i ”; a_j é o efeito principal do ano “ j ”; λ_k , γ_{ik} e α_{jk} são os termos da decomposição singular (DVS) ou da análise de componentes principais (ACP) da matriz $GE_{g \times a} = \{(ga)_{ij}\}$, que expressam e capturam o “padrão” associado à interação da progênie “ i ” com a ano “ j ”, sendo $(ga)_{ij}$ os desvios de aditividade dos dados (Y_{ij}) em relação aos efeitos principais g_i e a_j ; ρ_{ij} é o ruído adicional a ser eliminado na análise, relativamente ao termo $(ga)_{ij}$ tomado tradicionalmente como a própria interação; e $\bar{\epsilon}_{ij}$ é o erro experimental médio, em nível de médias de repetições, assumido: i.i.d. $\sim N(0, \sigma^2)$.

Assim, a análise AMMI é realizada em duas etapas sequenciais: 1ª) os efeitos principais, na parte aditiva do modelo (média geral, efeitos de progênies e anos), são ajustados por análise de variância (ANOVA), resultando em um resíduo de não aditividade: $(g\hat{a})_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$, isto é, nas estimativas de quadrados mínimos ordinários de $(ga)_{ij}$; 2ª) a interação (parte multiplicativa do modelo) é ajustada mediante DVS ou ACP aplicada à matriz $GE_{g \times a} = \{(g\hat{a})_{ij}\}$, resultando numa porção denominada “padrão” (a interação propriamente dita – interação AMMI), e noutra de “ruído”, a ser descartada juntamente com o resíduo ANOVA.

Para definição do número de eixos principais a serem retidos a fim de explicar e representar graficamente o padrão relacionado à interação, foram adotados os critérios utilizados por Gauch e Zobel (1988), levando-se em consideração a proporção da soma de quadrados da interação original ($SQ_{G \times A}$) acumulada até o n -ésimo eixo:

$$\sum_{k=1}^n \lambda_k^2 / SQ_{G \times A}$$

Dessa forma, o ponto de parada que determina a seleção do modelo na família de modelos AMMI (AMMI0, AMMI1, AMMI n), foi obtido com base na significância dos testes $F_{G \text{ glob}}$, para os sucessivos termos de interação, sendo obtido pela significância de cada componente relacionado ao QM erro médio dos eixos PC a serem retidos no modelo.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O quantitativo inicial de 76 progênies dificulta a visualização da distribuição e, por conseguinte, a compreensão de seus comportamentos nos gráficos AMMI, por este motivo adotou-se como procedimento preliminar a formação de agrupamentos pela estruturação de um dendrograma. Onde a formação dos grupos tem como base as mudanças acentuadas de níveis (Cruz et al., 2014), com cada agrupamento contém progênies similares, permitindo desta forma utilizar apenas uma destas para a geração dos Biplots AMMI, cujo comportamento pode ser expandido as demais progênies dentro do mesmo agrupamento que não foram utilizadas para a geração dos gráficos. O limite adotado para a formação de grupos neste trabalho foi de 0,121% de dissimilaridade, pois delimitou grupos que permitiu a escolha de 50% das progênies para utilização no estudo de AMMI.

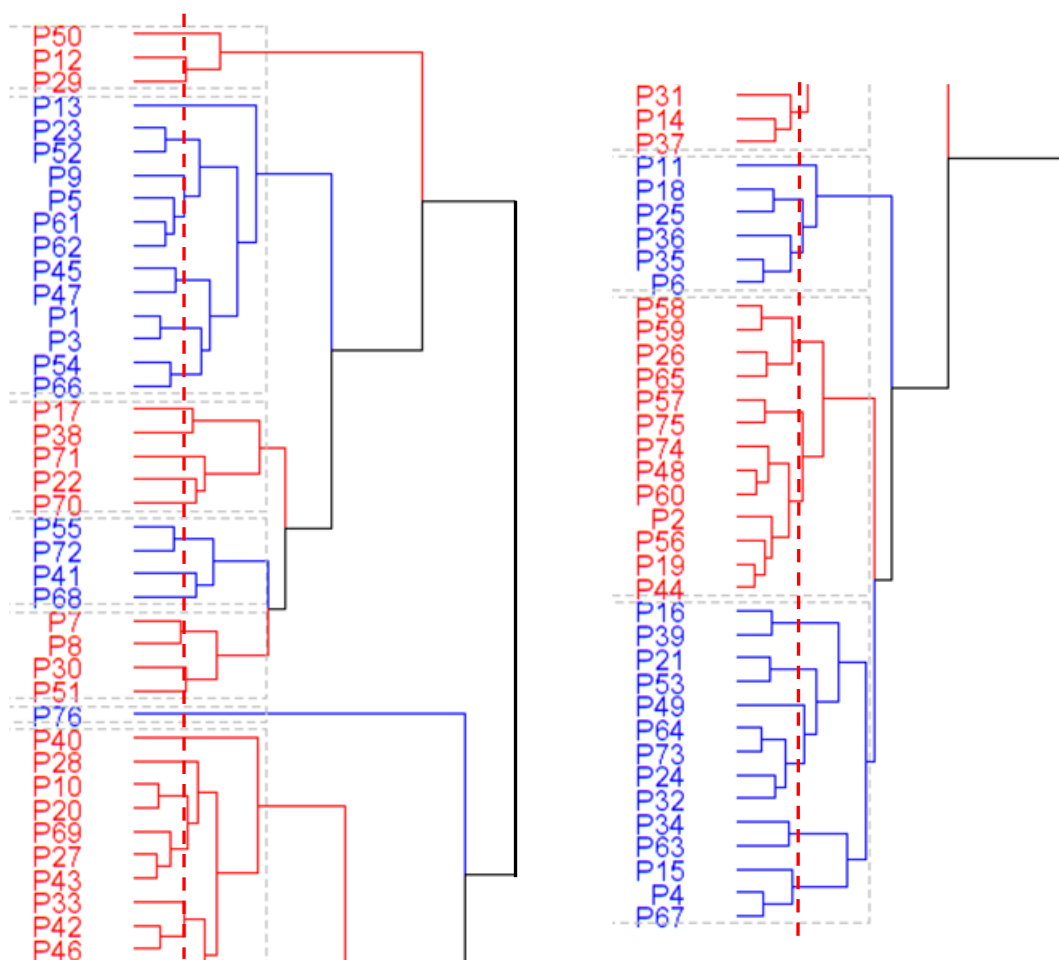


Figura 1. Dendrograma usando o método de ligação média entre grupos (UPGMA) envolvendo 76 progênies de açazeiro com base em três características morfológicas.

A análise de variância, contendo a decomposição da interação GxA, para os diferentes anos e progênies de açazeiros, revelou diferenças significativas tanto entre progênies como na interação genótipos com ambientes, por conseguinte existe variabilidade genética e respostas diferenciadas das progênies perante os efeitos ambientais, comportamento semelhante ao observado por Aliyu et al. (2014). Adicionalmente um aspecto a ser citado é que os anos de teste não foram consideravelmente discrepantes na expressão das características (Tabela 1). A explicação para este comportamento é apresentada por Aliyu (2012) que afirmam a existência de indícios da presença de uma base genética suficiente (fonte de introdução diferencial, nível de domesticação e melhoria) e de polinização livre (meios irmãos) sendo responsáveis para a variabilidade genética e diferentes interações GxA.

Os efeitos não controláveis associados aos diferentes anos, representando 24,59% dos efeitos totais, foram inferiores a variação do efeito de progênies, com isso a fenologia possui maior contribuição da parte genética ou seja a parte herdável, o que é promissor para a transferência das características aos seus descendentes. Os componentes genéticos provenientes dos diferentes clones e a interação GxA apresentaram contribuições para a variação observada, com valores de 52,59% e 16,63%, promissor por ser indício de uma base genética suficiente para a seleção nas condições deste experimento, no mesmo sentido dos resultados de Aliyu et al. (2014), cuja contribuição genética foi maior, explicada por estes autores pelo fato do uso de material oriundo de cruzamentos livres, onde o rendimento dentro de diferentes ambientes necessita do desenvolvimento de fenótipos (variedades) com adaptação específica baseado na contribuição genética, acontecendo o mesmo com as progênies de açazeiros e dissimilar ao apresentado por Oliveira et al. (2014) em maracujá-amarelo.

Tabela 1. Resumo da análise de variância e quadrados médios associados ao desdobramento do efeito de interação GxA para as características FL, FV e TM, em conjunto em progênie (PR) de açazeiros no Amapá

Fonte de Variação	GL	QM	%
Ano (A)	4	26,253 ^{ns}	24,59
Rep	5	5,293 ^{**}	6,20
Progênie (G)	34	6,605 ^{**}	52,59
GxA	132	0,538 ^{**}	16,63
Resíduo	36204	0,251	
CV		36,78782	
Média		1,361896	

^{**}, ^{*} e ^{ns}, significativos a 1% e 5% e não significativo pelo teste F.

A interação GxA original (resíduo de não aditividade), com a significância estatística permitiu a decomposição da interação GxA, para as diferentes progênie de açazeiros e entre os anos avaliados e, com isso realizar a análise AMMI nestas características em conjunto, com a representação dos eixos PCs. Na análise AMMI (Tabela 2) o primeiro eixo principal gerado (PC1), que contém a maior porcentagem do padrão associado à interação GxA para determinada característica em estudo, compreendeu 55,1% da SQ_{GxA} , inferior a variação em PC1 também obtido por Aliyu et al. (2014).

Tabela 2. Porcentagens da soma de quadrados total (SQ_{GxA}) associada a cada eixo principal, individualmente (pi) e acumulada (pa) e significância dos quadrados médios, estimados pela análise AMMI para três características¹ em conjunto em progênie de açazeiros no Amapá

	%	%acum	QM
PC1	55,1	55,1	0,0121 ^{**}
PC2	21,2	76,3	0,0049 ^{**}
PC3	12,3	88,6	0,0030 ^{ns}
PC4	11,4	100,0	0,0030 ^{ns}

^{**}, ^{*} e ^{ns}, significativos a 1% e 5% e não significativo pelo teste F.

Pelo teste $F_{G_{ollob}}$ para as características FL, FV e TM foram significativos os eixos PC1 e PC2, que conseguiriam explicar a parte padrão da interação GxA, com os demais eixos possivelmente constituídos em grande parte por ruídos, que iriam produzir resultados distorcidos em relação à realidade. Assim a análise foi realizada considerando o biplot com o modelo AMMI2, pois juntos os dois primeiros termos explicaram 76% da totalidade da SQ_{GxA} , suficiente segundo Ramos et al. (2009) e Yan et al. (2000). Comportamento dentro do que é tido como o “padrão” associado à interação GxA para o conjunto modelo-dados analisado, onde poucos eixos são significativos, conseguindo capturar a variação em quase sua totalidade. Assim o modelo AMMI2 é suficiente para explicar o comportamento genético das progênie.

Este quantitativo de eixos principais identificados como necessário para explicar e representar graficamente o padrão de interação GxA foi pouco inferior do citado em outros trabalhos, encontrando-se variações, como na cultura da bananeira por Tenkouano e Baiyeri (2007) e em melão Gália para produtividade por Nunes et al. (2011) onde apenas 1 eixo foi suficiente. Dois eixos em Aliyu et al. (2014). No trabalho de Oliveira et al. (2014) os dois primeiros eixos explicaram 81,2% da SQ da interação, mas 3 foram significativos. Já para Aliyu et al. (2014) em caju e para Yokomizo et al. (2016) em bananeiras para produtividade, dois eixos (PC1 e PC2), explicaram a totalidade da SQ da interação, similar ao aqui obtido.

Após a análise estatística realiza-se a plotagem gráfica, onde as progênie ou anos cujos pontos se situam mais próximos à origem do eixo PC1 no modelo AMMI1 são considerados mais estáveis (Duarte e Vencovsky, 1999; Guzman e Alejandro, 2002; Lavoranti, 2003) e no modelo AMMI2 são os pontos mais próximos da origem de ambos os eixos. Assim, nos gráficos do modelo AMMI1 apresentados na Figura 2 e, AMMI2 na Figura 3, as progênie apresentaram relativa dispersão, indicativo da presença de interação com os anos (adaptações específicas). No biplot AMMI1 (médias

vs. PC1) os clones mais estáveis, isto é, com menor contribuição para a interação GxA captada pelo primeiro eixo principal (PC1), foram P55, P7, P70, P71, P5 e P22, portanto, estes podem ser considerados amplamente adaptadas aos anos agrícolas de avaliação, haja vista a pequena interação GxA que manifestaram em suas respostas fenotípicas, ressaltando que também associam contribuição positiva. Para especificidade entre anos e progênes destacaram-se, P11 para 2013; P41 e P68 para 2010, adaptados a determinados anos agrícolas de avaliação. Assim como em Nunes et al. (2011) para melão Gália, em maracujá-amarelo para Oliveira et al. (2014) e para Yokomizo et al. (2016) em bananeiras, onde foram observados genótipos mais estáveis e aqueles com melhor adaptabilidade específica, mais próximos do eixo PC1, observando-se também a presença daqueles com comportamento intermediário e os instáveis também.

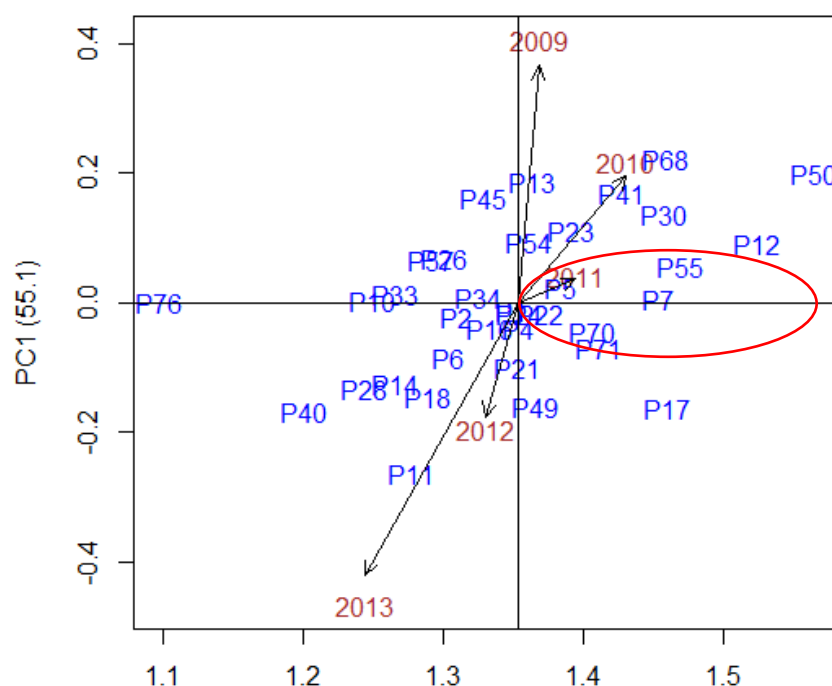


Figura 2. Biplot AMMI1, Médias (x) vs PC1 (y), com os ambientes correspondentes a anos para FL, FV e TM em de açazeiros. Anos identificados numericamente e progênes identificadas como P seguido de número.

Convém citar que existiram os mais produtivos que também tiveram contribuições significativas da interação GxA, assim como também foi detectado por Aliyu et al. (2014) e, diferindo do citado por Maia et al. (2009) onde os mais produtivos não sofreram influência significativa do ambiente. Independentemente de suas estabilidades e adaptabilidades, as progênes menos estáveis que se destacaram por apresentar maiores contribuições para os valores médios foram P50, P12, P30, P68, P17 e P41.

No biplot AMMI2 (Figura 3), em geral não se pôde ratificar o comportamento genotípico observado na análise anterior, havendo apenas três coincidências e dessa forma neste conjunto de característica o ponto de corte do PC1, *per se* não foi suficiente para que se possa inferir sobre a previsibilidade quanto ao comportamento, por tratar-se de variáveis que possivelmente sofram média influência ambiental que gerariam diferentes valores na interação GxA. Portanto informação capturada pelo segundo eixo (PC2) com certeza foi importante e útil para corrigir possíveis distorções na análise ou na interpretação produzida sob uma única dimensão. Portanto, quanto ao comportamento de estabilidade (baixa contribuição para interação GxA) e a ampla adaptabilidade, excetuando-se P70, P12 e P5, as demais progênes antes estáveis, revelaram agora contribuição para a interação GxA capturada no segundo eixo principal, o que contraria sua estabilidade inicial. A estabilidade é importante para avaliar a confiabilidade da classificação dos genótipos em um determinado ambiente em relação à média geral dos ambientes, conforme afirmam Rocha et al. (2007). Observando a Figura 3, tem-se mais estáveis utilizando-se o modelo AMMI2 as progênes P16, P2, P10, P33, P76, P1 e P12.

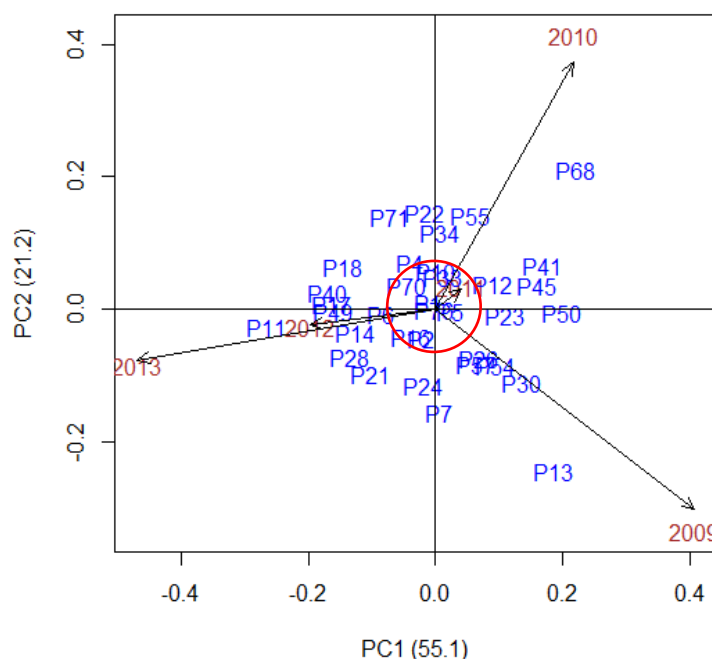


Figura 3. Biplot AMMI2, PC1 (x) vs PC2 (y), com os ambientes correspondentes a anos para FL, FV e TM em de açazeiros. Anos identificados numericamente e progênes identificadas como P seguido de número.

O refinamento na interpretação do AMMI, ao se agregar a informação do segundo eixo, permite corrigir ou ratificar possíveis distorções da análise e interpretação obtidas numa única dimensão, contudo é conveniente salientar também a possibilidade do risco de incluir ruídos que podem dificultá-las. O comportamento da interação presente de forma mais intensa em determinadas progênes a proximidade entre determinados genótipos com ambientes também é algo comum e já citado no trabalho de Aliyu et al. (2014).

Interações negativas ou positivas das progênes com determinados anos foram ratificadas no biplot AMMI2. É possível confirmar, por exemplo, a existência de baixa adaptação a determinados anos agrícolas, que puderam ser notados na análise AMMI1 e confirmados em AMMI2. Isso ocorreu porque tais progênes tiveram escores de interação de elevada magnitude nos dois eixos (instabilidade), estando distantes da origem dos eixos e, distribuíram-se em quadrantes distintos a esses anos agrícolas (Figura 3). O comportamento coincidente das progênes quanto a especificidade com anos, indica que o primeiro eixo conseguiu capturar a parcela do padrão da interação GxA para as características em estudo, necessitando a adição do eixo PC2, essa distribuição é semelhante ao comportamento citado por Oliveira et al. (2014) que no modelo AMMI2 teve a confirmação do comportamento de somente alguns genótipos, sendo estáveis apenas em AMMI1, mostrando que neste caso específico o modelo AMMI1 não é suficiente.

Os efeitos de alguns anos agrícolas avaliados individualmente tenderam a contribuir mais para a interação GxA do que as progênes nas características. Isso pode ser constatado pela maior dispersão dos pontos ou vetores associados aos anos agrícolas em geral, em relação aos vetores associados às progênes, em ambos os biplots (médias x PC1 e; PC1 x PC2), onde essa tendência pode ser observada reiteradas vezes em outras pesquisas com espécies vegetais diferente, como no trabalho de Nunes et al. (2011), Oliveira et al. (2014) e Yokomizo et al. (2016). O que justifica segundo Aliyu et al. (2014) a condução de estudos que identifiquem fatores ambientais específicos envolvidos na manifestação desse tipo de interação nos diferentes anos de avaliação.

Adicionalmente Oliveira e Godoy (2006) sugerem que os ambientes com baixos escores de IPC (alta estabilidade) são de interesse por representarem uma média dos demais e por conseguinte para a seleção de genótipos nas primeiras etapas de melhoramento, pois há pouca quantidade de sementes ou material de propagação, limitando a

extensão dos testes para vários ambientes, baseado neste aspecto, somente as condições intrínsecas dos anos 2011 e 2012 foram mais promissoras (Figura 2 e 3).

Os anos foram contrastantes na análise AMMI2 (Figura 3), situando-se em quadrantes distintos, sendo indicativo de que os fatores causadores de distinção entre os anos agrícolas foram determinantes na interação associada ao primeiro eixo principal, sendo provável que essa contribuição seja decorrente das diferenças climáticas e de manejo associado ao estágio fenológico das plantas de açaizeiro, exceto apenas entre 2011 e 2012. Diferindo do que é citado por Aliyu et al. (2014) onde houve a tendência de serem mais semelhantes entre si.

Com os resultados observados nas Tabelas e Figuras, devido à dispersão das progênies e a ausência de adaptabilidade específica em geral, há indicativo da necessidade de desenvolvimento de uma tecnologia de produção eficiente integrada adaptada para as peculiaridades fisiológicas e ecológicas da espécie. Semelhantemente ao citado por Aliyu et al. (2014) de que há a exigência de tecnologias adaptadas para ótima resposta da planta para as especificidades de cada ambiente, além do desenvolvimento de diferentes genótipos de açaizeiros.

3. CONCLUSÕES

Em quantitativo elevado de progênies o uso combinado da análise multivariada com o agrupamento pelo dendrograma e posteriormente com o material selecionado com a análise gráfica AMMI torna-se extremamente eficiente para as análises de estabilidade e adaptabilidade;

Há evidente variabilidade genética, pois, existem progênies e com contribuições individuais distintas para a interação GxA, assim como também os efeitos ambientais, importante para o melhoramento genético;

As progênies com maior destaque no modelo AMMI1 são P55, P7, P70, P71, P5 e P22, somando-se com o modelo AMMI2 a progênie P12. Adicionando-se pelo dendrograma as progênies P72, P61 e P62.

O diferente comportamento entre anos das progênies mostra que com o desenvolvimento das plantas aos fatores ambientais há resposta conforme o estágio de desenvolvimento fenológico, tornando importante a pesquisa para se conhecer as exigências e respostas do açaizeiro.

REFERÊNCIAS

- Aliyu, O. M. (2012). Genetic diversity of the Nigerian cashew germplasm. In: Caliskan, M. (Ed.) *Genetic Diversity in Plants*. Rijeka: InTech Publisher, 163-184.
- Aliyu, O. M., Adeigbe, O. O., & Lawal, O. O. (2014). Phenotypic stability analysis of yield components in Cashew (*Anacardium occidentale* L.) using additive main effect and multiplicative interaction (AMMI) and GGE biplot analyses. *Plant Breeding Biotechnology*, 2(4), 354-369.
- Carvalho, A. V., Silveira, T. F. F., Mattietto, R. A., Oliveira, M. S. P., & Godoy, H. T. (2017). Chemical composition and antioxidante capacity of açai (*Euterpe oleracea*) genotypes and commercial pulps. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 97, 1467-1474. DOI: 10.1002/jsfa.7886.
- CLIMATE-DATA.ORG (2025). *Clima Mazagão*. [Acesso em: 23 abr 2025]. Disponível em: <https://pt.climate-data.org/america-do-sul/brasil/amapa/mazagao-33758/#climate-graph>.
- COMEX DO BRASIL (2017). *No Pará, produção de açai deve ter mais assistência técnica e investimentos, informa o Mapa*. [Acesso em: 19 abr 2025]. Disponível em: <https://www.comexdobrasil.com/no-para-producao-de-acai-deve-ter-mais-assistenciaticnica-e-investimentos-informa-o-mapa/>.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., & Regazzi, A. J. (2014). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (3. ed.). Viçosa: Editora UFV, 668 p.
- Duarte, J. B. (2001). Aspectos gerais da interação genótipos x ambientes com ênfase na formação de redes de avaliação. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 1., Goiânia, 2001. *Resumos*. Goiânia: SBMP.
- Duarte, J. B., & Vencovsky, R. (1999). *Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999.
- Farias Neto, J. T., Yokomizo, G. K. I., Oliveira, M. do S. P., & Hongyu, K. (2018). GGE Biplot para estabilidade e adaptabilidade em progênies de açazeiro de Anajás, PA. *Revista Agro@ambiente On-line*, 12(1), 409-417.
- Farias Neto, J. T., Resende, M. D. V., & Oliveira, M. S. P. (2011). Seleção simultânea em progênies de açazeiro irrigado para produção e peso do fruto. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33(1), 532-539. DOI: 10.1590/S0100-29452011000200025.
- Gauch, H. G., & Zobel, R. W. (1988). Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theoretical and Applied Genetics*, 76(1), 1-10. DOI: 10.1007/BF00288824
- Gomes Junior, R. A., Gurgel, F. de L., Peixoto, L. de A., Bhering, L. L., Cunha, R. N. V. da, Lopes, R., Pina, A. J. de A., & Veiga, A. S. (2014). Evaluation of interspecific hybrids of palm oil reveals great genetic variability and potential selection gain. *Industrial Crops and Products*, 52, 512-518.
- Guzman, P. S., & Alejandro, F. R. (2002). Searching for better white corn genetics for marginal uplands in the Philippines. *Proceedings of the 8th Asian Regional Maize Workshop*, Bangkok; Thailand, 156-164.
- IBGE *Produção Agrícola Municipal – PAM, 2018*. (2017). [Acesso em: 19 abr 2025]. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1613>.
- Karimizadeh, R., Asghari, A., Chinipardaz, R., Sofalian, O., & Ghaffari, A. (2016). Determining yield stability and model selection by AMMI method in rain-fed durum wheat genotypes. *Turkish Journal of Field Crops*, 21, 174-183.
- Lavoranti, O. J. (2003). *Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “Bootstrap” no modelo AMMI*. 166f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- Maia, M. C. C., Resende, M. D. V., Paiva, J. R., Cavalcanti, J. J. V., & Barros, L. M. (2009). Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 39(1), 43-50.
- Malosetti, M., Ribaut, J.-M., & Eeuwijk, F. A. van. (2013). The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, 4, article 44. DOI: 10.3389/fphys.2013.00044
- Menezes, E. M. S. (2005). *Efeito da alta pressão hidrostática em polpa de açai pré-congelada (Euterpe oleracea, Mart.)*. 83 p.. Dissertação de Mestrado (Ciência e Tecnologia de Alimentos), Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ.
- Moura Rocha, S. M. B. (2015). Benefícios funcionais do açai na prevenção de doenças cardiovasculares. *Journal of Amazon Health Science*, 1(1), 1-10.

- Neves, L. T. B. C., Campos, D. C. S., Mendes, J. K. S., Urnhani, C. O., & Araújo, K. G. M. (2015). Quality of fruits manually processed of açai (*Euterpe oleracea* Mart.) and bacaba (*Oenocarpus bacaba* Mart.). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37(3), 729-738.
- Nogueira, A. K. M., Santana, S. C. de, & Garcia, W. S. (2013). A dinâmica do mercado de açai fruto no Estado do Pará: de 1994 a 2009. *Revista Ceres*, 60(3), 324-331.
- Nunes, G. H. S, Santos Júnior, H., Grangeiro, L. C., Bezerra Neto, F., Dias, C. T. S., & Dantas, M. S. M. (2011). Phenotypic stability of hybrids of Gália melon in Rio Grande do Norte state, Brazil. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 83(4), 1421-1433.
- Oliveira, E. J., Freitas, J. P. X., & Jesus, O. N. (2014). AMMI analysis of the adaptability and yield stability of yellow passion fruit varieties. *Scientia Agricola*, 71(2), 139-145.
- Oliveira, E. J., & Godoy, I. J. (2006). Pod yield stability analysis of runner peanut lines using AMMI. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 6, 311-317.
- Pagliarussi, M. S. (2010). *A cadeia produtiva agroindustrial do açai: estudo da cadeia e proposta de um modelo matemático*. 66p. Monografia. Universidade de São Paulo. São Carlos - SP.
- Pessoa, J. D. C., & Teixeira, G. H. de A. (2012). *Tecnologias para inovação nas cadeias euterpe*. Brasília, DF: Embrapa, 343p.
- PORTAL BRASIL (2016). *Pará ganha programa para ampliar produção de açai*. [Acesso em: 23 abr 2025]. Disponível em: <http://www.brasil.gov.br/ciencia-e-tecnologia/2016/01/para-ganhaprograma-para-ampliar-producao-de-acai>.
- R CORE TEAM (2020). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. [Acesso em: 19 abr 2025]. Disponível em: <http://www.R-project.org/>.
- Ramos, L. M., Sanches, A., & Cotes, J. M. (2009). Testes multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios ou locais. *Ciência Rural*, 39(1), 52-57.
- Rocha, M. M., Freire Filho, F. R., Ribeiro, V. Q., & Carvalho, H. W. L. (2007). Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na região Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42, 1283-1289.
- Rodrigues, E. C. N, Ribeiro, S. C., & Silva, F. L. (2015a). Influência da cadeia produtiva do açai (*Euterpe oleracea* Mart.) na geração de renda e fortalecimento de unidades familiares de produção, Tomé Açú-PA. *Observatorio de la economía Latinoamericana*, n. 210.
- Rodrigues, P. L., Alves Filho, P. P. C., Gomes, A. A. C., Silva, J. L. da, & Lima, D. A. (2015b). Atividades desenvolvidas pelas famílias no extrativismo do açai (*Euterpe oleracea* Mart.) em Ponta de Pedras-PA. 2015, CONTECC, Fortaleza, CE, p.4.
- Schreckinger, M. E., Lotton, J., Lila, M. A., & Mejia, E. G. (2010). Berries from South America: a comprehensive review on chemistry, health potential, and commercialization. *Journal of Medicinal Food*, 13(2), 233-246.
- Sethi, K., Tripathy, P., & Mohapatra, K. C. (2016). Variability and heritability of important quantitative characters in cashew (*Anacardium occidentale* L.). *Environment & Ecology*, 34(4), 1795-1798.
- Silva, A. C. D., Smiderle, O. J., Oliveira, J. M.F., & Silva, T. J. (2017). Tamanho da semente e substratos na produção de mudas de açai. *Advances in Forestry Science*, 4(4), 151-156.
- Silvestre, W. V. D, Pinheiro, H. A., Souza, R. O. R. M., & Palheta, L. F. (2016). Morphological and physiological responses of açai seedlings subjected to different watering regimes. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 20(4), 364-371.
- Souza, M. O, Santos, R. C., Silva, M. E., & Pedrosa, M. L. (2011). Açai (*Euterpe oleraceae* Martius): chemical composition and bioactivity. *Nutrire: Revista Sociedade Brasileira de Alimentação e Nutrição*, 36(2), 161-169.
- Tavares, G. dos S., & Homma, A.K.O. (2015). Comercialização do açai no Estado do Pará: Alguns comentários. *Revista Observatorio de la Economía Latino americana*, n. 211. [Acesso em: 20 abr 2025]. Disponível em: <https://www.embrapa.br/amazonia-oriental/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1031486/comercializacao-do-acai-no-estado-do-para-alguns-comentarios>.
- Tenkouano, A., & Baiyeri, K. P. (2007). Adaptation pattern and yield stability of banana and plantain genotypes grown in contrasting agroecologies in Nigeria. 8th African Crop Science Society Conference, El-Minia, Egypt, 27-31 October 2007. *Proceedings*, 8, 337-384.
- Yamaguchi, K. K. L. Pereira, L. F. R., Lamarão, C. V., Lima, E. S., & Veiga-Júnior, V.F. (2015). Amazon acai: Chemistry and biological activities: A review. *Food chemistry*, 179, 137-151.

-
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q., & Szlavics, Z. (2000). Cultivar evaluation and Mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop Science*, 40(3), 597-605. DOI: 10.2135/cropsci2000.403597x
- Yokomizo, G. K. I., Farias Neto, J. T. de, & Oliveira, M. do S. P. (2016a). Ganho esperado na seleção de progênies de polinização aberta de *Euterpe oleracea* para produção de frutos. *Scientia Forestalis*, 44(109), 241-248.
- Yokomizo, G. K.-I., Mochiutti, S., Queiroz, J. A. L. de, Santos, G. R. dos, Furtado, R. G., Brandão, A. P., & Colares, I. B. (2016b). Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de frutos em açaizeiros no Amapá. *Ciência Florestal*, 26(3), 985-993.