



MINISTÉRIO DE EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGROECOSISTEMAS



**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE
COQUEIRO ANÃO PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS NA BAIXADA
LITORÂNEA DE SERGIPE**

KAMILA MARCELINO BRITO SOBRAL

2010



MINISTÉRIO DE EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGROECOSISTEMAS



KAMILA MARCELINO BRITO SOBRAL

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE
COQUEIRO ANÃO PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS NA BAIXADA
LITORÂNEA DE SERGIPE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agroecossistemas, área de Sistemas de Produção Sustentáveis, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Pesq. D.Sc. Wilson Menezes Aragão

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE - BRASIL

2010

KAMILA MARCELINO BRITO SOBRAL

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE
COQUEIRO ANÃO PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS NA BAIXADA
LITORÂNEA DE SERGIPE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agroecossistemas, área de concentração em Sistemas de Produção Sustentáveis, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 21 de junho de 2010

Pesq. D. Sc. Ana da Silva Ledo
Embrapa Tabuleiros Costeiros

Pesq. D. Sc. Semíramis Rabelo Ramalho Ramos
Embrapa Tabuleiros Costeiros

Pesq. D. Sc. Wilson Menezes Aragão
Embrapa Tabuleiros Costeiros
(Orientador)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE**

S677d Sobral, Kamila Marcelino Brito
Divergência genética entre acessos de coqueiro anão para
caracteres morfológicos e agronômicos na baixada litorânea de
Sergipe / Kamila Marcelino Brito Sobral. – São Cristóvão, 2010.
84 f.: il.

Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Núcleo de
Pós-Graduação em Agroecossistemas, Pró-Reitoria de Pós-
Graduação e Pesquisa, Universidade Federal de Sergipe, 2010.

Orientador: Pesq. D.Sc. Wilson Menezes Aragão

1. Variabilidade genética. 2. *Cocos nucifera L.* 3. Morfologia. 4.
Desenvolvimento sustentável. I. Título.

CDU 634.616:575

**Dedico este trabalho ao marido Hercílio e aos meus pais pelo apoio e
compreensão nas horas de ausência.**

AGRADECIMENTOS

Agradeço a;

A Deus e a Nossa Senhora das Graças;

Ao meu marido Hercílio, por sua dedicação, apoio, paciência e, principalmente, pela imensa compreensão pela minha ausência constante.

Aos meus pais pela confiança, amor e dedicação em todos os momentos da minha vida;

As minhas famílias Menezes, Brito, Marcelino e Sobral, pelo apoio e compreensão nas horas em que estive ausente;

As minhas amigas Juliana, Aline e Angélica pelo apoio e incentivo.

A Secretaria de Educação do Estado de Sergipe pela licença de estudo concedida;

A Universidade Federal de Sergipe pela formação acadêmica;

Aos professores no NEREN por terem compartilhado seus conhecimentos e aos colegas de curso que me ajudaram em todos os momentos, especialmente ao Luciano, Thiago, Jolly e Fabrício;

A Rogena pela presença e ajuda do início ao final deste processo;

A Embrapa Tabuleiros Costeiros pelo apoio estrutural, que foi de extrema importância para a realização deste trabalho;

A toda a equipe da Embrapa Tabuleiros Costeiros envolvida na realização deste trabalho. Agradeço especialmente a equipe do Campo Experimental de Itaporanga, Eivaldo, Cleverson, Mendonça, Messias e Júlio, por terem me ajudado durante os seis meses de coleta de dados no campo;

Aos estagiários da Embrapa Tabuleiros Costeiros Camila Arruda e André Pinto, pelo auxilio na obtenção dos dados deste trabalho;

Ao professor, Dr. Wilson Aragão, pela orientação e apoio desde o início do curso de mestrado até a conclusão deste trabalho;

A Dra. Semíramis Rabelo Ramalho Ramos, pela paciência, confiança e todos os ensinamentos que me foram concedidos;

Ao professor Dr. Antônio Teixeira do Amaral Junior e Dr. Leandro Simões Azeredo Gonçalves, respectivamente professor e bolsista da Universidade Estadual do Norte Fluminense pelo auxílio nas análises estatísticas dos dados deste trabalho;

Finalmente agradeço a todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	i
LISTA DE FIGURAS.....	iii
RESUMO.....	iv
ABSTRACT.....	v
CAPÍTULO 1.....	1
1. Introdução Geral.....	1
2. Referencial Teórico.....	3
2.1. Aspectos Gerais do Coqueiro.....	3
2.2. Taxonomia, Origem e Distribuição.....	4
2.3. Recursos Genéticos Vegetais.....	7
2.3.1. Manejo de Bancos de Germoplasma.....	9
2.3.2. Recursos genéticos de Coco.....	11
2.4. Diversidade Genética.....	14
2.4.1. Técnicas Multivariadas.....	15
2.4.1.1. Análise de Agrupamento.....	15
2.4.1.1.1. Distância Euclidiana média.....	15
2.4.1.2.1. Técnicas de Agrupamento.....	16
2.4.2.1.1. Componentes principais.....	16
2.5. Melhoramento Genético do Coqueiro.....	17
2.5.1. Parâmetros Genéticos.....	20
2.5.1.1. Variância genotípica.....	21
2.5.1.2. Variância ambiental.....	22
2.5.1.3. Variância fenotípica.....	23
2.5.2. Herdabilidade.....	23
3. Referências Bibliográficas.....	25
CAPÍTULO 2: Diversidade Genética entre Acessos de Coqueiro anão Utilizando Técnica de Análise Multivariada.....	30
1. Resumo.....	30
2. Abstract.....	31
3. Introdução.....	32
4. Material e Métodos.....	34
4.1. Localização e características climáticas da região.....	34
4.2. Condições Experimentais.....	35
4.3. Descritores Morfoagronômicos.....	35
4.3.1. Estipe.....	35
4.3.2. Folha.....	37
4.3.3. Inflorescência.....	39
4.4. Análises Estatísticas.....	45
4.4.1. Análise Estatística dos Dados Quantitativos	45
4.4.2. Análise Estatística dos Dados Qualitativos	45
4.4.3. Análise conjunta.....	46
5. Resultados e Discussão.....	46
5.1. Dados Quantitativos.....	46
5.2. Dados Qualitativos.....	52

5.3. Análise conjunta.....	54
6. Conclusões.....	57
7. Referências Bibliográficas.....	58
CAPÍTULO 3: Avaliação e Estimativa de Parâmetros Genéticos para Algumas Características de Importância Agronômica em Coqueiro Anão....	61
1. Resumo.....	61
2. Abstract.....	62
3. Introdução.....	63
4. Material e Métodos.....	66
4.1. Descritores Morfológicos.....	66
4.1.1. Vegetativos de folha.....	67
4.1.2. Reprodutivos.....	67
4.2 - Análises Estatísticas.....	69
5. Resultados e Discussão.....	70
6. Conclusões.....	80
7. Referências Bibliográficas.....	81
Considerações Finais.....	84

LISTA DE TABELAS

TABELA 1	Agrupamento pelo método de Tocher em seis acessos de coqueiro anão, com base na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média estimada a partir de 38 descritores quantitativos. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	48
TABELA 2	Importância Relativa das Características avaliadas em seis acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	51
TABELA 3	Agrupamento, método de Tocher, em seis acessos de coqueiro anão, com base na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média estimada a partir de 11 descritores qualitativos. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	54
TABELA 4	Correlações entre as matrizes de distância Euclidiana média (quantitativa), distância de Cluster (qualitativo) e distância de Gower (conjunta), em seis acessos de coqueiro anão, obtidas com base nos descritores morfo-morfológicos. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009....	56
TABELA 5	Resumo das análises de variância para os descritores morfoagronômicos avaliados de seis acessos de coqueiro anão do BAG de coco do CPATC. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	71
TABELA 6	Dados médios para comprimento da ráquis (CRAQ), comprimento do pecíolo (CPEC), número de folíolos (NFOL), comprimento do folíolo (CFOL) e largura do folíolo (LFOL) avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	72
TABELA 7	Dados médios para o período em dias entre a emergência e a abertura da inflorescência (DIF E x A), número de inflorescência (NINF), número de inflorescência aberta (NIA), comprimento do pedúnculo (CPED) e comprimento da inflorescência (CINF), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	73
TABELA 8	Dados médios para número de ramos florais (NRF), relação entre número de flores masculinas por número de flores femininas (NFMAS/NFFEM), número de flores masculinas (NFMAS), número de flores femininas (NFFEM), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	74
TABELA 9	Dados médios para relação entre número de ramos florais com flores femininas (NRFCF), número de ramos florais sem flores femininas (NRFSF) e duração do ciclo reprodutivo em dias (DUCR) e duração da fase reprodutiva masculina (DURMAS), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.....	76

TABELA 10 Estimativas da herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de variação genética (CVg), coeficiente de variação ambiental (CV) e razão entre coeficiente variação genética e coeficiente de variação ambiental (CVg/CV) de caracteres vegetativos, morfológicos e reprodutivos de acessos de coqueiro anão do BAG de coco. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009..... 77

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1	Pluviosidade no Campo Experimental de Itaporanga do CPATC durante o período de junho a dezembro de 2009.....	34
FIGURA 2	Detalhe para mensuração do descritor altura do estipe até a folha verde mais velha. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	36
FIGURA 3	Detalhe para mensuração do descritor largura da cicatriz da altura de 20 cm no estipe. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	37
FIGURA 4	Detalhe para mensuração do descritor, comprimento da folha. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	38
FIGURA 5	Detalhe para mensuração do descritor número de ramos florais encontrado na inflorescência. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	41
FIGURA 6	Detalhe para mensuração do descritor comprimento médio dos ramos florais. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	42
FIGURA 7	Detalhe para mensuração do descritor número de flores femininas e número de flores masculinas. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	43
FIGURA 8	Detalhe para mensuração do descritor contagem de número de flores masculinas. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.....	43
FIGURA 9	Detalhe para mensuração do descritor diâmetro de flores fêmeas Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.	44
FIGURA 10	Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de variedades de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros obtido pelo método UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade.....	47
FIGURA 11	Plano formado pelos componentes principais 1 e 2, representando a distribuição dos seis acessos de variedades de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros dos acessos do BAG de coco da, em relação aos 49 descritores morfo-agronômicos analisados.....	49
FIGURA 12	Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de coqueiro anão, obtido pelo método de UPGMA a partir do alogaritmo de Cluster como medida de distância.....	53
FIGURA 13	Dendrograma de dissimilaridade genética, com base no alogarítimo de Gower (1971) obtido pelo método de UPGMA (<i>Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average</i>) a partir do alogaritmo de Gower como medida de distância.....	55

RESUMO

SOBRAL, KAMILA MARCELINO BRITO. Divergência Genética entre acessos de Coqueiro Anão para Caracteres Morfológicos e Agronômicos na Baixada Litorânea de Sergipe. 2010. 84f. (Dissertação, Mestrado em Agroecossistemas) Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE.

A caracterização morfológica, realizada por meio de descritores, identifica e descreve a variabilidade ou diversidade existente dentro e entre os acessos conservados em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs). Estas informações, fornecidas pela área de recursos genéticos, podem ser utilizadas nos programas de melhoramento de coco, especialmente quando da utilização dos acessos com características de interesse para servir como matrizes para produção de híbridos ou na escolha de variedades mais adaptadas ou resistentes a determinados fatores. O trabalho teve como objetivo caracterizar e avaliar por meio da lista descritiva elaborada pelo IBPGR 1995, atual Bioversity International, os acessos de coqueiro anão conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros. Os acessos caracterizados e avaliados encontram-se no delineamento experimental em blocos casualizados, com seis tratamentos (acessos) e cinco repetições, sendo 16 plantas úteis por parcela, no espaçamento de 7,5 x 7,5 x 7,5. Foram avaliadas 11 plantas úteis de seis acessos de coqueiro-anão: Anão Verde do Brasil Jiqui (AVeBrJ), Anão Vermelho de Camarões (AVC), Anão Vermelho da Malásia (AVM), Anão Vermelho de Gramame (AVG), Anão Amarelo de Gramame (AAG), Anão Amarelo da Malásia (AAM). Foram utilizados descritores quantitativos e qualitativos, sendo todos relacionados a dados vegetativos, morfológicos e reprodutivos. As análises genético-estatísticas foram realizadas com o programa SAS 9.1 e genes 2009, os dados foram submetidos à análise de variância e as médias das cultivares comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade e estimados parâmetros genéticos (h^2 , CVg, CVe e Iv). Para quantificar a divergência genética entre os genótipos foi empregada a distância euclidiana média padronizada. Os métodos de agrupamento utilizados para agrupar os genótipos foram o hierárquico UPGMA, o de otimização Tocher e os Componentes Principais. Utilizando descritores morfoagrônicos foi possível detectar divergência genética entre os acessos de coqueiro anão do Banco de germoplasma de coco. Os métodos de agrupamento UPGMA, Tocher e componentes principais demonstraram a eficiência na avaliação dos acessos. Foi observado que os caracteres, número de folíolos, comprimento do folíolo, largura do folíolo, comprimento do pedúnculo, número de flores masculinas, número de ramos florais, comprimento médio dos ramos florais, duração do ciclo reprodutivo, duração da fase reprodutiva masculina, período entre emergência e abertura das inflorescências e número de inflorescência dispõem de alta variabilidade genética, possibilitando êxito no melhoramento do coqueiro empregando métodos de seleção mais simples, como a seleção massal. O AVeBrJ apresentou as maiores médias quanto: número de folíolos, comprimento do folíolo, número de ramos florais, duração do ciclo reprodutivo, duração da fase reprodutiva masculina, indicando bom desenvolvimento vegetativo e reprodutivo.

Palavras-chaves: *Cocos nucifera* L., recursos genéticos, melhoramento, variabilidade genética

Comitê orientador: Wilson Menezes Aragão – Embrapa Tabuleiros Costeiros (orientador), Ana da Silva Ledo – Embrapa Tabuleiros Costeiros, Semíramis Rabelo Ramalho Ramos – Embrapa Tabuleiros Costeiros.

ABSTRACT

SOBRAL, KAMILA MARCELINO BRITO. Genetic divergence among accessions of dwarf coconut for morphological and agronomic characters in the Coastal Boards of Sergipe. São Cristóvão: UFS, 2010. 84 f. (Dissertation Paper, Masters in Agroecosystems)

Morphological characterization, performed by use of descriptors, identifies and describes the variability or diversity within and between accessions maintained in Germplasm Banks Assets. This information, provided for genetic resources studies may be used in improvement programs of coconut, especially when there are characteristics of interest to serve as matrices for production of hybrids or the selection of adapted or resistant varieties to certain factors. The study aimed to characterize and evaluate the dwarf accessions stored in the Active Germplasm Bank of Embrapa Coastal Boards, using a descriptive list drawn up by IBPGR in 1995, now Bioversity International. The experimental design was randomized block, with six treatments (accessions) and five replications, 16 useful plants /plot, spaced 7.5 x 7.5 x 7.5. It evaluated 11 useful plants of six accessions of Dwarf coconut: Green Dwarf Jiqui Brazil (DGEBRJ), Red Dwarf Cameroon (DRC), Red Dwarf Malaysia (DRM), Red Dwarf Gramame (DRG), Yellow Dwarf Gramame (DYG), Yellow Dwarf of Malaysia (DYM). Quantitative and qualitative descriptors, all data-related to vegetative, morphological and reproductive were considered. The genetic-statistical analysis was executed by SAS 9.1 and genes 2009 program. Data were submitted to ANOVA and the means of cultivars compared by Tukey test (5%) and genetic parameters (h^2 , CVg, and CVe Iv) were estimated. Genetic divergence between genotypes was quantified by Standardized mean Euclidean distance. The clustering methods used to group the genotypes were the UPGMA, the Tocher optimization and Main Components. With descriptors morpho-agronomics was possible to detect genetic divergence among accessions of the dwarf coconut germplasm bank. The UPGMA cluster analysis, Tocher and principal components demonstrated efficiency in the evaluation of the accessions. It was observed that characters like number of leaves, length of leaflets, width of leaflets, peduncle length, number of male flowers, number of floral branches, average length of floral branches, length of reproductive cycle, male reproductive phase duration, period between emergency and opening of inflorescences and number of inflorescence have high genetic variability, allowing success in improving of coconut using simpler selection methods such as mass selection. The AVeBrJ had the highest means to following characteristics: number of leaflets, length of leaflets, number of flower branches, length of reproductive cycle, male reproductive phase duration, showing a good vegetative and reproductive development.

Key-words: *Cocos nucifera* L, genetic resources, breeding, genetic variability.

Guidance Committee: Wilson Menezes Aragão – Embrapa Tabuleiros Costeiros (Major professor), Ana da Silva Ledo – Embrapa Tabuleiros Costeiros, Semíramis Rabelo Ramalho Ramos – Embrapa Tabuleiros Costeiros

CAPÍTULO 1

1. Introdução Geral

O coqueiro é uma planta considerada multiuso, pois diversas partes são aproveitadas pelo homem, desde o consumo *in natura* dos frutos verdes (água-de-coco) e secos (uso culinário) até a utilização da madeira para construção de móveis, casas e construções rurais. Do ponto de vista agronômico e econômico, os produtos oriundos dos frutos, como a copra, óleo, ácido laúrico, leite de coco, farinha, água de coco, fibra e ração animal, entre outros produtos e subprodutos, são as partes mais utilizadas no comércio nacional e internacional do coco (ARAGÃO et al., 1999).

O coqueiro é considerado umas das mais importantes oleaginosas do mundo, tendo em vista a quinta posição que ocupa na produção mundial dos principais óleos vegetais. Estima-se uma área plantada de 11,6 milhões de hectares distribuída por 86 países com uma produção de 8,4 milhões de toneladas de copra (álbumen desidratado a 6%) e 35,8 milhões de toneladas de frutos (PERSLEY, 1992).

A cocoicultura está difundida em 90 países da região intertropical do globo terrestre, sendo a Indonésia o maior produtor mundial com produção de 19.500.000 toneladas, seguido por Filipinas e Índia produziram, respectivamente, 15.319.500 e 10.894.00 toneladas (FAOSTAT, 2010).

O Brasil ocupa a quarta colocação, com uma produção superior a 3 milhões de toneladas, em uma área plantada de 267.449 mil ha (FAOSTAT, 2010). No ano de 2009, a região Nordeste foi responsável por mais de 71% da produção de coco, seguida pela região Sudeste (15 %) e Norte (14%). O Estado da Bahia destaca-se como o maior produtor brasileiro, representando 34 % da produção nacional, seguido pelos Estados do Pará (13,78%) e Ceará (14,13%) (COCO-DA-BAÍA..., 2010).

Como outras espécies, o coqueiro vem sofrendo perda de seus ambientes naturais e erosão genética, influenciada pela ação antrópica crescente. Devido a estes e a outras ameaças e necessidades de pesquisas envolvendo a cultura foi formada a Rede Internacional de Recursos Genéticos de Coco (COGENT), que é composta por cinco Bancos Internacionais de Germoplasma de Coco que atendem as regiões Sudeste e leste da Ásia, Sul da Ásia, Pacífico Sul, África e Oceano Índico, (ICG-AIO) América Latina e Caribe (ICG-LAC). Estes bancos têm entre seus objetivos a conservação,

caracterização, avaliação e utilização dos recursos genéticos disponíveis. O Banco de Coco (BAG) para América Latina e Caribe, está sob a responsabilidade da Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC) que desde 2006, faz parte da Rede Internacional de Recursos Genéticos de coco.

Contudo, os trabalhos de pesquisas de coco têm sido desenvolvidos pelo CPATC há décadas e em, 1982, algumas ações de pesquisa foram realizadas como, por exemplo, a caracterização dos acessos e a seleção de cultivares de interesse para o melhoramento. Entretanto, as atividades de caracterização morfoagrônoma dos acessos foram incipientes. Em grande parte utilizando quantidade mínima de descritores e com foco em avaliações relacionadas à fenologia e frutificação. Poucos trabalhos utilizaram descritores vegetativos e morfológicos, e não há registros de trabalhos utilizando os descritores publicados para os acessos de coqueiro no ambiente onde atualmente estão instalados, visando conhecimento amplo da variabilidade existente entre os acessos do banco é essencial a utilização máxima dos descritores existentes e que outras atividades de manejo sejam contínuas como, por exemplo, o enriquecimento do banco de germoplasma de coco.

O programa de melhoramento do coqueiro no Brasil, e principalmente em Sergipe, iniciou com a introdução de germoplasma, autofecundação do coqueiro gigante e cruzamento intervarietal entre anão x gigante. A partir da década de 90, tornaram-se constantes as pesquisas visando o desenvolvimento e avaliação de híbridos, juntamente com outras atividades prospecção e enriquecimento do banco de germoplasma (ARAGÃO et al., 1999).

Este trabalho teve por objetivo geral caracterizar e avaliar a divergência genética e estimar alguns parâmetros genéticos em acessos de coqueiro anão conservados no BAG de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros, por meio de lista descritiva elaborado pelo *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR, 1995) atual Bioversity International. O trabalho compõe-se em partes distintas: o capítulo um, com informações sobre os Recursos Genéticos e a estimativa da diversidade genética, entre os acessos de coqueiro anão por meio da utilização de técnicas de análise multivariada; o capítulo dois direcionado ao melhoramento genético estima os parâmetros genéticos, com indicações sobre as melhores cultivares para os programas de melhoramento. Por último segue a conclusão seguida das considerações finais sobre os resultados obtidos pela pesquisa realizada.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Aspectos gerais do coqueiro

O coqueiro é uma espécie tropical, largamente distribuída na Ásia, África, América Latina e região do Pacífico (CGIAR, 2008). É atribuída a essa espécie múltiplos usos, cerca de 360 usos domésticos e industriais, que passam desde o consumo de fruta fresca até a utilização da madeira para construção de móveis, casas e construções rurais (RODRIGUEZ; GUERRERO, 2003). Constitui-se como uma das principais culturas perenes, capaz de gerar um sistema auto-sustentável de exploração, como se observa em vários países do continente asiático, onde além da fonte geradora de divisas representa uma das principais fontes de proteínas e calorias para a população (CUENCA, 1998).

A introdução do coqueiro no Brasil e sua adaptação aos solos arenosos da costa brasileira permitiram o surgimento de uma classe produtora, ocupando um ecossistema com poucas possibilidades de outras explorações agrícolas. Apesar de ter sido, *a priori*, introduzido sem uma preocupação ambiental, compõe de uma cadeia produtiva muito diversificada e de grande importância social, uma vez que é praticada, em sua maioria por pequenos produtores (PASSOS, 2007) em áreas que variam de 0,5 a 4,0 ha (PERSLEY, 1992).

O Brasil ocupa o quarto lugar como maior produtor mundial com uma produção pouco superior a 3 milhões de toneladas, em uma área colhida de 267.449 milhões há (FAO, 2008). De acordo com dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística foram cultivados, em 2009, cerca de 294.161 hectares de coco, sendo colhidos 269,188 hectares. A região nordeste foi responsável por 237.886 hectares e produção de 1.305.684 mil frutos, colhidos numa área de 255.391 hectares (COCO-DA-BAÍA..., 2010). Os Estados do Ceará, Pernambuco e Sergipe demonstraram produção expressiva de frutos correspondendo, respectivamente, a 258, 988; 134, 253 e 86, 344 mil frutos, contribuindo substancialmente para o fortalecimento da produção brasileira (COCO-DA-BAÍA..., 2010)).

A partir da década de 90, com a conscientização da população para o consumo de produtos naturais, verificou-se grande crescimento da exploração do coqueiro anão, visando à produção do fruto verde para o consumo de água (SENHORAS, 2003). O

consumo brasileiro atual de água de coco é preferencialmente de frutos de coqueiros anões colhidos nas idades de 6 e 7 meses. Esses frutos, além de apresentarem normalmente maiores rendimentos de água, possuem um valor sensorial de sabor adocicado superior, devido aos maiores teores de glicose e frutose e ao maior grau brix (ARAGÃO, 2002).

O crescente consumo de água de coco e a possibilidade de exportação para alguns países europeus tiveram como conseqüência a expansão da área cultivada com a variedade anã, devido à maior aceitação dos frutos para consumo de água, maior precocidade e produção de frutos, além de menor altura da planta, que favorece a colheita (ARAGÃO, 2002) sendo esta uma característica de interesse dos produtores.

2.2. Taxonomia, origem e distribuição

O coqueiro pertence à família Arecaceae, uma das mais importantes famílias da classe das monocotiledôneas, sendo constituído apenas pela espécie *Cocos nucifera L.* e por duas variedades principais: Typica (coqueiro gigante) e Nana (coqueiro anão) (FOALE, 2005). A variedade Nana é composta pelas cultivares amarela, verde, vermelho da Malásia e vermelho de Camarões (OHLER, 1984).

A variedade anã apresenta um crescimento vegetativo lento e produz um grande número de frutos pequenos (150 a 200 frutos/planta/ano) e com vida útil econômica entre 30 e 40 anos. É uma variedade precoce, iniciando florescimento, em média, com três anos, podendo florescer mais cedo, dependendo da aplicação adequada de tecnologias (ARAGÃO et al., 1999). A cultivar verde é mais resistente às condições adversas do ambiente e a amarela, mais suscetível (SIQUEIRA et al., 1997).

Como as demais espécies da família Arecaceae, o coqueiro é uma planta essencialmente tropical que encontra condições climáticas favoráveis entre latitudes 20°N e 20°S (PERSLEY, 1992). Os fatores climáticos como temperatura, pluviosidade e radiação solar, além de umidade atmosférica e ventos, têm grande influência no desenvolvimento da cultura. A importância de cada um desses fatores está associada ao ambiente onde o coqueiral se localiza. Como exemplo, na região Nordeste, as altas taxas de evapotranspiração, associadas à má distribuição de chuvas, provocam déficit hídrico que perdura por 5 a 8 meses, o que torna a água um fator limitante (MADEIRA, 1996).

O sistema reprodutivo da variedade de coqueiro anão é predominantemente autógama, isto é, ocorre sincronia entre as fases reprodutivas das flores masculinas e femininas. A planta tem estipe estreito com circunferência média de 56 centímetros e atinge altura média de 10,7 metros. As folhas são curtas com comprimento em torno de 4 metros. Florescem cedo, três a quatros anos após o plantio. Os frutos são, geralmente, pequenos e são requeridos de 9.000 a 12.000 frutos para produzir uma tonelada de albúmen desidratado. As plantas se desenvolvem bem em solos profundos, férteis e cultivadas em regiões com precipitação bem distribuída. São susceptíveis a pragas e doenças e sofrem muito com a seca. A vida útil de produção econômica do coqueiro está em torno de 30 a 40 anos. Essa variedade tem sido usada em programas de melhoramento genético e também na produção de coco verde para fornecimento de água (SIQUEIRA et al., 2002).

A verdadeira origem do coqueiro, ainda é discutida. Algumas teorias foram estabelecidas e discutidas ao longo do tempo. Uma delas sugere a origem da espécie em algum lugar ao Norte ou no Andes da América do Sul, enquanto outras afirmam que surgiu no Sudeste Asiático (OLHER, 1984). Zizumbo (1998) menciona que a introdução do coco nas costas do pacífico ocorreu no ano de 1539, de materiais provenientes das costas ocidentais do Panamá. VON citado por Purseglove (1972) sugere a provável origem na costa ocidental da América Central. GUPPY citado por Purseglove (1972) sugeriu que o coco era nativo da Costa Pacífico da América tropical e que através das correntes marítimas as sementes foram para Polinésia e Ásia. COOK citado por Purseglove (1972) considerou que o coco se originou entre as palmeiras cocóides (espécies de palmeiras pertencentes *Butinae*, subtribo da família das palmeiras) dos vales dos Andes, na Colômbia, e sua distribuição pelos povos agrícolas primitivos que as distribuíram para outros e assim para ilhas e praias do Oceano Pacífico e Índia.

De Candolle (1855) citado por Ohler (1984), fornece alguns argumentos a favor da origem asiática baseado nas correntes marítimas, nas rotas de navegação, em presença de variedades comuns na Ásia e utilização cultural do coco. Embora ocorram ainda muitas controvérsias sobre a origem do coqueiro a mais aceita é apresentada por Purseglove (1972) onde essa espécie teria se originada e domesticada na Malásia, onde foi amplamente distribuída em tempos pré-históricos para o Continente Asiático, África Oriental e Panamá antes de 1492. Depois, sementes teriam sido levadas para a Costa

Atlântica da América, África e outras áreas tropicais, onde obtiveram as condições adequadas para o seu desenvolvimento.

No Brasil, de acordo com Nucé de Lamothe (1983), citado por Siqueira et al. (2002), o coqueiro gigante foi introduzido a partir de 1553, no Estado da Bahia, sendo procedente das ilhas de Cabo Verde. A origem remota desse material seria a Índia ou Sri Lanka de onde os cocos teriam sido introduzidos em Moçambique. Essa hipótese se acha confirmada pela semelhança entre o coqueiro gigante do Oeste da África e o coqueiro gigante de Moçambique. Em 1978, a Comissão Executiva da Lavoura Cacaueira (CEPLAC) introduziu o coqueiro Gigante do Oeste Africano, procedente da Costa do Marfim, e a Empresa Sococo, no ano de 1981, importou o mesmo Gigante do Oeste Africano. Em 1983, a Embrapa Tabuleiros Costeiros importou da Costa do Marfim sete populações de coqueiro gigante para constituir o Banco Ativo de Germoplasma, localizado no Estado de Sergipe (SIQUEIRA et al., 2002).

As introduções dos coqueiros anões no Brasil ocorreram da seguinte forma: anão verde em 1925, procedência de Java e em 1939, do Norte da Malásia; anão amarelo, em 1938, e anão vermelho, em 1939, ambos provenientes também do Norte da Malásia. O anão vermelho de Camarões foi introduzido a partir de 1978, procedente da Costa do Marfim (ARAGÃO et al., 1999). De acordo com Menon e Pandalai (1958) citado por Ohler (1984) a variedade anã provavelmente se originou de uma mutação gênica da variedade. No Estado de Sergipe, a introdução de acessos de coqueiro anão especificamente as variedades, anão amarelo e vermelho da Malásia e o anão vermelho de Camarões, ocorreu em 1982, introduzidos pela Embrapa Tabuleiros Costeiros para enriquecer a sua coleção, com procedência da Costa do Marfim.

A cultura do coco se encontra distribuída em 86 países situados nos continentes Asiáticos (15 países), na Oceania (19 países), na África (22 países), nas Américas do Norte e Central (22 países) e na América do Sul (8 países). Na América Latina a cocoicultura está presente na Colômbia, Costa Rica, Cuba, Haiti, Honduras, Jamaica, Trinidad-Tobago ocorrendo destaque para o México e Brasil (PERSLEY, 1992).

No Brasil, o coqueiro é cultivado predominantemente no litoral do Nordeste, local de sua introdução pelos portugueses nos meados do século XVI. Este ambiente constitui o habitat ideal da cultura pela pluviosidade regular, proximidade do lençol freático, temperaturas ideais para exploração, efeito benéfico da brisa marinha e ventos constantes impedindo ou dificultando o estabelecimento de pragas e doenças. Contudo,

a espécie se expandiu para as regiões Norte, Centro-Oeste e Sudeste, sendo explorada inclusive, na região semi-árida do Nordeste (ARAGÃO et al., 1999). No ano de 2009 as regiões Norte e Sudeste foram responsáveis pela produção de 527.82 mil frutos do total produzido no Brasil (COCO-DA-BAÍA..., 2010).

2.3. Recursos Genéticos Vegetais

A biodiversidade com suas formas variadas de genes, de espécies e ecossistemas representam fonte de alimentos, fibras e energia que a humanidade necessita e é essencial para o desenvolvimento sustentado, para adaptação dos seres vivos e funcionamento contínuo da biosfera. Dentre os recursos naturais, os recursos genéticos se destacam como reservatórios de genes onde são constituídos por populações vegetais, animais e microbianos com combinação genética definida e plenamente adaptada ao meio ambiente (WETZEL; BUSTAMANTE, 2000).

De acordo com a Convenção Sobre a Diversidade Biológica (CDB) define-se por recurso genético o “material genético de valor real ou potencial”. O termo material genético “significa todo material de origem vegetal, animal ou microbiana, ou outra, que contenha unidades funcionais de hereditariedade” (WALTER et al., 2005). Germoplasma, do ponto epistemológico, é uma palavra formada por duas raízes: *germo*, do latim *germen*, significado princípio rudimentar de um novo ser orgânico e *plasma*, do grego *plasma*, definido como a formação e, em sentido geral, a matéria não definida. Portanto, germoplasma é a matéria onde se encontra um princípio que pode crescer e se desenvolver (QUEROL, 1993), ou o material genético que forma a base física da hereditariedade e a qual é transmitida de uma geração para outra por meio das células reprodutivas (KORNELIUS, 1992). No que se refere ao germoplasma vegetal Ayad, citado por Walter et al. (2005), informa que é a soma total do material genético das plantas.

Desde o começo da década de 1970, existe uma crescente preocupação mundial com a necessidade de preservar os recursos genéticos. Após o primeiro relatório do Estado dos Recursos Genéticos Mundiais para a Alimentação e a Agricultura, observaram-se ameaças para a conservação da agro-biodiversidade e dos ecossistemas naturais do Brasil. Assim, a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO) estimulou o estabelecimento de uma rede mundial de Centros para

Conservação de Recursos Genéticos e, em 1974, o *Consultative Group for International Agriculture Research* (CGIAR) criou o *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR), denominado desde Bioversity International. A Embrapa, também em 1974, criou uma unidade denominada Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN) com atividades de pesquisa direcionadas a área de recursos genéticos e biotecnologia, (VALLS et al., 2008).

Há formas básicas para a conservação de germoplasma: *ex situ* e *in situ*. Nas coleções *in situ*, o germoplasma é preservado no seu habitat natural, em reservas cujo ambiente é similar ao da espécie. A conservação *ex situ* corresponde à ação de conservar a variação genética das espécies fora de suas comunidades naturais, ou seja, é uma forma de conservação de recursos vegetais fora do seu ambiente natural (BORÉM; MIRANDA, 2005).

A conservação *ex situ*, é realizada sob condições de armazenamento que propiciem o aumento do período de sobrevivência e garantam a estabilidade genética do material conservado (VALOIS et al., 2001). De acordo com o tipo de propagação as sementes podem ser divididas em: ortodoxas, intermediárias e recalcitrantes. A depender do tipo de semente estas pode ser conservada em coleção de base, coleção ativa, coleção de trabalho, coleção de campo, coleção nuclear, coleção *in vitro*, criopreservação e coleção genômica (NASS, 2001).

A conservação *on farm* e conservação genética em reservas são as duas formas possíveis de conservação *in situ*, onde sua essência está na conservação do germoplasma na localidade onde ele é atualmente encontrado, seja onde ocorre naturalmente ou onde desenvolveu suas características distintas. A conservação *on farm* é feita pelo homem do campo em sistemas tradicionais ou agroflorestais de uso da terra. A conservação genética em reservas, a localização, manejo e monitoramento dos recursos genéticos de populações silvestres acontecem dentro de áreas definidas para a conservação ativa, de longo prazo (SCARIOT; SEVILHA, 2007).

Os bancos de germoplasma têm como objetivos conservar fontes de genes para uso futuro e colecionar, identificar e caracterizar acessos para uso no melhoramento (BARBIERI, 2003). O termo acesso é utilizado para qualificar toda amostra de germoplasma que representa a variabilidade genética de uma população ou de um indivíduo propagado clonalmente (MORALES; VALOIS; NASS, 1997).

2.3.1. Manejo de Bancos de Germoplasma

Contudo, no Brasil, antes do estabelecimento da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), as atividades relativas aos recursos genéticos eram conduzidas de modo disperso, ou seja, as atividades de manejo dos Bancos de germoplasma relacionados à introdução, coleta e conservação de germoplasma, dependiam do esforço de pesquisadores individuais. Entretanto, instituições dedicadas a algumas áreas de pesquisas em produtos específicos, foram pioneiras na formação e manutenção dos bancos de germoplasma. Como exemplos pode-se citar o Instituto Agronômico do Estado de São Paulo (IAC), Instituto do Açúcar e Álcool (IAA), Cooperativa dos Produtores de Cana de Açúcar (COPERSUCAR) e a Universidade Federal de Viçosa. Após a criação da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e consolidação do Sistema Nacional Cooperativo de Pesquisa Agropecuária (SCPA), hoje Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuária (SNPA), estabeleceu-se uma rede nacional de recursos genéticos, que foi formado por 41 unidades de pesquisas da Embrapa e outras instituições federais e estaduais de pesquisa agrícola, universidades e empresas públicas ou privadas (VALLS et al., 2008).

De acordo com Hawkes (1982), citado por Ramos et al. (2007), o manejo de bancos ou coleções de germoplasma deve ser estabelecido por meio de atividades distintas que visam à conservação e ao uso dos recursos genéticos, como: coleta, conservação, avaliação, armazenamento, recuperação de dados, documentação, avaliação e utilização. Nesse aspecto, observou-se que 75% das coleções implantadas na região Nordeste conferem algum manejo ao germoplasma, enquanto 27,2% das coleções encontram-se sem manejo ou o mesmo está em andamento ou não foi informado. A avaliação dos BAGs existentes demonstram que muitos deles não caracterizam adequadamente os acessos e muito menos estão vinculados aos programas de melhoramento genético. No entanto, essa atividade deve ser fortemente implementada no manejo dos bancos de germoplasma, visto que a existência de informações detalhadas sobre o potencial de uso principalmente em programa genético de melhoramento ajudará sobremaneira a utilização dos acessos preservados (RAMOS et al., 2008).

Assim, para pleno aproveitamento do germoplasma preservado é necessária a realização de caracterização e avaliação do germoplasma. A caracterização morfológica

é uma das atividades mais importantes para a compreensão da variabilidade existente em uma coleção de germoplasma. A descrição acurada dos caracteres exige o estabelecimento prévio de listas de descritores as quais proporcionam a obtenção de informações relativas aos acessos em estudo. Para caracterização dos acessos, deve-se utilizar um mínimo de descritores, que contenham o máximo de informações essenciais para identificação e descrição da variabilidade contida nos acessos de um banco de germoplasma (MONÇATO, 1997).

Os descritores podem ser definidos como os atributos ou características inerentes aos acessos de um banco de germoplasma, possibilitando a diferenciação entre acessos de uma mesma cultura (HOWERS, 1981 citado por NASS, 2001). A caracterização é a coleta de dados, sobretudo quantitativos, para descrever, e com isso diferenciar, acessos de uma mesma espécie, sendo os principais dados de caracterização as características referentes a planta, folha, fruto, semente e partes subterrâneas (QUEROL, 1993). A avaliação é conduzida por uma equipe multidisciplinar e envolve caracteres quantitativos, isto é, controlados por muitos genes e que são altamente influenciados pelas condições ambientais (NASS, 2001).

De acordo com diagnóstico realizado por Ramos et al. (2008) sobre manejo e conservação de germoplasma na região Nordeste, foram identificadas 115 coleções. Os dados coletados demonstram que 233 espécies vegetais são conservadas, totalizando mais de 28 mil acessos, distribuídos em 10 grupos vegetais. Os dados revelam que Bahia e Pernambuco possuem maior número de coleções de germoplasma e também o maior número de acessos, correspondendo, respectivamente, a 30% e 26% do total de acessos armazenados. Sergipe e Rio Grande do Norte representam menos de 2%, devendo se ressaltar que não foram registradas coleções no Estado do Maranhão. Na mesma pesquisa detectou-se que entre as coleções identificadas cerca de 80% caracterizam e/ou avaliam os acessos. Entretanto, o manejo foi prioritariamente conferido à caracterização morfoagronômica e apenas 7% dos bancos declararam efetuar a caracterização molecular e 2% a caracterização citogenética dos acessos.

No Brasil a rede de Bancos de Germoplasma, mantém 336 Bancos Ativos de Germoplasma Vegetal (BAGs), sendo 140 no sistema Embrapa e 196 nas demais instituições do Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuária (SNPA). Cinquenta e dois por cento desses BAG conservam apenas espécies exóticas, enquanto 32% conservam

apenas espécies nativas e os 16% conservam, ao mesmo tempo, espécies nativas e exóticas. (VALLS et al., 2008).

Cada vez mais o pesquisador brasileiro vem se conscientizando da importância dos recursos genéticos para o desenvolvimento de suas atividades. Levantamentos apontam pouca utilização de forma regular dos acessos disponíveis nos bancos de germoplasma, sendo informado que a não utilização deve-se a quantidade mínima de informações sobre esses acessos. Portanto há necessidade de ampliar trabalhos de manejo de bancos de germoplasma notório a caracterização e avaliação (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

2.3.2. Recursos Genéticos de Coco

O Grupo Consultivo de Pesquisa Agropecuária Internacional (CGIAR) no ano de 1992 decidiu incluir o coco em seus estudos coordenando internacionalmente as pesquisas na área de recursos genético. Assim, por meio do Bioversity International, incluiu em seus programas de recursos genéticos de plantas a pesquisa com recursos genéticos de coco, organizando a Rede Internacional de Recursos Genéticos de Coco (COGENT). No início a rede contava com a presença de 15 países, mas rapidamente o COGENT tornou-se uma rede global bastante ativa, assim envolvendo hoje um total de 38 países membros em cinco sub-redes: 1) Sudeste e leste da Ásia, 2) Sul da Ásia, 3) Pacífico Sul, 4) África e Oceano Índico, 5) América Latina e Caribe, além dos produtores de coco. Atualmente, o banco de dados da rede de coco CGRD (*The International Coconut Genetic Resources Database*), possui cadastrado um total de 1.416 acessos caracterizados e com dados de passaporte, conservados em 25 locais, correspondendo a 23 países (BATUGAL; JAYASHREE, 2005).

As coleções de germoplasma de coqueiro mais expressivas localizam-se nas Filipinas (224 acessos), Índia (132 acessos), Indonésia (98 acessos), Costa do Marfim (92 acessos) e Malásia (72 acessos), México, Vietnam, Moçambique, e Brasil, que possuem coleções com menores números de acessos (BATUGAL et al., 2005).

No Brasil, os dados indicam a existência de três coleções de germoplasma de coco, localizados na Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola (EDBA), na Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte (EMPARN) e Embrapa

Tabuleiros Costeiros (CPATC) que conservam *ex situ* e *in vitro* um total de 27 acessos (RAMOS et al., 2008).

Os trabalhos com recursos genéticos de coco iniciaram no CPATC com a criação da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual de Quissamã (1975), posteriormente denominado Centro de Pesquisa Nacional de Coco (1985) atualmente Embrapa Tabuleiros Costeiros. As pesquisas com o coco desenvolvidas pela instituição apresentaram um grande impulso, gerando diversas tecnologias importantes para a cocoicultura nacional. Em 1982 foi instalado o primeiro BAG de Coco, e em 1990, as atividades de desenvolvimento e avaliação de híbridos de coqueiro. Esse programa constituiu de ações específicas nas áreas de recursos genéticos e melhoramento, especificamente direcionado a prospecção e coleta de germoplasma de coco naturalizado do Brasil, introdução de germoplasma exótico, caracterização morfológica e citogenética do coqueiro, conservação de germoplasma, seleção fenotípica com testes de progênies, desenvolvimento e avaliação de híbridos e as atividades de cultura de embrião e cultura de tecido do coqueiro (ARAGÃO et al., 1999)

Para constituir o BAG, em 1982, a Embrapa viabilizou a introdução dos acessos: Anão Amarelo da Malásia (AAM) e Anão Vermelho da Malásia (AVM) e Anão Vermelho de Camarões (AVC), procedentes da Costa do Marfim. Em 1983, ocorreu nova introdução de acessos oriundo da Costa do Marfim: Gigante-do-Oeste-Africano (GOA), Gigante-de-Rennell (GRL), Gigante-da-Polinésia (GPY), Gigante-de-Rotuma (GRT), Gigante-de-Tonga (GTG), Gigante-de-Vanuatu (GVT). Gigante-da-Malásia (GML), além de reintroduzidos os Anões Amarelo (AAM) e Vermelho da Malásia (AVM) e Anão Vermelho de Camarões (AVC), e, em 1984, foram introduzidos os seguintes: Gigante-do-Oeste-Africano (GOA), Gigante-da-Polinésia (GPY), Gigante-de-Rennell (GRL), Gigante-de-Tonga (GTG), Gigante-de-Vanuatu (GVT) e Gigante-da-Malásia (GML) e em 1986, outra reintrodução com Gigante-de-Rennell (GRL), Gigante-da-Polinésia (GPY) e Gigante-de-Vanuatu (GVT) (RIBEIRO; SIQUEIRA, 1995).

Visando o enriquecimento do BAG de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros, foram realizados trabalhos de prospecção e coleta de novos ecótipos de coqueiro pelo litoral nordestino. Assim, em 1982, foram introduzidos populações de Gigante da Praia do Forte (GBrPF). Dando continuidade a atividade, em 1987, foram introduzidos acessos de populações de coqueiro gigante procedentes da Fazenda Estiva e Merepe,

São José do Mipibu e Baía Formosa. No ano de 1988 foram introduzidas acessos de gigante da Fazenda Santa Rita e Pacatuba. Quanto aos anões, em 1983, foram introduzidos os acessos verde Jiqui (AVeBrJ), amarelo de Gramame (AAG) e vermelho de Gramame (AVG) procedentes respectivamente, do Rio Grande do Norte e Paraíba (RIBEIRO; SIQUEIRA et al., 1995).

Ribeiro et al. (1999), com objetivo de verificar a divergência entre populações de coqueiro-gigante que compõe o BAG de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros, observou que entre as cinco populações avaliadas todas eram divergentes entre si, sendo que a população Santa Rita era a mais distante geneticamente, principalmente, quando comparada à população Merepe. As populações de São José do Mipibu e de Praia do Forte possuíam distâncias genéticas intermediárias.

Avaliando os seis acessos de coqueiro anão, no campo experimental do Betume, que compõe o BAG de coco do CPATC, por meio de cinco caracteres relacionados a frutos (pesos do fruto, noz, coque, albúmen sólido e do albúmen líquido) foi possível detectar que a maioria dos caracteres (87,5%), correlacionou-se de forma significativa e positiva. Visando uma seleção mais rápida e fácil, foi indicada a utilização da correlação entre peso do fruto e peso do coque (ARAGÃO et al., 2000).

Utilizando marcadores microssatélites, Moretzsonh et al. (2001) verificaram em 10 ecótipos do BAG coco do CPATC, altos níveis de variabilidade genética. Caracterizando a variabilidade e associação entre caracteres morfológicos e reprodutivos em coqueiro anão, Aragão et al. (2001a) verificaram a existência de variabilidade genética entre os acessos.

No intuito de obter de maiores pesos do fruto, volume de água, teores mais elevados de frutose, glicose e grau brix, em acessos de coqueiro anão, foi detectado que o ponto ideal para a colheita do fruto verde ocorre aos seis meses de idade. Em relação ao endocarpo, os anões amarelos e anão vermelho de Gramame são mais finos e o anão vermelho de Camarões produz menos fibras (Aragão et al., 2001).

Dentre as atividades relacionadas ao manejo de germoplasma, especificamente direcionado a coleta, conservação, avaliação, armazenamento, pode-se inferir que foram executadas no BAG de coco do CPATC, como os trabalhos de Ribeiro et al. (1999), Moretzsonh et al. (2001), Aragão et al. (2000), Aragão et al. (2001), Ribeiro et al. (1995) entre outros. Outras atividades como a conservação *in vivo* e manutenção através dos tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura são rotineiramente

realizados. Contudo o BAG deve ser continuadamente enriquecido por meio de realização de atividades de coleta e introdução de germoplasma, pelo litoral nordestino, ilhas e outros locais que tenham potencial para aquisição de novas populações,

Embora alguns trabalhos tenham sido realizados com objetivo de avaliar os acessos, apenas foram realizados avaliações de frutos e não necessariamente aplicando os descritores recomendados pelo Bioversity International para caracterização vegetativa, morfológica e reprodutiva dos acessos anões. A caracterização realizada por meio de descritores identifica e descreve sobre a variabilidade existente dentro e entre os acessos. Estas informações podem ser utilizadas nos programas de melhoramento de coco, utilizando os acessos como matrizes para produção de híbridos ou na escolha de variedades mais adaptadas ou resistentes a determinados fatores.

2.4. Diversidade Genética

A diversidade genética entre acessos pode ser avaliada com base em marcadores moleculares e bioquímicos, enquanto a fenotípica pode ser obtida por caracteres morfológicos, botânicos e agronômicos, as quais são quantificadas pelas estimativas de dissimilaridades. Neste conceito, parte-se da hipótese de que quanto maior a distância genética entre dois acessos, maiores são as chances da ocorrência de heterose (GOMES, 2007).

A avaliação da diversidade genética, com base em evidências científicas, também é de grande importância no contexto da evolução das espécies, uma vez que prevê informações sobre recursos disponíveis e auxilia na localização e no intercâmbio desses (CRUZ; REGAZZI, 2004).

Técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose, ou por processos preditivos, têm sido utilizadas para avaliar a divergência. Na predição da divergência, vários métodos multivariados podem ser aplicados, dentre eles, citam-se a análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. A escolha do método mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma em que os dados foram obtidos (CRU; REGAZZI, 2004).

A diversidade genética tem sido avaliada classicamente por meio da análise do fenótipo do organismo, e no caso de plantas, especialmente por meio de mensuração de

características agromorfológicas. O grau de similaridade ou distância genética entre os acessos de coleção de germoplasma é uma das dimensões da análise da diversidade genética do material conservado, uma coleção limitada a amostras com alto grau de similaridade provavelmente não representa a diversidade genética da espécie. Assim plantas alógamas apresentam maiores níveis de variação dentro de populações do que entre populações. Por sua vez, plantas preferencialmente autógama possuem maior variação entre populações (FERREIRA, 2007).

2.4.1. Técnicas Multivariadas

Na predição da diversidade genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, entre quais citam-se análise por componentes principais e por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ; REGAZZI, 2004).

2.4.1.1. Análise de Agrupamento

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os progenitores em vários grupos, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Além disso, objetiva dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI, 2004).

O processo de agrupamento envolve basicamente duas etapas. A primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os progenitores e a segunda, com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (CRUZ; REGAZZI, 2004). Para medidas de dissimilaridade podem ser utilizada, por exemplo, a distância Euclidiana média (d_{ii}') ou distância de Mahalanobis (D^2_{ii}').

2.4.1.1.1. Distância Euclidiana média

A distância euclidiana média (d_{ii}') pode ser obtida por meio da observação individuais dos progenitores, sem a necessidade de experimentos que envolvam delineamentos experimentais. As estimativas de d_{ii}' evidenciam o grau de

dissimilaridade entre os genitores avaliados. Por meio do desempenho médio e dos valores de d_{ii} é possível identificar, entre os selecionados, aqueles mais divergentes. Esses genótipos são recomendados como genitores destinados à hibridação nas etapas iniciais de um programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 2004).

2.4.1.2.1. Técnicas de Agrupamento

Entre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados no melhoramento de plantas citam-se os hierárquicos e os de otimização.

Nos métodos hierárquicos, os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendograma ou diagrama de árvore. Não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na “árvore” e nas suas ramificações que são obtidas. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tornando-os em geral como delimitadores do número de genitores para determinado grupo (CRUZ, 2005).

Os métodos hierárquicos são também divididos em aglomerativos e divisivos. Entre os aglomerativos citam-se o *Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average* (UPGMA), que agrupa os genótipos com base nas médias das distâncias entre estes, a partir do mais semelhante (AMARAL JUNIOR et al., 2010).

Os métodos de otimização realizam a partição do conjunto de progenitores em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio de maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida. Um dos métodos mais comumente empregados nas áreas de recursos genéticos e melhoramento é o proposto de Tocher (RAO, 1952). No método de Tocher adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ; REGAZZI, 2004).

2.4.2.1.1. Componentes Principais

Os métodos baseados em componentes principais ou em variáveis canônicas permitem o estudo da diversidade em gráficos de dispersão, em que se consideram, em geral, dois eixos cartesianos. Nesses estudos são avaliadas várias características em um

conjunto de genótipos que são por procedimentos estatísticos, resumidas em poucos componentes estabelecidos por combinações lineares dos caracteres originais, independentes entre si e com a capacidade de discriminação decrescente, de forma que os primeiros componentes expliquem o máximo da variação existente nos dados originais (CRUZ, 2005).

Em geral, os primeiros componentes principais em estudos da divergência genética têm sido utilizados quando eles envolvem, pelo menos, 80% da variação total. Nos casos em que este limite não é atingido nos dois primeiros, à análise é complementada pela dispersão gráfica em relação ao terceiro e quarto componentes. A técnica de componentes principais tem a vantagem de possibilitar a avaliação da importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados. Assim, a variável que apresenta maior coeficiente de ponderação (elemento de autovetor) no componente de menor autovalor é considerada de menor importância para explicar a variabilidade genética do material estudado, sendo, portanto, possível de descarte (CRUZ; REGAZZI, 2004). A importância relativa dos caracteres pode ser avaliada pela magnitude do coeficiente de ponderação destes caracteres a partir dos últimos componentes. Normalmente procede-se a uma avaliação cujo autovalor, obtido da matriz de correlação não excede 0,7 (CRUZ; REGAZZI, 2004).

Um dos objetivos do uso de técnicas dos componentes principais em análise de divergência é avaliar a dissimilaridade dos cultivares em gráficos de dispersão que têm os primeiros componentes como eixos de referência (CRUZ; REGAZZI, 2004).

Em coleções de germoplasma de plantas perenes, a análise de componentes principais vem sendo aplicada com diferentes finalidades: na identificação de genitores divergentes, na origem e evolução, na diferenciação de populações, na taxonomia de híbridos naturais, na avaliação da diversidade fenotípica e genética e, especialmente, no descarte de descriptores redundantes (OLIVEIRA, 2010).

2.5. Melhoramento Genético do Coqueiro

A produção de qualquer planta depende basicamente do seu potencial genotípico e das condições ambientais em que está sendo desenvolvida. Adaptar as culturas aos ambientes nos quais serão cultivadas deve ser uma grande prioridade dos produtores, e

para tanto necessitam da participação efetiva dos melhoristas de plantas e dos fitotecnistas. Algumas vezes, genótipos tradicionalmente cultivados num ambiente podem apresentar adaptação em outros ambientes completamente diferentes, nunca antes pensado para seus cultivos. Como exemplos têm-se o coco anão e o caju que, inicialmente, eram cultivados em áreas apenas localizadas na faixa litorânea e tabuleiros costeiros no Nordeste do Brasil. Posteriormente, passaram a ser cultivados, com sucesso, em condições irrigadas no semi-árido (NASS et al.,2001).

O melhoramento de plantas engloba todas as técnicas, métodos, estratégias ou recursos utilizados para que algum avanço genético incorporado a uma espécie vegetal. De modo geral, este progresso está relacionado com a melhoria no material genético da espécie trabalhada, em estreita relação com a ambiente onde esta espécie será cultivada. Dentre os principais objetivos do melhoramento, pode-se destacar aumento na produtividade, resistência à fatores bióticos e abióticos adequação às exigências do mercado consumidor e aumento na renda (BORÉM, 1997).

O melhoramento clássico de coqueiro é baseado, principalmente, na seleção de características fenotípicas e hibridação envolvendo cruzamentos de variedade gigante e anã. O primeiro híbrido de coco foi relatado em 1928, proveniente do cruzamento entre anão de Fiji e o anão da Malásia. Posteriormente, baseado nos resultados das primeiras hibridações de anão x gigante, alguns países incluíram o anão da Malásia e outra variedade gigante local ou importada. A estratégia era combinar as vantagens de adaptação da variedade gigante local e a precocidade da variedade anã. Outros híbridos foram desenvolvidos pelo cruzamento entre gigante x gigante que apresentavam a vantagem de frutos com elevada produção de copra (ARUNACHALAM et al., 2008).

As pesquisas com melhoramento genético do coqueiro no mundo têm sido direcionadas para o aumento da quantidade de copra e variedades resistentes a pragas e doenças (ARUNACHALAM et al., 2008). De acordo com Foale et al. (2009), a partir do século XX, a copra tem sido o principal item de interesse nos mercados internacionais como fonte para preparo de alimentos, velas, sabão e glicerina para explosivos. Uma nova perspectiva comercial para a cocoicultura é a produção de óleo de coco como complemento ou substituição dos combustíveis derivados de petróleo.

O primeiro programa de melhoramento de coqueiro que se teve registro no Brasil foi coordenado por José Pereira de Miranda Junior, no ano de 1938, e teve a sua duração até 1951. As ações desenvolvidas compreendiam prospecções, cruzamentos,

autopolinizações e estudos sobre a biologia floral e caracterização de frutos (MIRANDA JÚNIOR, 1948 citado por SIQUEIRA et al., 2002) . O segundo programa aconteceu no ano de 1963, com a intenção de congregar maior número de variedades de anão e gigante. Em 1982, a Sococo, no Estado do Pará, implementou campo de produção de semente a partir do cruzamento do Anão Amarelo da Malásia com Gigante Oeste Africano. No ano de 1983, a Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA), constituiu campo de produção de sementes híbridas utilizando as variedades anão amarelo e anão vermelho como progenitores femininos, coletados em Gramame-PB, e o gigante da Praia do Forte-BA como progenitor masculino. Em 1990, a Embrapa Tabuleiros Costeiros firmou convênio com a Empresa Agropecuária do Rio Grande do Norte – EMPARN, com intuito de recuperar os campos de produção de sementes híbridas de Jiqui. Então, a partir de 1995, a Embrapa Tabuleiros Costeiros assumiu a coordenação dos trabalhos na área de pesquisa e produção de híbridos (SIQUEIRA et al., 2002).

No Brasil, praticamente toda a produção de coco é utilizada na alimentação humana, o número de frutos e as características organolépticas são também importantes. Orientado nas exigências edafoclimáticas e de mercado da cultura, o programa de melhoramento genético do coqueiro têm sido conduzido com base nos métodos clássicos de seleção fenotípica, produção e teste de híbridos e produção de composto (RIBEIRO, 1988).

A variedade anã, no Brasil, é empregada para o consumo *in natura* e agroindustrial da água de coco, com características sensoriais de sabor muito superior, principalmente, sobre o sabor da água da variedade gigante. Nos programas de melhoramento essa variedade é utilizada para hibridação intervarietal com o gigante e também como planta ornamental. Contudo, é válido salientar que a variedade anã apresenta variabilidade genética para a produção de polpa (CAMBUI et al., 2007). Neste contexto, essa variedade além de se tornar de maior utilidade comercial, poderá se constituir em uma alternativa promissora para os diversos sistemas de produção de coco, aumentando a produção e melhorando a renda do produtor assim maximizando a exploração agroindustrial de coco no país além de subsidiar os trabalhos de melhoramento com essa variedade (ARAGÃO et al., 2003).

Apesar dessa importância, a exploração da cultura do coqueiro tem gerado baixas produções de frutos no país, isto é, 20 a 30 frutos/planta/ano ou 2.500 a 3.000

frutos/ha. Em cultivos comerciais tecnificados com emprego de cultivares selecionadas, essa produtividade pode alcançar 30.000 frutos/ha. Com isso vem sendo priorizada a busca por cultivares precoce, dotadas de inflorescências que apresentem maior número de ramos florais, maior número de flores femininas e maior número de ramos florais com flores femininas, podendo produzir, consequentemente, maiores números de frutos (PEDROSO et al., 2007).

Para acelerar o processo de melhoramento de espécies perenes como o coqueiro, uma das estratégias é a estimativa de correlações fenotípicas e, principalmente, genotípicas entre os caracteres de interesse agronômico e econômico (ARAGÃO et al., 2005). O programa de melhoramento de coqueiro conta com algumas limitações para programas de seleção, como por exemplo, longo ciclo da cultura coqueiro, ausência de métodos disponíveis de propagação vegetativa (RIBEIRO et al., 1999).

2.5.1. Parâmetros Genéticos

O desenvolvimento de técnicas quantitativas permitiu considerar estratégias de seleção de acordo com métodos mais precisos. As estimativas de parâmetros genéticos como variância genotípica(σ^2_g), variância fenotípica (σ^2_f), variância ambiental (σ^2_e), variância da interação genótipo x ambiente, coeficiente de variação fenotípica (CV_f), herdabilidade (h^2), correlações genotípica, fenotípica e ambiental , permitem conhecer a estrutura genética da população e o potencial da mesma para o melhoramento (QUINTAL, 2010).

Os caracteres são atributos utilizados para determinar e identificar, ou seja, definir uma população qualquer ou simplesmente um indivíduo, e os fenótipos são suas particularidades, que no caso de caracteres quantitativos denomina-se valor fenotípico. Apesar de o interesse, para fins de melhoramento, ser o de conhecer os valores genéticos, avalia-se diretamente apenas o fenótipo manifestado, ou valor fenotípico do indivíduo ou população; consequentemente, no estudo de caracteres quantitativos, a média e a variância desses valores tornam-se de grande utilidade (CRUZ, 2005).

Os estudos genéticos de caracteres quantitativos são realizados adotando-se o modelo básico $F = G + M$, que define o valor fenotípico (F), medido nos indivíduos, como resultado da ação do genótipo (G), ou valor genotípico, sob a influência do meio (M). Consequentemente, a variância genotípica (VG) e a variância atribuída aos desvios

proporcionados pelo ambiente (VM) são as partes componentes da variância fenotípica (VF) (CRUZ, 2005).

A obtenção dos componentes de variância tem sido de grande interesse no melhoramento genético, pois permite, por meio dos delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir dos dados fenotípicos observados. Conhecidas essas estimativas, o melhorista poderá gerar informações de grande utilidade para a predição de ganhos e para alterações na estrutura e na potencialidade das populações em relação às diferentes características avaliadas (CRUZ; REGAZZI, 2004).

A quantidade de variação é medida e expressa como variância e quando os valores forem expressos como desvios da média da população, a variância será simplesmente a média dos quadrados dos valores. O valor observado, quando o caráter é medido no indivíduo, é o valor fenotípico desse indivíduo. Todas as observações de médias, variâncias ou covariâncias devem claramente ser baseadas na medida do valor fenotípico (FALCONER, 1987).

2.5.1.1. Variância genotípica

Os componentes genotípicos e de ambiente não podem ser estimados diretamente de observações na população, mas, em certas circunstâncias, podem ser estimados em populações experimentais (FALCONER, 1987). Os valores genéticos são variáveis aleatórias não observáveis que devem ser preditas pelo melhorista a partir dos valores fenotípicos observáveis (RESENDE, 2002).

A variância genotípica, além de expressar a diversidade entre os indivíduos de uma população, pode ser tratada no contexto biométrico e subdividida em causas de variação (aditiva, dominante e epistática) (CRUZ, 2005). Em que:

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2, \text{ onde:}$$

σ_A^2 : variância aditiva;

σ_D^2 : variância atribuída aos desvios de dominância;

σ_I^2 : variância atribuída aos efeitos epistáticos.

Como forma de obtenção dos valores genotípicos, tem-se:

Variância genotípica:

$$\Phi_g = \frac{Q_{MG} - Q_{MR}}{r}$$

Coeficiente de variação genotípica:

$$CV_g = \frac{100\sqrt{\Phi_g}}{m}$$

2.5.1.2. Variância ambiental

A variância causada pelo ambiente que, por definição, engloba toda a variação de origem não genética pode ter uma grande variedade de causas, e a sua natureza depende muito do caráter e do organismo estudado. Em geral, a variância causada pelo ambiente é uma fonte de erro, que reduz a precisão dos estudos genéticos. A variância, causada pelo ambiente, não pode ser removida, porque ela inclui, por definição, toda a variância não genética, e grande parte desta está fora do controle experimental (FALCONER, 1987).

Como forma de obtenção dos valores ambientais, tem-se:

Variância ambiental:

$$\sigma_A = Q_{MR}$$

Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_e = \frac{100\sqrt{QMR}}{m}$$

2.5.1.3. Variância fenotípica

Para se analisar as propriedades genéticas de uma população, tem-se que dividir o valor fenotípico em partes componentes atribuídas às diferentes causas. A primeira divisão do valor fenotípico é em componentes atribuídos à influência do genótipo e do ambiente. A inclusão de toda circunstância não genética, sob o termo ambiente, quer dizer que o genótipo e o ambiente devem ser, por definição, os únicos determinantes do valor fenotípico. A variância total é a fenotípica ou a dos valores fenotípicos, e é a soma dos componentes isolados (genotípica e ambiental) (FALCONER, 1987).

Como forma de obtenção dos valores genotípicos, tem-se:

Variância fenotípica:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{r}$$

2.5.2. Herdabilidade

A herdabilidade mede a proporção da variação fenotípica na população atribuída à causa genética e expressa à confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou para o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético (CRUZ, 2005; FALCONER, 1987). No sentido restrito, é a proporção da variabilidade observada em razão dos efeitos aditivos dos genes (FALCONER, 1987). De acordo com Cruz (2005) a herdabilidade será igual à unidade quando toda a variação expressa for de natureza genética e a zero quando a variação entre os indivíduos for unicamente de natureza ambiental.

O conhecimento da herdabilidade é de grande importância para o melhorista visto que fornece a proporção da variância fenotípica total que é passada às progêneres, além de auxiliar na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para condução dos testes de rendimento e do número de repetições e na predição dos ganhos de seleção (BORÈM; MIRANDA, 2005; SOUZA et al., 2010). Nos trabalhos de melhoramento genético do coqueiro é de grande utilidade a estimativa de parâmetros genéticos como herdabilidade, correlações, entre outros parâmetros, para inclusive acelerar o referido programa (ARAGÃO et al., 2001a).

Para se obter sucesso em um programa de melhoramento é fundamental que se possam identificar, a partir dos valores fenotípicos, os indivíduos de valores genotípicos desejáveis e a maior concentração de alelos favoráveis. De maneira geral, dois fatores dificultam o reconhecimento da superioridade genética de um indivíduo ou família: a dominância e o efeito aleatório do ambiente. Para medir a influência destes dois fatores, são definidas duas medidas: grau médio da dominância (GMD) e a herdabilidade (h^2) (CRUZ, 2005).

A herdabilidade pode ser definida de acordo com a variância genética envolvida, sob dois pontos de vista: herdabilidade no sentido amplo (h_g^2) e herdabilidade no sentido restrito (h_a^2). A primeira definição envolve uma razão entre variância genética total e variância total. A segunda é representada pela razão entre a variância genética aditiva e a variância total (EUCLIDES FILHO, 2010).

A herdabilidade varia de acordo com as diversas características agronômicas. Características quantitativas como produção de frutos, volume de água de coco, produção de albúmen sólido, número de flores femininas, entre outros, são influenciadas pelo ambiente e, portanto podem apresentar baixa herdabilidade (ARAGÃO et al., 2001a).

De acordo com a magnitude do resultado obtido em um dado caráter, o coeficiente de determinação genotípica (CVg) pode explicar se esse caráter é de fácil ou de difícil seleção e assim auxiliar na escolha do método de melhoramento mais apropriado para a condução do programa (ARAGÃO et al., 2001a).

3. Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, A. C. S.; NASS, L. L. **Utilização de Recursos Fitogenéticos.** In: **Situação Atual dos Recursos Fitogenéticos**, 2008. Embrapa, Brasília, 2008.

AMARAL JUNIOR et al. **Análise multivariada no melhoramento de plantas.** In: Telma Nair Santana Pereira. (Org.). Germoplasma: Conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas. Viçosa: Arca 2010, v., p. 205-250.

ARAGÃO, et al. Variabilidade e correlações entre caracteres morfológicos reprodutivos em cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera* L., Var. NANA). **Agrotrópica**, Ilhéus, v. 13, n. 1, p. 27-32. 2001a.

ARAGÃO, W. M; COSTA, A.S.; LEAL, M.L.S. Correlações Fenotípicas, genotípicas e ambientais entre caracteres do fruto do Coqueiro Anão (*Cocos nucifera* L.Var. Nana). **Científica Rural**, Bage, v.5, n.1, p. 115-121, 2000.

ARAGÃO, W. M.; CRUZ, E. M. O.; HELVÉCIO, J. S. Caracterização Morfológica do fruto e química da água de coco em cultivares de coqueiro anão. **Antrópica**, Ilhéus, v.13, nº 2, p. 49-58. 2001.

ARAGÃO, W.M et al. Correlações Fenotípicas e genotípicas entre características do fruto de cultivares de coqueiro (*Cocos nucifera* L.). **Antrópica**, Ilhéus, v.17, n.1, p 1-4. 2005.

ARAGÃO, W. M. et al. **Caracterização e seleção do coqueiro anão para produção de polpa.** Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003(Embrapa Tabuleiros Costeiros. Comunicado Técnico, 22).

ARAGÃO, W. M. et al. **Coco pós- colheita.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002, 76p. (Série Frutas do Brasil, 29).

ARAGÃO, W. M.; et al. Seleção de cultivares de coqueiro para diferentes ecossistemas do Brasil. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro.** Embrapa Semi-Árido. Petrolina-PE. 1999. Disponível em: <http://www.cpatsa.embrapa.br:8080/catalogo/livrorg/temas.html>. Acesso em: 20 out 2009.

ARUNACHALAM, V.; RAJESH, M.K. Breeding of coconut palm (*Cocos nucifera*, L.). **CAB Reviews: Per Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources**, v.3, n.053, p.1-12, 2008. Disponível em : www.cabi.org/cabreviews.

BATUGAL, P.; JAYASHREE, K. COGENT's multi-site International Coconut Genebank. In: BATUGAL, P.; RAMANATHA, R.; OLIVER, J. *Coconut Genetic Resouces*. IPGRI-APO, Serdang, Selangor DE, Malaysia, 2005.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas.** 20^a ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 547p.

BORÉM, A; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4ºed. Viçosa: Editora UFV, 2005.

CAMBUI, E. V. F.; ARAGÃO, W.M; LEAL, M. L. S. Variabilidade genética entre cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera*, L.- Var. Nana). **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v.5, supl.1, p.165-167, jul. 2007.

CGIAR. **Coconut** (*Cocos nucifera*). Disponível em <<http://www.cgiar.org>>. Acesso em junho 2008.

COCO-DA-BAÍA, Produção Brasileira. In: **Agrianual: Anuário da Agricultura Brasileira**. São Paulo : FNP Consultoria & Comércio, 2010. p.308.

CRUZ, C.D. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa, ed.UFV, 2005. 394p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa. UFV, 2004. 480p.

CUENCA, M. A. G. Importância econômica do coqueiro. In: FERREIRA, J. M. S.; WARWICK, D. R. N.; SIQUEIRA, L. A. **A cultura do coqueiro no Brasil**. Brasília. Embrapa Serviço de Produção e Informação, 1998. p. 57-64

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil**: fundamentos, história e importância. Acesso em 05/04/2010. Disponível em:
<http://www.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html>

FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Trad.Viçosa, MG, Ed. Impr. Univ., 1987, 279p.

FAOSTAT, **Culturas ano 2008**. Disponível em:
<http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>. Acesso em 22/04/2010.

FOALE, M.; Harries, H.. Farm and Forestry Production and Marketing Profile for Coconut (*Cocos nucifera*). In: **Elevitch, C.R. (ed.). Specialty Crops for Pacific Island Agroforestry**. Permanent Agriculture Resources (PAR), Holualoa, Hawai‘i.
<http://agroforestry.net/scps.2009>

GOEDERT, C. O. Histórico e Avanços em Recursos Genéticos no Brasil. In: NASS, L. L. **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2007.

GOMES, D.M. **Variabilidade fenotípica de caracteres vegetativos e reprodutivos em população de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth)**. 2007. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical). Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

IPGRI. **Descriptors for Coconut** (*Cocos nucifera* L.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 68p. 1995.

KORNELIUS, E. **Proposta de Fluxo de Germoplasma no Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuária – SNPA**, elaborada para atender a instrução de serviço CENARGEN Nº 006/92, de 05/10/92.

MADEIRA, M. C. B. **A cultura do Coqueiro**. Bebedouro, EMPARN. Estação Experimental de Citricultura de Bebedouro, 1996.

MONCATO, L. Descritores morfológicos aplicados a germoplasma de espécies de ARACHIS da secção CAULORRHIZAE. In: I SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS. Campinas, 1997.

MORALES, E.; VALOIS, A.; NASS, L. **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa- CENARGEN, 1997.

MORETZSOHN, M. C. et al. **Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites na análise da variabilidade genética de ecótipos de coqueiro (*Cocos nucifera*, L.)**. Brasília, 2001. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 16.

NASS, L.L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In:NASS, L.L. et al. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis, MT, Fundação MT, 2001, 1183p.

OHLER, J.G. **Coconut, tree of life**. Rome: FAO, 1984. 446p. (FAO. Plant Production and Protection Paper, 57).

OLIVEIRA, M.S.P. **Caracterização molecular e morfoagronômica de germoplasma de açaizeiro**. Disponível em:
<http://www.prpg.ufba.br/genetica/Disserta% E7% F5es% 20e% 20Teses/TESE% 20Maria% 20do% 20Socorro.pdf>. Acesso em: 02 fev. 2010.

PASSOS, C. D.; PASSOS, E. E. M.; ARAGÃO, W. M. **Floração e Frutificação de três cultivares de Coqueiro Anão**. (Folder) Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2007.

PASSOS, C. C. **Comportamento de cultivares de coqueiro anão (*cocos nucifera* L.) nos tabuleiros costeiros do norte de Sergipe**. 2007. 74p. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristovão, 2007a.

PEDROSO, G.T.; SANTOS, H. C.; ARAGÃO. W.M. **Características da inflorescência de Cultivares de Coqueiro nas épocas secas e chuvosas do ano**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2007 (Boletim de Pesquisa e desenvolvimento nº 21).

PERSLEY, G. J. **Replanting the tree of life**: Towards an International Agenda for Coconut Paim Research. Wallingford: CABIACCAR, 1992, 156p.

PURSEGLOVE, J. W. **Tropical crops monocotyledons**. London: Longman, 1972. 607p.

QUEROL, D. **Recursos Genéticos, nosso tesouro esquecido:** abordagem técnica e sócio econômica. Trad. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1993. 206p.

QUINTAL, S.S.R. **Caracterização e avaliação de um banco de germoplasma de mamoeiro para estudo dos parâmetros genéticos e diversidade genética.** Disponível em: http://www.uenf.br/Uenf/Downloads/GMP_3770_1253036523.pdf. Acessos em 20 abr. 2010.

RAMOS, S. R. R.; et al. Germoplasma Vegetal Conservado no Nordeste Brasileiro: Situação atual, prioridades e perspectivas. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 20, n. 3, p. 205-217, 2008.

RAMOS, R.R.R.; QUEIROZ, M.A.; PEREIRA, T.N.S. Recursos genéticos vegetais: manejo e uso. **Magistra**, Cruz das Almas, v.19, n.4, p. 265-273, 2007.

RESENDE, M.D.V. Progresso Genético e Métodos de Seleção..In: RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília, 2002. Embrapa Informações Tecnológica, pgs 75-79.

RIBEIRO, E.R. **Recomendações técnicas para prospecção genética do Coqueiro-Gigante-do-Brasil.** Aracaju: Centro Nacional de Pesquisa de Coco, 1988 (Centro Nacional de Pesquisa de Coco, Documentos 9).

RIBEIRO, F.E.; SIQUEIRA, E.R. **Introdução, coleta e conservação de germoplasma de coqueiro no Brasil.** Aracaju, Embrapa/CPATC, 1995 15p (documentos 3).

RIBEIRO, F. E.; SIQUEIRA, E.R; ARAGÃO, W. M. Coqueiro. In: BRUCKNER, C. H. **Melhoramento de fruteiras tropicais.** Viçosa: Ed. UFV, 2002.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A.R.; RAMALHO, M.A.P. Divergência entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p.1615-1622, 1999.

SCARIOT, A.O.;SEVILHA, A.C. Conservação in situ de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L.L.**Recursos genéticos vegetais.** Brasília: Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia, 2007

SENHORA, E. M. **Estratégias de uma agenda para a cadeia agroindustrial do coco:** Transformando a ameaça dos resíduos em oportunidades ecos-eficientes. Campinas: UNICAMP (Instituto de Economia), 2003.

SIQUEIRA, E. R. et al. Melhoramento genético do coqueiro. In: FERREIRA, J. M. S.; WARWICK, D. R. N.; SIQUEIRA, L. A. **A cultura do coqueiro no Brasil.** Aracaju: Embrapa- Centro de Pesquisa Agropecuária dos Tabuleiros Costeiros, p. 73-98. 1997.

SIQUEIRA, L. A.; ARAGÃO, W. M.; TUPINAMBÁ, E. A. **A introdução do coqueiro no Brasil:** importância histórica e agronômica. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2002. (Embrapa Tabuleiros Costeiros. Documentos, 47).

SOUZA, C.S; et al. **Coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para caracteres de Produção em mamoneira (*Ricinus communis*)..**
<http://www.cnpa.embrapa.br/produtos/mamona/publicacoes/cbm3/trabalhos/MELHORAMENTO%20GENETICO/MG%2023.pdf>. Acesso em: 10 abr.2010.

VALLS, J.F.M; et al. Conservação ex situ de recursos fitogenéticos. In: MARIANTE, A. S.; SAMPAIO, M. J. A.; INGLIS, M.C.V. **Informe Nacional sobre a situação dos recursos fitogenéticos para alimentação e a agricultura do Brasil**. Brasília, 2008.

VALOIS, A.C.C.; NASS, L.L.; GOES, M. Conservação ex situ de recursos genéticos vegetais. In: **Recursos genéticos e melhoramento-Plantas**. Rondonópolis, 2001.Fundação MT.

ZIZUMBO VILLARREAL, D. Diversidad del cocotero en México y su evaluación al Amarillamiento Letal. **Boletín Sociedad Botánica de México**. n. 62. p. 157-170. 1998

WALTER, B. M. T.; et al. Coleta de germoplasma vegetal: relevância e conceitos básicos. In: WALTER, B. M. T; CAVALCANTI, T. B. **Fundamentos para a coleta de germoplasma vegetal**. Brasília: Embrapa, 2005, p. 28-55,

WETZEL, M. M. V.; BUSTAMANTE, P. G. (Org.) **Sistema de curadorias de germoplasma**. Brasília:Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000.44 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.Documentos, 53).

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE COQUEIRO ANÃO UTILIZANDO TÉCNICA DE ANÁLISE MULTIVARIADA

1. Resumo

SOBRAL, KAMILA MARCELINO BRITO. **Diversidade genética entre acessos de coqueiro anão utilizando técnica de análise multivariada.** In: Divergência genética entre acessos de coqueiro anão para caracteres morfológicos e agronômicos na baixada litorânea de Sergipe. São Cristóvão: UFS, 2010. 84 f. (Dissertação, Mestrado em Agroecossistemas)

A diversidade genética pode ser verificada por meio de técnicas biométricas como as de natureza preditivas, onde são tomadas por base as diferenças morfológicas, fisiológicas, entre outras. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar por meio de descritores morfológicos e agronômicos, e estimar a divergência genética entre os acessos de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma de coco na Embrapa Tabuleiros Costeiros utilizando técnicas multivariadas. Os acessos encontram-se no delineamento experimental em blocos casualizados, com seis tratamentos e cinco repetições, sendo 16 plantas úteis por parcela, no espaçamento de 7,5 x 7,5 x 7,5. Foram avaliadas 11 plantas úteis de seis acessos de coqueiro-anão: Anão Verde do Brasil Jiqui (AVeBrJ), Anão Vermelho de Camarões (AVC), Anão Vermelho da Malásia (AVM), Anão Vermelho de Gramame (AVG), Anão Amarelo de Gramame (AAG), Anão Amarelo da Malásia (AAM). Para quantificar a divergência genética entre os genótipos foi empregada a distância euclidiana média padronizada. Os métodos de agrupamento utilizados para agrupar os genótipos foram o hierárquico UPGMA, o de otimização Tocher e os Componentes Principais. Nos dados quantitativos verificou-se que os acessos AVC e AAM foram os mais dissimilares e os acessos AVeBrJ e AAM mais similares entre os acessos avaliados, o método Tocher formou-se três grupos, o primeiro com AVM, AVG, AAG e AAM, o segundo pelo AVC e o terceiro com AVeBrJ. Pelos componentes principais foi possível observar que os descritores, explicaram 70,81% da variação total. Nos dados qualitativos por UPGMA foram formados três grupos, o primeiro com o AVeBrJ, o segundo AAG a AAM, terceiro com o AVC, AVM e AVG sendo este concordante nos agrupamentos formados por Tocher. Na avaliação conjunta, os acessos AVeBrJ e AAG apresentaram-se como os mais dissimilares, e os acessos AVM e AVG como os mais similares, e pelo método de agrupamento UPGMA, formaram-se três grupos, o grupo I com AAG, o grupo II pelos AVC, AVM e AVG e o grupo III com AVeBrJ e AAM. Pode-se concluir que os agrupamentos formados apresentaram-se bastante semelhante para os dados qualitativos, quantitativos e análise conjunta. Utilizando descritores morfoagrônomicos foi possível detectar divergência genética entre os acessos de coqueiro anão do Banco de germoplasma de coco e que os métodos de agrupamento UPGMA, Tocher e componentes principais demonstraram a eficiência na avaliação dos acessos.

Palavras-chaves: *Cocos nucifera*, L, recursos genéticos, distância Euclidiana, componentes principais.

2. Abstract

SOBRAL, KAMILA MARCELINO BRITO. **Genetic diversity among accessions of dwarf coconut using multivariate analysis technique.** In: Genetic divergence among accessions of dwarf coconut for morphological and agronomic traits in the Coastal Boards of Sergipe. São Cristóvão: UFS, 2010. 84 f. (Dissertation Paper, Masters in Agroecosystems)

Genetic diversity can be verified through biometric techniques such as predictive in nature, where they are taken based on morphological, physiological, and others. This study aimed to characterize through morphological and agronomic traits, and estimate the genetic divergence among accessions of dwarf coconut stored in Active Germplasm Bank of Embrapa Coastal Boards using multivariate techniques. The experimental design was randomized block, with six treatments (accessions) and five replications, 16 useful plants /plot, spaced 7.5 x 7.5 x 7.5. It evaluated 11 useful plants of six accessions of coconut dwarf: Green Dwarf Jiqui Brazil (DGeBrJ), Red Dwarf Cameroon (DRC), Red Dwarf Malaysia (DRM), Red Dwarf Gramame (DRG), Yellow Dwarf Gramame (DYG), Yellow Dwarf of Malaysia (DYM). Genetic divergence between genotypes was quantified by Standardized mean Euclidean distance. The clustering methods used to group the genotypes were the UPGMA, Tocher optimization and Main Components. Quantitative data found that AVC and AAM accesses were the most dissimilar and AVeBrJ and AAM more similar among the accessions evaluated. Tocher method formed three groups: the first with AVM, AVG, AAG and AAM, the second with AVC and third with AVeBrJ. Main components method observed that the descriptors explained 70.81% of total variation. By UPGMA method, qualitative data formed three groups: the first with AVeBrJ, the second with AAG and AAM, and the third with AVC, AVM and AVG, this in accordance with groups formed by Tocher. In combined analysis, AVeBrJ and AAG access were the most dissimilar, and AVM and AVG were the most similar, and the clustering method UPGMA formed three groups: group I with AAG, group II with AVC, AVM and AVG and group III with AVeBrJ and AAM. It can be concluded that the groups were quite similar in relation to qualitative, quantitative and combined analysis. With use of descriptors morpho-agromics was possible to detect genetic divergence between accessions of Dwarf coconut Bank of germplasm and that the clustering methods UPGMA, Tocher and principal components demonstrated efficiency in the evaluation of the accessions.

Key-words: *Cocos nucifera* L., genetic resources, Standardized Euclidean distance, principal components.

3. Introdução

As plantas cultivadas ao longo do tempo vêm perdendo variabilidade genética relacionadas à resistência de pragas, doenças e tolerância às condições ambientais adversas. Alguns produtores, geneticistas, melhoristas de plantas observaram, há várias décadas, os perigos de perder a diversidade genética. Visando minimizar o problema, foram estabelecidos “bancos de genes”, onde, sementes de variedades e cultivares não utilizadas em geral, seriam armazenados para possível uso posterior. Assim em 1974, o Conselho Internacional de Recursos Genéticos de Plantas (IBPGR) formou uma rede internacional de repositórios *ex situ* de germoplasma de culturas, coletando-se material genético dos principais centros de distribuição de cada espécie, estabelecendo o sistema IBPGR de bancos de genes (GLIESSMAN, 2005).

O conhecimento da diversidade genética presente entre os acessos tem uma grande importância para o correto manejo e uso do germoplasma nos programas de melhoramento genético da espécie. Neste contexto, a caracterização da coleção de germoplasma tem uma aplicação estratégica na valoração dos recursos genéticos, além de proporcionar informações básicas que são necessárias para o melhoramento de plantas ou para o mapeamento de genes. A caracterização pode ser feita com o uso de dados morfoagronômicos ou moleculares, sendo, os primeiros amplamente difundidos, de uso fácil e com baixo custo de análise (CASTELLEN, 2007).

A diversidade genética pode ser verificada por meio de técnicas biométricas como as de natureza preditivas, onde são tomadas por base as diferenças morfológicas, fisiológicas, entre outras, e é geralmente quantificada por uma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genótipos como a distância Euclidiana (CRUZ et al., 2006) e que podem ser aplicadas aos Bancos de Germoplasma de culturas perenes como o coqueiro.

Em espécies perenes técnicas multivariadas têm sido empregadas na seleção de caracteres e na quantificação da diversidade como, por exemplo, em pupunha (GOMES, 2007), açaí (OLIVEIRA, 2010), mamão (CASTELLEN et al., 2007), mangaba (FALEIRO et al., 2008) e café robusta (IVOGLO et al., 2008), promovendo grandes avanços no conhecimento dos acessos conservados. No Brasil ainda são incipientes os trabalhos em coleções de coqueiros, podendo ser citados os de Martel et al. (2003), Ribeiro et al. (1999), Cambui et al. (2007), Cambui (2007).

Avaliando a divergência genética utilizando a distância de Mahalanobis foi possível discriminar os acessos e escolher parentais mais divergentes, entre os 24 ecótipos de coco da variedade gigante (BALAKRISHNAN; NAMBOODIRI, 1987 citado por OLIVEIRA, 2010).

Avaliando por meio de 35 caracteres botânicos e agronômicos em 39 acessos de diferentes ecótipos da coleção de coco das Filipinas foi possível verificar diferenças significativas entre os ecótipos em doze caracteres com alta variação dentro deles (SUGIMURA et al., 1997 citado por OLIVEIRA, 2010). Vargas e Blanco (2000), avaliando quatro populações da variedade gigante da coleção das Filipinas, com base em caracteres de frutos, constataram extrema heterogeneidade entre as populações, que formaram quatro grupos distintos.

Analizando cinco populações da variedade gigante de diferentes procedências para 19 caracteres de frutos, com o uso da distância de Mahalanobis e variáveis canônicas, Ribeiro et al. (1999), constataram que as populações foram divergentes entre si, e que dos 19 caracteres avaliados, apenas quatro detiveram maior contribuição para a variação total .

Dentre os trabalhos publicados com caracterização e/ou avaliação de coqueiro anão, podem ser citados os de Cambuí (2007), Passos e Passos (2003), Aragão et al. (2003), Ribeiro et al. (1999), Pedroso et al. (2007) e Castro (2007). Dentre estes, observa-se aplicação de alguns descritores vegetativos, reprodutivos e de fruto. Constata-se que, em todos os trabalhos, houve predominância para utilização dos descritores direcionados ao fruto, provavelmente, por estas características estarem diretamente relacionadas a aspectos de interesse ao melhoramento genético e a produtividade. Entretanto, em nenhum deles, verificou-se a utilização de técnicas multivariadas na avaliação dos dados adquiridos.

Ainda são inexistentes informações sobre as características morfológicas, vegetativas e reprodutivas dos acessos de coqueiro anão conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado em Itaporanga d' Ajuda. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar por meio de descritores morfológicos e agronômicos, e estimar a divergência genética entre os acessos de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma de coco na Embrapa Tabuleiros Costeiros utilizando técnicas multivariadas.

4. Material e Métodos

4.1. Localização e características climáticas da região

O experimento foi conduzido durante os meses de junho a dezembro 2009, no Campo Experimental de Itaporanga, pertencente à Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado no município de Itaporanga d'Ajuda, SE, às margens da Rodovia SE 100, km 03 ($11^{\circ}07'S$ e $37^{\circ}11'W$), a 28 km de Aracaju.

O clima da região de Itaporanga d'Ajuda, segundo a classificação de Köppen é do tipo A's (tropical chuvoso com verão seco). A pluviosidade média anual é de 1.250 mm. O solo da área experimental é classificado como Neossolo Quartzareno, de baixa fertilidade natural. Os dados de pluviosidade (FIGURA 1), durante a condução do experimento foram obtidos na estação meteorológica do Campo Experimental de Itaporanga do CPATC.

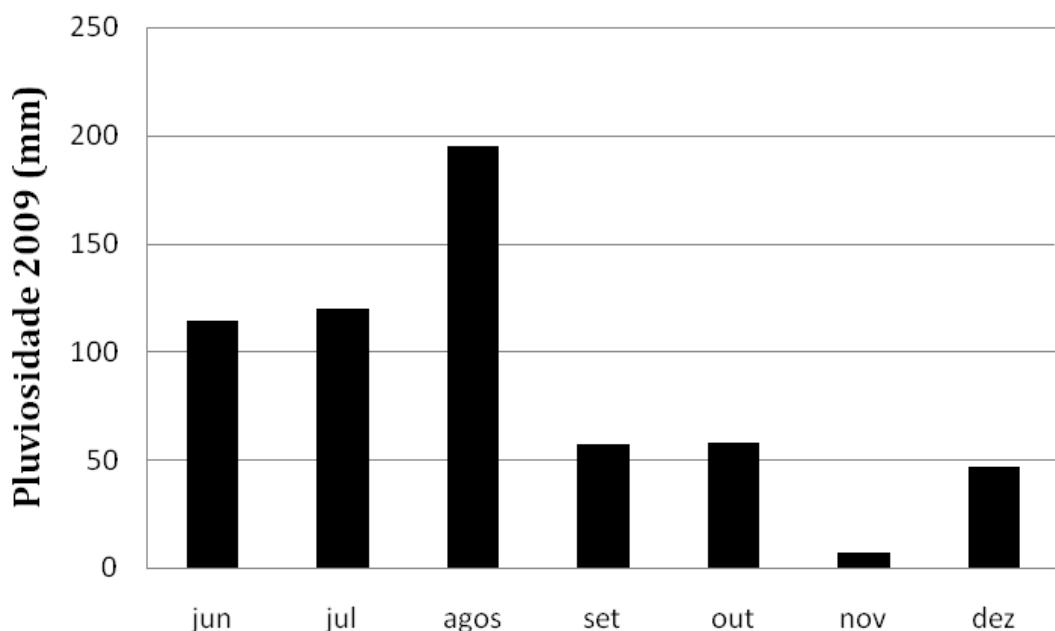


FIGURA 1 - Pluviosidade no Campo Experimental de Itaporanga do CPATC durante o período de junho a dezembro de 2009.

O controle de plantas invasoras foi feito com a utilização de glifosato no raio de 1,5 m a partir do estipe do coqueiro e por roçagem mecânica entre as plantas do

experimento. A quantidade de água aplicada pelo sistema de microaspersão foi 105L a cada dois dias e a depender da pluviosidade do período.

4.2. Condições Experimentais

Foram avaliados seis acessos de coqueiro anão: Anão Verde do Brasil Jiqui (AVeBrJ), Anão Vermelho de Camarões (AVC), Anão Vermelho da Malásia (AVM), Anão Vermelho de Gramame (AVG), Anão Amarelo de Gramame (AAG), Anão Amarelo da Malásia (AAM). Os acessos estavam dispostos no delineamento experimental em blocos casualizados, em cinco repetições e 16 plantas úteis por parcela, espaçamento de 7,5m x 7,5m x 7,5m em triângulo eqüilátero.

Para caracterização dos acessos utilizou-se a lista descritiva (IPGRI, 1995) publicada pelo Bioversity International, sendo utilizados 38 descritores quantitativos e 11 qualitativos relacionados às características vegetativas, morfológicas e reprodutivas. Para os dados relacionados a medidas de folha e inflorescência, foram coletadas inflorescência e folha de número 9.

4.3. Descritores Morfoagronômicos

4.3.1. Estipe

- 1) Altura do estipe (AE)- As medidas de altura do estipe foram mensurados com uma fita métrica, em centímetros, a partir da superfície do solo até o ponto final do estipe.
- 2) Altura do estipe até a folha verde mais velha (AFV)- As medidas de altura do estipe até a folha verde mais velha foram mensurados com uma fita métrica, em centímetros, a a partir da superfície do solo até o ponto de inserção da folha verde mais velha (FIGURA 2).



FIGURA 2- Detalhe para mensuração do descritor altura do estipe até a folha verde mais velha. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

- 3) Circunferência do estipe a 20 cm do solo (CE20)- As medida da circunferência do estipe a 20 cm do solo foram mensurados com uma fita métrica, em centímetros, na altura de 20cm a partir do solo.
- 4) Circunferência do estipe abaixo da folha mais velha (CEFV)- As medida da circunferência do estipe abaixo da folha mais velha foram mensurados com uma fita métrica, em centímetros, abaixo da folha verde mais velha.
- 5) Largura da cicatriz da folha (LCF20) – A medida da largura da cicatriz da altura de 20 cm no estipe foram mensurados com paquímetro digital, em milímetros, na altura de 20cm a partir do solo (FIGURA 3).



FIGURA 3- Detalhe para mensuração do descritor largura da cicatriz da altura de 20 cm no estipe. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

4.3.2. Folha

- 6) Número de folhas vivas (NFV)- O número de folhas vivas foram obtidas pela contagem das folhas funcionais (mais de 50% de sua coloração verde).
- 7) Número de folhas mortas (NFM)- O número de folhas mortas foram obtidas pela contagem das folhas não funcionais (mais de 50% de sua coloração marrom escura ou secas).
- 8) Cor do pecíolo (CP)- Foram obtidas as cores do pecíolo através da carta de cores da Royal Garden, na porção abaixo da presença do primeiro folíolo.
- 9) Comprimento da ráquis (CRAQ)- A medida do comprimento da ráquis foram mensurados com fita métrica, em metros, a partir da base do pecíolo até abaixo da folha flecha (FIGURA 4).



FIGURA 4- Detalhe para mensuração do descritor, comprimento da folha. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

- 10) Comprimento do pecíolo (CPEC)- A medida do pecíolo foram mensurados com fita métrica, em centímetros, da base do pecíolo até a abaixo da inserção do primeiro folíolo.
- 11) Espessura do pecíolo (EPEC)- A medida da espessura do pecíolo foram mensurados com utilização de paquímetro digital, em milímetros, a abaixo da inserção do primeiro folíolo.
- 12) Largura do pecíolo (LPEC)- A medida da largura do pecíolo, foram mensurados com utilização de régua, em centímetros, abaixo da inserção do primeiro folíolo.
- 13) Número de folíolos (NFOL)- A contagem do número de folíolos presente na folha, a partir do primeiro folíolo até a abaixo da folha flecha, após a contagem foi realizada a multiplicação do valor encontrado pelo numeral 2 e somado mais 1, ($X \cdot 2 + 1$).
- 14) Comprimento do folíolo (CFOL)- A medida do comprimento dos folíolos, foi mensurado com fita métrica em centímetros, utilizando seis folíolos, três de cada lado da folha, sendo estas localizadas no terço médio da folha.

- 15) Largura do folíolo (LFOL)- A medida de largura dos folíolos, foram mensurados com régua em centímetros, utilizando os mesmos seis folíolos para a mensuração do comprimento, observando a porção mais larga.
- 16) Cor do folíolo (CRFOL)- Para obtenção da cor do folíolo, foi utilizado um folíolo escolhido ao acaso, e utilizado a carta de cores da Royal Garden.

4.3.3. Inflorescência

- 17) Cor do pedúnculo (CRPEDJ)- Para obtenção da cor do pedúnculo em fase juvenil, foi observado a coloração presente na região abaixo do primeiro ramo floral, utilizando carta de cores da Royal Garden.
- 18) Cor do pedúnculo (CRPEDR)- Para obtenção da cor do pedúnculo na fase reprodutiva, foi observado a coloração presente na região abaixo do primeiro ramo floral, utilizando carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 19) Cor do ramo jovem(CRRAFLJ)- Para obtenção da cor do ramo floral em fase jovem, foi observado a coloração presente na região próxima da base do ramo floral com utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 20) Cor do ramo fase receptiva (CRRAFLR)- Para obtenção da cor do ramo floral em fase receptiva, foi observado a coloração presente na região próxima da base do ramo floral com utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 21) Cor da flor feminina jovem (CRFEMJ)- A obtenção da cor da flor feminina em fase jovem foi realizada por meio de utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 22) Cor da flor feminina fase receptiva(CRFEMR)- Obtenção da cor da flor feminina em fase receptiva foi realizada por meio de utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 23) Cor da flor masculina jovem (CRFEMJ)- Obtenção da cor da flor feminina em fase jovem foi realizada por meio de utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 24) Cor da flor masculina fase receptiva (CRMASR)- Obtenção da cor da flor masculina em fase receptiva foi realizada por meio de utilização da carta de cores da Royal Botanic Garden.
- 25) Tipo da inflorescência (TINF)- Para avaliação do tipo da inflorescência foi atribuídas letras: (N) Normal- presença de flores masculinas e femininas; (A)

Androgena- presença só de flores masculinas; (G) Ginoica - presença só de flores femininas.

26) Número de inflorescência (NINFL)- O número de inflorescência foi avaliado pela contagem de inflorescências fechadas realizadas em observações mensais.

27) Tempo de floração (TFLO)- O tempo de floração foi avaliado pela contagem do número de inflorescências abertas em observações mensais.

28) Período entre emergência e abertura das inflorescências (DIF EXA)- O período entre emergência e abertura das inflorescências foi avaliado pelo acompanhamento em dias entre emissão e o dia de sua abertura.

29) Comprimento das inflorescências (CINF) – O comprimento da inflorescência foi mensurado com fita métrica, em centímetros, a partir da base do pedúnculo até o término da sua estrutura.

30) Comprimento do eixo central da inflorescência (CEC)- A medida do comprimento do eixo central, foi mensurada com fita métrica, em centímetros, a partir do surgimento do primeiro ramo floral espiga até o final de sua estrutura.

31) Comprimento do pedúnculo da inflorescência (CPED)- O comprimento do pedúnculo da inflorescência, foi mensurado com fita métrica, em centímetros, medidos pela distância entre base do pedúnculo até o surgimento do primeiro ramo floral.

32) Circunferência do pedúnculo da inflorescência (CEPED) – A medida da circunferência do pedúnculo inflorescência, foi mensurada com fita métrica, em centímetros, na porção abaixo do primeiro ramo floral.

33) Número de ramos florais (NRF)- Número de ramos florais foi obtido pela contagem de todos os ramos florais presentes na inflorescência (FIGURA 5).

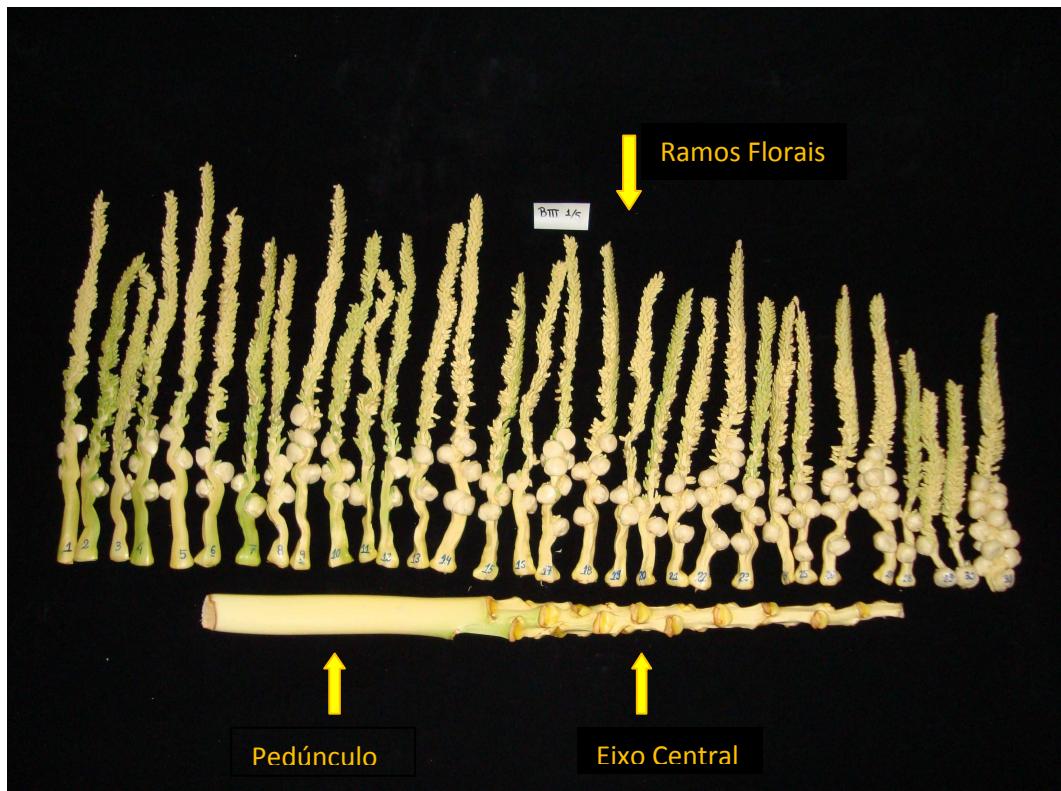


FIGURA 5- Detalhe para mensuração do descriptor número de ramos florais encontrado na inflorescência. Itaporanga D’ajuda, SE, 2009.

- 34) Comprimento médio dos ramos florais (CMRF)- A medida do comprimento médio dos ramos florais, foi mensurado com fita métrica, em centímetros, medidos pela distância entre base do ramo floral até o final de sua estrutura. Após aquisição das medidas de todos os ramos presentes na inflorescência, foi extraída a média destes comprimentos (FIGURA 6).
- 35) Comprimento do ramo floral mais longo (CRML)- A medida do comprimento do ramo floral mais longo, foi adquirido após a mensuração do comprimento de todos os ramos florais de cada inflorescência avaliada.
- 36) Comprimento do ramo floral mais curto (CRMC)- A medida do ramo floral mais curto foi adquirido após a mensuração do comprimento de todos os ramos florais de cada inflorescência avaliada.



FIGURA 6- Detalhe para mensuração do descritor comprimento médio dos ramos florais. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

- 37) Número de ramos florais com flores femininas (NRFCF)- A obtenção do número de ramos florais que apresentaram a presença de flores femininas foi adquirida pela contagem de número de ramos florais com presenças de flores femininas.
- 38) Número de ramos florais sem flores femininas (NRFSF)- A obtenção do número de ramos florais que apresentaram sem de flores femininas foi adquirida pela contagem de número de ramos florais com ausência de flores femininas.
- 39) Número de flores masculinas por ramo floral (NFMRF)- A obtenção do número de flores masculinas por ramo floral, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores masculinas e número de ramos florais da mesma inflorescência.
- 40) Número de flores femininas por ramo floral (NFFRF)- A obtenção do número de flores femininas por ramo floral, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores femininas e número de ramos florais da mesma inflorescência.
- 41) Número total de flores femininas (NFFEM)- A obtenção do número total de flores femininas por ramo floral, foi adquirido pela contagem da presença de flores femininas nos ramos florais da mesma inflorescência (FIGURA 7).

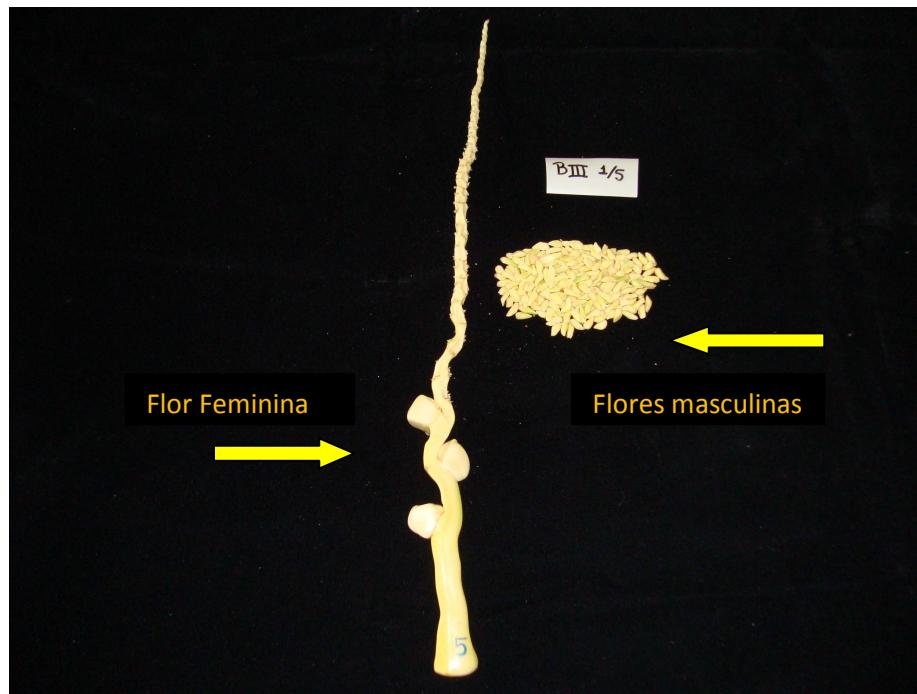


FIGURA 7- Detalhe para mensuração do descritor número de flores femininas e número de flores masculinas. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

42) Número total de flores masculinas (NFMAS)- A obtenção do número total de flores masculinas, foi adquirido pela somatório da contagem de flores masculinas nos ramos florais da mesma inflorescência (FIGURA 8).



FIGURA 8- Detalhe para mensuração do descritor contagem de número de flores masculinas. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

43) Número de flores masculinas por flores femininas (NFFEMXNFMAS)- A obtenção do número de flores masculinas por flores femininas, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores masculinas e flores masculinas da mesma inflorescência.

44) Diâmetro de flores fêmeas (DFFEM)- A medida do diâmetro das flores femininas foi mensurada com paquímetro digital, em milímetros, na parte mais larga da flor e em período de receptividade (FIGURA 9).



FIGURA 9- Detalhe para mensuração do descritor diâmetro de flores fêmeas. Itaporanga D'ajuda, SE, 2009.

45) Fase de concordância negativa (FAC (-))- A obtenção da fase de concordância negativa, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando a ocorrência de concordância entre os períodos de receptividade das flores femininas e flores masculinas.

46) Fase de concordância positiva (FAC (+))-A obtenção da fase de concordância positiva, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando a não ocorrência de concordância entre os períodos de receptividade das flores femininas e flores masculinas.

- 47) Duração do ciclo reprodutivo (DUCR)- A obtenção da duração do ciclo reprodutivo, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando desde o início do ciclo reprodutivo até o seu término.
- 48) Duração da fase reprodutiva feminina (DUFFEM)- A obtenção da duração da fase reprodutiva feminina, foi adquirida por meio de acompanhamento diário, observando o início e finalização da receptividade de suas flores femininas.
- 49) Duração da fase reprodutiva masculina (DURMAS)- A obtenção da duração da fase reprodutiva masculina, foi adquirida por meio de acompanhamento diário, observando o início e finalização da receptividade de suas flores masculinas.

4.4. Análises Estatísticas

Devido a diferenças significativas de desenvolvimento e reintrodução de novas plantas entre e dentre os acessos, a análise dos dados foi procedida como blocos incompletos.

4.4.1. Análise Estatística dos Dados Quantitativos

Para quantificar a divergência genética entre os genótipos foi empregada a distância euclidiana média padronizada. Os métodos de agrupamento utilizados para agrupar os genótipos foram o hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*), o de otimização Tocher e os Componentes Principais. Procedido o agrupamento UPGMA, calculou-se a correlação cofenética para testar a eficiência do agrupamento. A avaliação da importância relativa dos descritores foi mensurados de acordo com Singh (1981).

As análises foram efetuadas utilizando o programa GENES (CRUZ, 2008).

4.4.2. Análise Estatística dos Dados Qualitativos

Para a análise dos dados qualitativos, foi considerada a moda de cada acesso para cada descritor. Os dados obtidos foram submetidos à análise de divergência genética pelo procedimento para dados multicategóricos do programa computacional GENES (CRUZ, 2009).

Foi gerada uma matriz de dissimilaridade com base no complemento do coeficiente de coincidência simples. O índice leva em consideração a ocorrência e concordâncias de valores. A distância entre os acessos i e j é dada pela fórmula:

$$D_{ij} = (1-C)/(C+D), \text{ em que } C \text{ é a concordância de valores e } D \text{ a discordância.}$$

A partir da matriz de dissimilaridade, foram formados grupos pelo método de Tocher e UPGMA.

4.4.3. Análise conjunta

Para analisar simultaneamente as características qualitativas e quantitativas foi utilizada a distância de dissimilaridade de Gower. Os métodos de agrupamento utilizados para agrupar os genótipos foram o hierárquico UPGMA. Para a estimativa da correlação entre as matrizes de distância genética, foi empregado o teste de comparação de matrizes de Mantel (MANLY, 1997) com 10.000 permutações.

5. Resultados e Discussão

5.1. Dados Quantitativos

Verificou-se que os acessos AVC e AAM foram os mais dissimilares, pois apresentaram maior distância ($d_{ii}= 65599.0261$) e os acessos AVeBrJ e AAM mais similares pois apresentaram a menor distância média ($d_{ii}=12721999.6319$) entre os acessos avaliados. No período de realização das coletas de dados foi observado em loco a similaridade entre os acessos AVeBrJ e AAM, principalmente quanto aos descritores reprodutivos.

Por meio dos dados vegetativos, morfológicos e reprodutivos foi possível detectar dissimilaridade entre os acessos AAM e o AVC, e demonstrar diferenças significativas principalmente nas características reprodutivas. Verificou-se também que os acessos AVeBrJ e AAM apresentam-se bastante similar para maioria das características avaliadas.

Cambui (2007; 2007a), analisando os mesmos acessos de coco, no Platô de Neópolis, e utilizando distância de Mahalanobis, encontrou resultados bastante semelhantes quanto à dissimilaridade, demonstrando que os acessos AVC e AAM foram os mais distantes. Quanto à similaridade, os resultados foram diferentes com os encontrados por Cambui (2007; 2007a), onde o acesso AVeBrJ e AVM foram os mais similares.

O método de agrupamento UPGMA permitiu a formação de três grupos principais (FIGURA 10). O primeiro, formado pelos acessos AVM, AVG, AAG, AAM o segundo, pelo acesso AVeBrJ e o terceiro pelo acesso AVC. A similaridade entre os acessos do primeiro grupo formado pelo UPGMA também pode ser confirmadas pelo trabalho realizado por Moretzsohn et al. (2001) que utilizando marcadores de microssatélites em 7 ecótipos de coqueiro gigante e 4, anão do BAG de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros constatou variabilidade genética e que os acessos AVG ficou mais próximo dos AVM e mais distante do AAG.

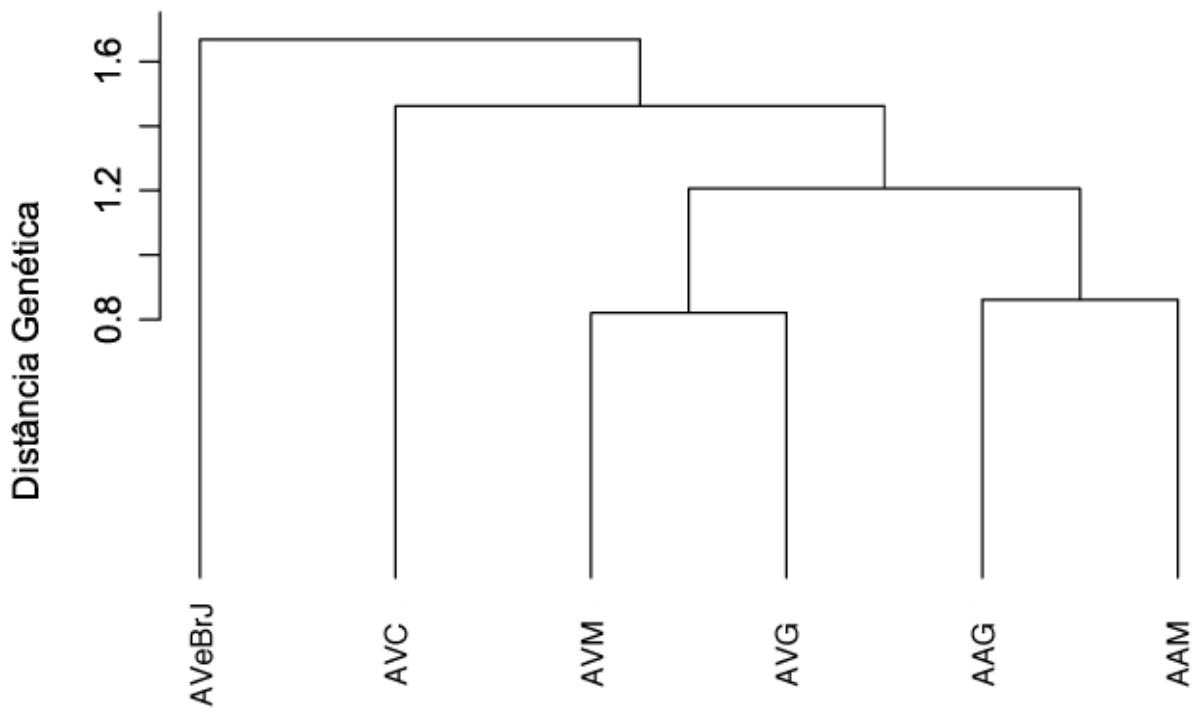


FIGURA 10– Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de variedades de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros obtido pelo método UPGMA, com base na matriz de dissimilaridade.

O dendograma apresentou um valor cofenético alto de $r = 0,89$, indicando fidelidade ao método de agrupamento utilizado. De acordo com Sokal e Rohlf (1962) quanto à estimativa do coeficiente de correlação cofenético (r), for: $r > 0,90$ é considerado muito bom; valor $0,80 \leq r \leq 0,90$ considera-se bom; quando $0,70 \leq r \leq 0,80$ o coeficiente é ruim e péssimo quando $r \leq 0,70$. O resultado apresentado mostra que os grupos formados entre os acessos avaliados podem ser considerados bastantes seguros, demonstrado pelo método de agrupamento escolhido, o qual indicou bom ajuste entre a matriz de dissimilaridade e a representação gráfica obtida.

O método de Tocher, estimada pela distância Euclidiana média, discriminou três grupos ou grupos de dissimilaridade. O primeiro grupo constituiu-se pelos acessos AVM, AVG, AAG e AAM, o segundo grupo formado pelo acesso AVC e o terceiro grupo pelo acesso AVeBrJ. Os resultados foram semelhantes quanto aos agrupamentos pelo método de agrupamento UPGMA, com a formação de três grupos principais. Para melhor avaliação da dissimilaridade, o primeiro grupo foi reagrupado e assim formado dois subgrupos, o primeiro pelos acessos AVM e AVG e o segundo pelos acessos AAG e AAM (TABELA 1).

TABELA 1– Agrupamento pelo método de Tocher em seis acessos de coqueiro anão, com base na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média estimada a partir de 38 descritores quantitativos.

Grupos	Subgrupos	Acessos
1	1a	AVM, AVG
	1b	AAG, AAM
2		AVC
3		AVeBrJ

Por intermédio dos componentes principais foi possível observar que os descritores, número total de flores masculinas na inflorescência (NFMAS) e comprimento da folha (CRAQ) explicaram 70,81% da variação total disponível entre os acessos (FIGURA 11). Estes resultados foram concordantes com os métodos anteriores, onde o AVM, AVG, AAG, AAM foram mais similares e os acessos AVeBrJ e AVC

dissimilares entre si. Com isso, pode-se afirmar que a análise de componentes principais foi eficiente na determinação dos descritores mais importantes.

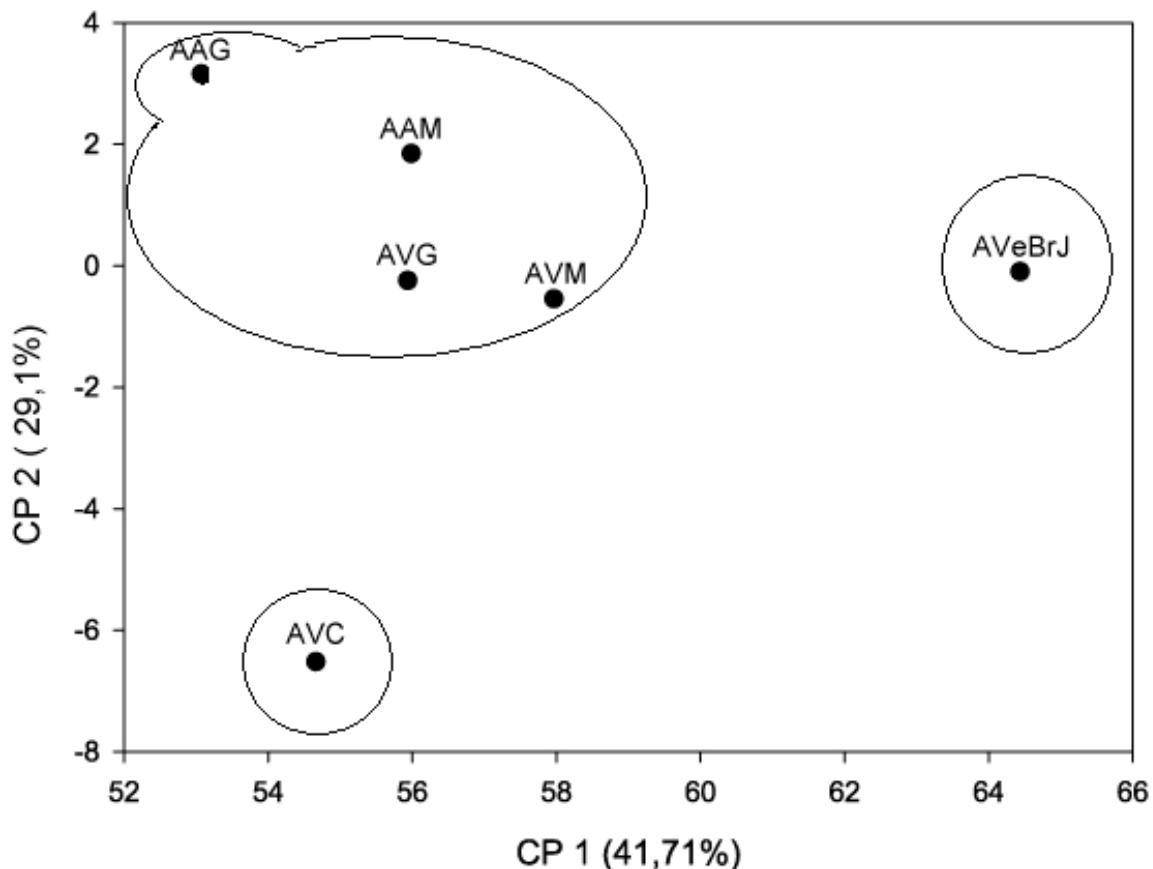


FIGURA 11– Plano formado pelos componentes principais 1 e 2, representando a distribuição dos seis acessos de variedades de coqueiro anão do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros dos acessos do BAG de coco da, em relação aos 49 descritores morfo-agronômicos analisados.

A análise de componentes principais evidenciou a presença de variabilidade existente entre os acessos do BAG de coco anão e identificou os descritores redundantes, ou seja, que pouco influenciaram na discriminação dos acessos. Também foi possível fornecer informações para a representação gráfica bidimensional e a variação entre os acessos avaliados.

Em trabalho realizado por Upadhyay et al. (2003) utilizando RAPD em 20 ecótipos de coqueiro gigante e anão, por meio de componentes principais foi possível detectar variação total disponível de 15 a 12,5% entre os dois primeiros componentes.

Os ecótipos de anões foram agrupados em dois locais distintos, e alguns conjuntamente com ecótipos de gigante. Os acessos, anão Laranja da Malásia (MOD) e anão Amarelo da Malásia (MYD) que eram acessos exóticos agruparam-se com ecótipos indianos de anão. As relações genéticas obtidas utilizando RAPD foram concordantes quanto aos resultados anteriores (EVERARD, 1999; PERERA et al., 1998, 2000; RIVERA et al., 1999; UPADHYAY et al., 2002 citado por UPADHYAY et al., 2003), onde os acessos de anões foram agrupados juntos e os acessos de gigante apresentaram maior variabilidade. Apesar dos anões pertencerem a diferentes regiões geográficas, estes não ocuparam regiões distintas no dendograma, e de acordo com Lebrun et al.(1998) citado por Upadhyay et al. (2003) este resultado deve-se a uma origem em comum para todos os ecótipos de anões e subsequente isolamento destas populações locais.

Avaliando 33 acessos da coleção do Banco de germoplasma Internacional da Índia, por meio de ISSR, entre os ecótipos anão Niuleka (NLAD) e o Coco Rei (RTB04) foram encontrados uma similaridade de 0.774 e entre os ecótipos anão Laccadive (LCOD) e anão Laranja Chowghat (COD) similaridade de 0.711. Por meio de agrupamento, os ecótipos anão laranja Chowghat (COD) e ecótipos anão Laccadive (LCOD) apresentaram-se no mesmo grupo. Utilizando componentes principais foi possível detectar 53,78% entre os dois primeiros componentes e 8,45% da variação total (MANIMEKALAI; NAGARAJAN, 2006).

Em estudo realizado no México, avaliando 41 populações (gigantes e anões), utilizando 17 características morfológicas de fruto, baseado na dissimilaridade da distância euclidiana, agrupados por UPGMA e componentes principais, foi possível detectar entre os três primeiros componentes a variação total de 80%. As populações de coqueiro anão foram coletadas em plantações comerciais em Colima e Yucatan (C5 e MGD) e mostraram-se bastante similar aos acessos introduzidos na Estação Experimental Marc Delorme, em 1977 na Costa do Marfim. Portanto, similar aos do BAG de coco do CPATC já que os mesmos foram importados em 1982 da Costa do Marfim (ZIZUMBO-VILLARREAL; PINERO, 1998).

O estudo sobre a importância relativa das variáveis possibilita concluir com segurança a viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética. Reduzindo-se o número de características, e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo, fica mais fácil de interpretar os dados sem que ocorra perda de informações (QUINTAL, 2010).

Visando o descarte dos descritores utilizados para caracterizar os acessos de coqueiro anão foi realizada a avaliação da importância relativa dos caracteres segundo o teste de Singh (1981) (TABELA 2).

TABELA 2– Importância Relativa das Características avaliadas em seis acessos de coqueiro anão.

Variáveis Analisadas	Importância Relativa (%)
AE	0.0049
CE20	0.0003
CEFV	0.0055
AFV	0.0127
LCF20	0.365
CRAQ	8.3001
CPEC	0.9587
LPEC	0.1387
NFV	0.8441
NFM	0.0359
NFOL	1.968
CFOL	1.6455
ESPEC	0.0132
LFOL	0.3025
CINF	13.0828
CEC	0.1044
CPED	5.0428
CEPED	0.7246
DFFEM	0.0396
NFMAS	15.312
NFFEM	0.5971
NRF	1.6521
CRMC	0.9317
CRML	1.4424
NRFSF	0.1503
NRFCF	1.2137
CMRF	0.4252
NFFRF	1.478
NFMRF	21.267
NFFEMXNFMAS	2.6612
FAC (+)	0.0032
FAC (-)	0.6998
DURMAS	1.6899
DUFFEM	0.7963
DUCR	2.2115
Dif ExA	13.5842
TFLO	0.0178
NINFL	0.2774

De acordo com os resultados obtidos os descritores; número de flores masculinas por ramo floral (21,267%), número de flores masculinas por inflorescência (15, 312%), diferença entre a emissão e abertura da inflorescência (13,5842%) e comprimento da inflorescência (13,0828%) foram os mais representativos, pois apresentaram as maiores importâncias relativas. Enquanto os descritores circunferência do estipe a 20 cm do solo, fase de concordância positiva, altura do estipe e circunferência do estipe abaixo da folha mais velha apresentaram menores contribuições.

Com intuito de conhecer de forma mais ampla os acessos em estudo é necessária a aplicação máxima dos descritores e após a obtenção destas informações, posteriormente em novos trabalhos e dependendo do objetivo, pode-se fazer as escolhas de quais características irão ser aplicadas. De acordo com este estudo pode-se observar quanto à divergência genética com utilização de descritores, para esses acessos do BAG de coco os que apresentaram valores menores que 0,70 podem ser descartados, pois apresentaram contribuição de valor mais baixo.

5.2. Dados Qualitativos

Por meio dos dados dos descritores qualitativos dos acessos de anões que compõe o BAG de coco com base na distância genética foi possível gerar matriz de dissimilaridade através da distância Euclidiana média. Pelo método de agrupamento UPGMA constatou-se a formação de três grupos, o primeiro com o acesso o AVeBrJ, o segundo pelo AAG a AAM, terceiro com o AVC, AVM e AVG (FIGURA 12). O dendograma apresentou um valor cofenético alto ($r = 0,95$), indicando fidelidade ao método de agrupamento utilizado.

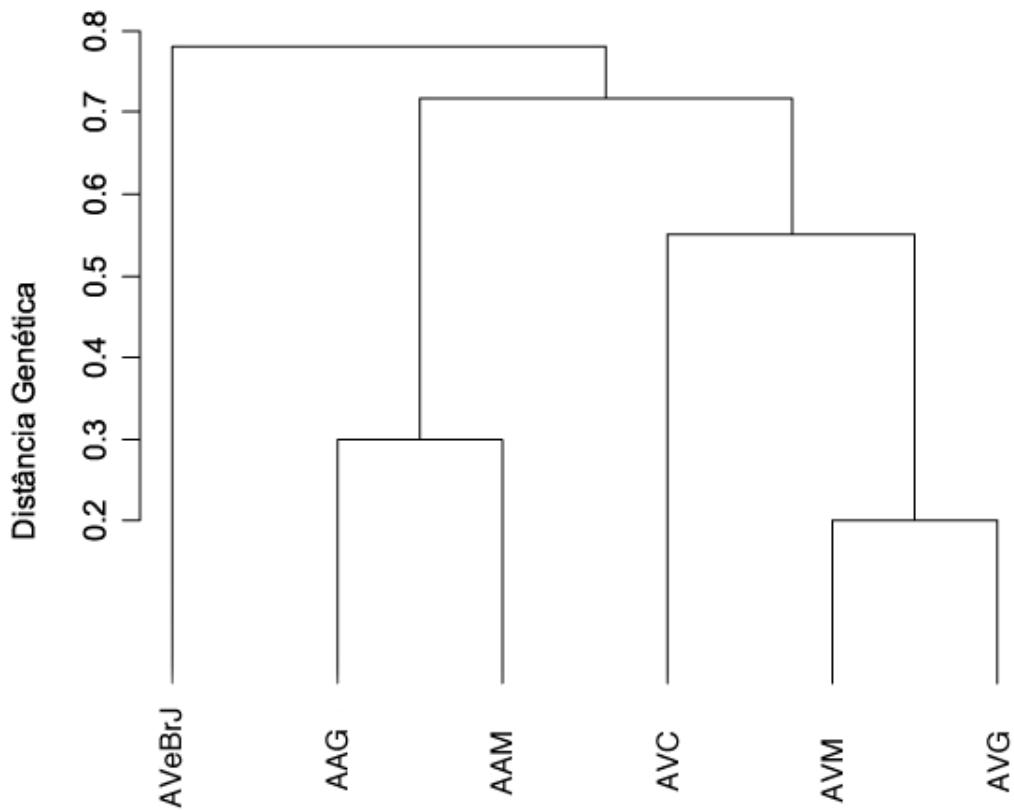


FIGURA 12- Dendograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de coqueiro anão, obtido pelo método de UPGMA a partir do alogaritmo de Cluster como medida de distância.

A partir das análises de agrupamento pelo método de otimização de Tocher, foi possível separar os acessos em dois grupos distintos (TABELA 3). O grupo I formado pelos acessos AVM, AVG, AAG, AAM e AVC e o grupo II com o acesso AVeBrJ. Para aquisição de um resultado mais fidedigno ao demonstrado pelos resultados obtidos foi realizado um novo reagrupamento para o grupo I, obtendo-se um novo arranjo com três subgrupos. O subgrupo IA formado pelos acessos AVM, AVG, subgrupo IB com o AAG e AAM e o subgrupo IC com o acesso AVC.

TABELA 3 - Agrupamento, método de Tocher, em seis acessos de coqueiro anão, com base na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana média estimada a partir de 11 descritores qualitativos.

Grupos	Subgrupos	Acessos
I	IA	AVM, AVG
	IB	AAG, AAM
	IC	AVC
II	AVeBrJ	

Para maior eficiência e fortificação dos resultados é interessante que os métodos de hierarquização UPGMA e otimização de Tocher sejam empregados em conjunto. Sendo assim, pode-se observar que após o reagrupamento realizado no método de Tocher e comparando com o método de UGMA foi possível verificar a concordância e eficácia dos grupos formados. Pelos métodos escolhidos também pode-se observar a existência de diversidade genética entre os acessos avaliados.

Os resultados obtidos por meio dos descritores qualitativos e com os métodos utilizados demonstraram a eficiência tanto quanto a os resultados obtidos pelos descritores quantitativos.

A coleta de dados multicategóricos é prática, econômica e demanda menor tempo comparado a dados quantitativos e dados moleculares. Portanto, o uso das variáveis multicategóricas, confirma a importância dos descritores qualitativos denominados essenciais pelo IPGRI (1995) (SUDRÉ et al., 2006). Trabalhos como os de acessos de tomate (GONÇALVES et al., 2008) e *Capsicum baccatum* (NEITZKE et al., 2008) e pimenta e pimentão (SUDRÉ et al., 2006) demonstram que utilizando variáveis multicategóricas é possível constatar diversidade genética.

5.3. Análise conjunta

Na avaliação conjunta dos dados qualitativos e quantitativos, estimadas pela dissimilaridade (GOWER, 1971), os acessos AVeBrJ e AAG apresentaram-se como os mais dissimilares ($d_{ii}= 0.617585$), e os acessos AVM e AVG como os mais similares ($d_{ii}= 0.24564$). Por meio do método de agrupamento UPGMA, formaram-se três

grupos. O grupo I com o acesso AAG, o grupo II formado pelo AVC, AVM e AVG e o grupo III composto pelos acessos AVeBrJ e AAM (FIGURA 13).

Este mesmo número de grupos também formou-se nas análises quantitativas e qualitativas, mas entre estes ocorreram algumas diferenciações. Os acessos AVM e AVG apresentaram-se no mesmo grupo em todos os agrupamentos (quantitativos qualitativos e análise conjunta). O acesso AVeBrJ obteve a mesma configuração nos agrupamentos obtidos por meio dos dados quantitativos e qualitativos, mas quanto a análise conjunta este acesso agrupou-se com o AAM. Apesar de divergente dos demais agrupamentos formados (quantitativos e qualitativos), este arranjo (análise conjunta) confirma a distância de similaridade dos dados quantitativos demonstrado pela distância Euclidiana média.

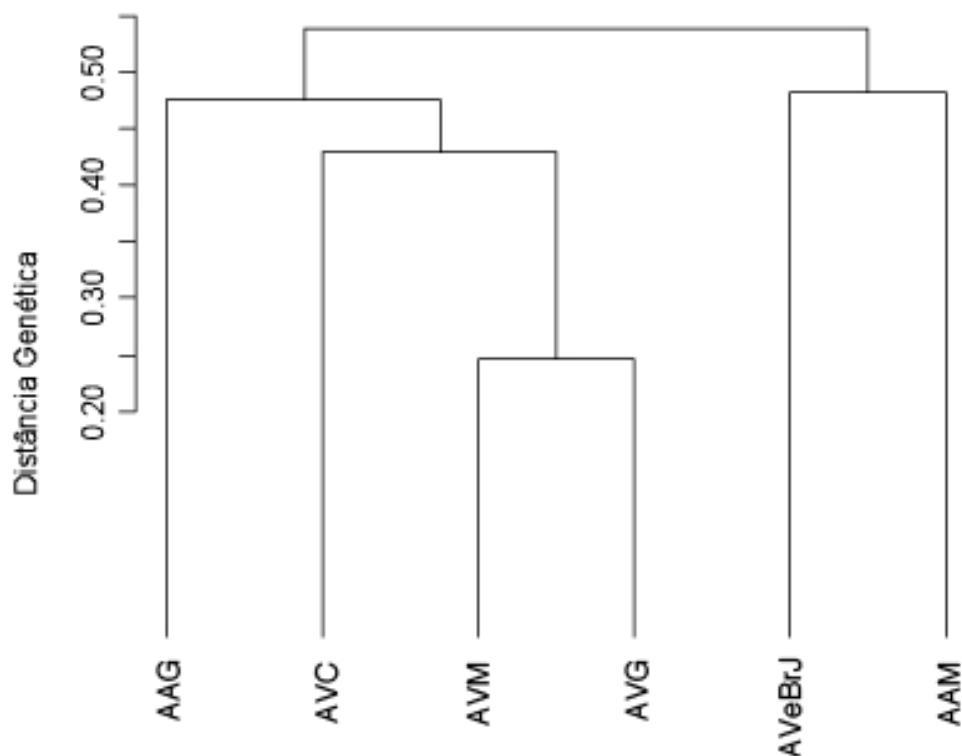


FIGURA 13- Dendrograma de dissimilaridade genética, com base no alogarítimo de Gower (1971) obtido pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) a partir do alogaritmo de Gower de disimilaridade como medida de distância.

Para a análise conjunta, o valor cofenético foi considerado bom, onde, $0,80 \leq r = 0,80 \leq 0,90$, que segundo Sokal e Rohlf (1962), indica fidelidade ao método de agrupamento utilizado. Comparando-se os valores cofenéticos de todas as análises realizadas pode-se observar que apresentaram valores bons de acordo com escala proposta por Sokal e Rohlf (1962), isto indica bom ajuste entre as matrizes originais de distâncias e as derivadas das distâncias gráficas, encontrados pelo método.

Quanto às correlações entre as matrizes de distância utilizando o algoritmo de Gower, verificou-se maior associação entre as matrizes quantitativa e qualitativa, com valor de $r = 0,71$ e significância a 1 e 5% de probabilidade (TABELA 4). Esta maior associação ($r = 0,71$) é indicativo de que a divergência genética estimada entre esses dois tipos de características acessa as mesmas regiões do genoma, uma vez que os genes responsáveis por tais características são os mesmos (QUINTAL, 2009).

As matrizes quantitativa e conjunta apresentaram a correlação de $r = 0,61$ e significância a 1 e 5% de probabilidade, enquanto para a matriz qualitativa e conjunta obtiveram $r = 0,51$ e significância apenas a 5%. De acordo com Quintal (2009), o agrupamento com base em Gower (1971) é confiável e uma ferramenta prática para avaliação simultânea de um conjunto de caracteres de naturezas divergentes.

TABELA 4- Correlações entre as matrizes de distância Euclidiana média (quantitativa), distância de Cluster (qualitativo) e distância de Gower (conjunta), em seis acessos de coqueiro anão, obtidas com base nos descritores morfo-morfológicos.

	QUALITATIVA	QUANTITATIVA	CONJUNTA
QUALITATIVA	1		
QUANTITATIVA	0,71**	1	
CONJUNTA	0,51*	0,65**	1

** significância a 1 e 5%; * significância a 5% de probabilidade de erro, pelo teste de Mantel com 10000 permutações.

6. Conclusões

- A avaliação utilizando os descritores morfoagrômicos detectou divergência genética entre os seis acessos de coqueiro anão do Banco Ativo de germoplasma de coco;
- Houve relativa concordância entre os métodos de agrupamentos UPGMA, Tocher e Componentes principais na configuração e arranjo entre os acessos avaliados;
- Os acessos anão vermelho da Malásia, anão amarelo da Malásia, anão vermelho de Gramame e anão amarelo de Gramame são os mais similares, enquanto os acessos anão verde Jiqui do Brasil e anão vermelho de Camarões são os mais dissimilar entre os acessos avaliados;
- Por meio dos componentes principais os descritores, número total de flores masculinas na inflorescência e comprimento da folha explicou 70,81% da variação total disponível entre os acessos.
- Houve uma correlação positiva e significativa entre as matrizes quantitativa e qualitativa, quantitativa e conjunta, e para a matriz qualitativa e conjunta;
- A análise multivariada foi consistente em estimar a divergência dos acessos avaliados.

7. Referências Bibliográficas

- ARAGÃO, W. A et al. **Caracterização e seleção do coqueiro anão para produção de polpa.** Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003(Embrapa Tabuleiros Costeiros. Comunicado Técnico, 22).
- CAMBUI, E.V.F. **Diversidade genética entre cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera L.*, VAR NANA) no Platô de Neópolis/SE.** 2007. 67 f. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2007.
- CAMBUI, E. V. F.; ARAGÃO, W.M; LEAL, M. L. S. Variabilidade genética entre cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera*, L.- Var. Nana). **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v.5, supl.1, p.165-167, jul. 2007a.
- CASTELLEN,M.S et al.. Caracterização de acessos do banco ativo de germoplasma de mamão por meio de análise multivariada. **Magistra**, Cruz das Almas-BA, v. 19, n. 4, p. 299-303, out./dez., 2007.
- CASTRO, C.P. **Comportamento de cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera L.*) nos Tabuleiros Costeiros do Norte de Sergipe.** 2007. 87f.Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, 2007.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2 ed. Viçosa. UFV, 1997. 480p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3 ed. Viçosa. UFV, 2004. 480p.
- CRUZ, C. D et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 2006, p. 480p.
- CRUZ, C. D. **Programa genes** (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística.Viçosa: UFV, 2009.
- GLIESSMAN, S.R. O complexo ambiental. In: GLIESSMAN, S. R. **Agroecologia:** processos ecológicos em agricultura sustentável. Porto Alegre: Ed. Universidade/UFRGS, 2005.
- GONÇALVES, L. S. A et al. Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descriptores multicategóricos. **Horticultura brasileira**, v. 26, n. 3, p.364-370, 2008.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington, v.27, n. 4, p. 857-874. 1971.
- IPGRI. **Descriptors for Coconut (*Cocos nucifera L.*).** International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 68p, 1995.

IVOGLO, M.G et al. Divergência genética entre progêneres de café robusta. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.4, p.823-831, 2008

MANIMEKALAI R.; NAGARAJAN, P. Assessing genetic relationships among coconut (*Cocos nucifera* L.) accessions using inter simple sequence repeat markers. **Scientia Horticulturae**, v. 108, p.49–54, 2006.

MANLY, B. F. J. **Randomization, bootstrap and Monte Carlo methods in Biology**. London: Chapman & Hall, 1997.

MARTEL, J.H.I. et al. Estatística multivariada na discriminação de raças amazônicas de pupunheiras (*Bactris gasipaes* Kunth.) em Manaus. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.25, n.1, p.1-9, 2003.

MORETZSOHN, M. C.; et al. **Desenvolvimento e uso de marcadores microssatélites na análise da variabilidade genética de ecótipos de coqueiro (*Cocos nucifera*, L.).** Brasília, 2001. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 16.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; HEIDEN, G.; CASTRO, C. M. Divergência genética entre variedades locais de *Capsicum baccatum* utilizando caracteres multicategóricos. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 20, n. 3, p. 249-255, 2008.

OLIVEIRA, M.S.P. **Caracterização molecular e morfoagronômica de germoplasma de açaizeiro.** Disponível em:
<http://www.prgp.ufla.br/genetica/Disserta% E7% F5es% 20e% 20Teses/TESE% 20Maria% 20do% 20Socorro.pdf>. Acesso em: 02 abr. 2010.

PASSOS, C.D.; PASSOS E. E.M. **Aspectos Morfológicos do Caule e da Folha do Coqueiro Anão** (*Cocos nucifera* L). Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2003(Embrapa Tabuleiros Costeiros. Comunicado Técnico, 13).

PEDROSO, G.T.; SANTOS, H. C.; ARAGÃO. W.M. **Características da inflorescência de Cultivares de Coqueiro nas épocas secas e chuvosas do ano.** Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2007 (Boletim de Pesquisa e desenvolvimento nº 21).

QUINTAL, S.S.R. **Caracterização e avaliação de um banco de germoplasma de mamoeiro para estudo dos parâmetros genéticos e diversidade genética.** Disponível em: http://www.uenf.br/Uenf/Downloads/GMP_3770_1253036523.pdf. Acessos em 20 abr 2010.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research.** New York: John Wiley, 390p.,1952.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A.R.; RAMALHO, M.A.P. Divergência entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p.1615-1622, 1999.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, p.237-245, 1981.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **TAXON**, v.11p. 33-40. 1962.

SUDRÉ, C.P. et al. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura brasileira**, v. 24, n. 1, p. 8-93, 2006.

UPADHYAY, A. et al. Genetic relationship and diversity in Indian coconut Accessions based on RAPD markers. **Scientia Horticulturae**, v. 99, p 353–362, 2003.

ZIZUMBO VILLARREAL, D. Diversidad del cocotero en México y su evaluación al Amarillamiento Letal. **Boletín Sociedad Botánica de México**. n. 62. p. 157-170. 1998.

VARGAS, A.; BLANCO, F.A. Fruit characterization of *Cocos nucifera* L. (ARECACEAE) cultivars from the Pacific coast of Costa Rica and the Philippines. **Genetic Resources' and Crop Evolution**, Dordrecht, v.47, n. 5, p.483-487, 2000.

CAPÍTULO 3

AVALIAÇÃO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA ALGUMAS CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA EM COQUEIRO ANÃO.

1. Resumo

SOBRAL, Kamila Marcelino Brito. **Avaliação e estimativa de parâmetros genéticos para algumas características de importância agronômica em coqueiro anão.** In: Divergência genética entre acessos de coqueiro anão para caracteres morfológicos e agronômicos na baixada litorânea de Sergipe. São Cristóvão: UFS, 2010. 84 f. (Dissertação, Mestrado em Agroecossistemas)

Devido a sua precocidade, porte pequeno da planta, tamanho de frutos o coqueiro anão tem um papel importante no melhoramento genético da cultura. O presente trabalho objetivou caracterizar e avaliar o comportamento morfológico e agronômico dos acessos de coqueiro anão do banco ativo de germoplasma de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros, para subsidiar o programa de melhoramento genético do coqueiro. O trabalho foi conduzido no BAG de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros, avaliando os acessos Anão Verde do Brasil Jiqui (AVeBrJ), Anão Vermelho de Camarões (AVC), Anão Vermelho da Malásia (AVM), Anão Vermelho de Gramame (AVG), Anão Amarelo de Gramame (AAG), Anão Amarelo da Malásia (AAM) por meio descritores morfoagronômicos. Foi realizada a análise de variância comparada pelo Teste de Tukey a 5% de probabilidade, calculados h^2 , CVg, CVe, e CVg/CVe. Entre os descritores avaliados foram significativos pelo teste F a 1% de probabilidade, número de folíolos (NFOL), comprimento do folíolo (CFOL), número de ramos florais (NRF), número de inflorescência (NINFL), duração do ciclo reprodutivo (DURC) e duração da fase reprodutiva feminina (DURFEM), e foram significativos pelo teste F a 5% de probabilidade os descritores período entre emergência e abertura das inflorescências (DIF ExA) e largura do folíolo (LFOL). Para as características NFOL, CFOL, LFOL, CPED, NFMAS, NRF, CMRF, DURC, DUFMAS, DIF ExA, NINFL foram observados altos valores para h^2 , CVg e CVg/CVe e baixos valores para CV, informando uma ampla variabilidade genética. Observou-se que NFFEM, NFFRF, FAC (-), DUFFEM apresentaram altos h^2 , CVg, e Iv, mas também apresentaram valores elevados para CVe, indicando para estas características uma forte influência ambiental. Os coeficientes de variação estimados para a maioria dos caracteres foram baixos ou médios, indicando boa precisão experimental. Foi possível verificar a variabilidade genética entre as cultivares e indicar métodos de seleção mais simples como a seleção massal.

Palavras-chaves: *Cocos nucifera*, L, melhoramento genético, variabilidade genética

2. Abstract

SOBRAL, Kamila Marcelino Brito. **Evaluation and estimation of genetic parameters for some characteristics of great importance agronomic to dwarf coconut.** In: Genetic divergence among accessions of dwarf for morphological and agronomic traits in the Coastal Boards of Sergipe. São Cristóvão: UFS, 2010. 84 f. (Dissertation Paper, Masters in Agroecosystems)

Because of its precocity, small height, size of fruits Dwarf coconut plays an important role in improvement genetic to this culture. This study aimed to characterize and evaluate the morphological and agronomic behaviour of dwarf coconut accessions stored in Active Germplasm Bank of Embrapa Coastal Boards, to subsidize the program for genetic improvement of coconut. This work was carried out at BAG of coconut Embrapa Coastal Boards, evaluating the access of Dwarf Green Jiqui Brazil (AVeBrJ), Red Dwarf Cameroon (DRC), Red Dwarf Malaysia (DRM), Red Dwarf Gramame (DRG), Yellow Dwarf Gramame (DYG), Yellow Dwarf of Malaysia (DYM) through morpho-agronomics descriptors. It was performed the analysis of variance compared by Tukey test at 5% probability calculated h^2 , CVg, CVe and CVg / CVe. Among the descriptors evaluated by F test at 1% probability were significant: number of leaflets (NFOL), length of leaflets (CFOL), number of floral branches (NRF), number of inflorescences (NINFL), duration of reproductive cycle (DURC) and duration of female reproductive (DURFEM), and were significant by F test at 5% probability descriptors like period between emergence and the opening of the inflorescences (DIF ExA) and width of leaflets (LFOL). For characteristics NFOL, CFOL, LFOL, CPED, NFMAS, NRF, CPFF, Durco, DUFMAS, DIF EXA, NINFL were observed high values for h^2 , CVg and CVg / CVe and low values for CVe, indicating a large genetic variability. It was observed that NFFEM, NFFRF, FAC (-), DUFFED showed high h^2 , CVg, and Iv, but also showed high values for CVe, indicating to these features a strong environmental influence. The estimated coefficients of variation for most traits were low or medium, indicating good experimental accuracy. It was possible to verify genetic variability among cultivars and indicate simple selection methods such as mass selection.

Key words: *Cocos nucifera* L, breeding genetic, genetic variability

1. Introdução

O coqueiro é constituído de uma só espécie (*Cocos nucifera*, L) e de duas variedades principais: variedade Typica (coqueiro gigante) e a variedade Nana (coqueiro anão). Esta última variedade é autógama, com 32 cromossomos e composta pelas cultivares amarela, verde, vermelha da Malásia e vermelha de Camarões (OHLER, 1984). É uma variedade de porte baixo, atingindo até 12 m na idade adulta, de ciclo precoce, florescendo em torno de dois anos e seis meses após o plantio e de alta produção de frutos (150 a 200 frutos/planta/ano) de tamanho pequeno.

Nos países asiáticos, africanos e em geral nos da América Latina, o coqueiro anão normalmente é utilizado para fins ornamentais e nos programas de melhoramento genético, principalmente, no processo de hibridação intervarietal com o coqueiro gigante (ARAGÃO et al., 2002b).

A Índia, em 1916, foi um dos países pioneiros nos trabalhos com recursos genéticos do coqueiro, através das atividades de coleta, introdução, conservação, caracterização e avaliação de germoplasma de coco e nos trabalhos de melhoramento, especificamente no de desenvolvimento de coqueiros híbridos mais produtivos e resistentes a doenças. O primeiro híbrido Indiano foi lançado em 1937, resultante do cruzamento da variedade anão verde de Chowghat com gigante da Costa Oeste da Índia, que se tornou de grande importância não para só para Índia, mas também para outros países como Filipinas, Indonésia, Sri Lanka e Jamaica. Até meados da década de 50, a produção de híbridos intervarietais anão x gigante foi prioritário e mais de 90 híbridos foram produzidos usando diferentes combinações entre essas variedades (RATNAMBAL; NAIR, 1994).

Nas Filipinas os programas de melhoramento de coqueiro objetivam o aumento da produção de copra e óleo por unidade de área e o desenvolvimento de variedades adaptadas, resistentes a pragas, doenças e a estresses ambientais, como seca e ventos fortes (SANTOS; RIVERA, 1994). Já no México o programa de melhoramento tem priorizado variedades que sejam resistentes ao amarelecimento letal (LYD). Em pesquisas realizadas em locais como Yucatán, no México, Jamaica e Florida, foi identificado que o anão amarelo da Malásia apresentava alta resistência ao LYD (MORIN, 1994). Dessa forma, na Jamaica são priorizados cruzamentos entre essa variedade e a variedade de gigante, como o gigante da Jamaica ou gigante do Panamá,

com objetivo de desenvolver variedades resistentes ao amarelecimento letal do coqueiro e que atendam as necessidades comerciais (WALLACE, 1994) e agroindustriais.

No Brasil, os objetivos das atividades do melhoramento genético do coqueiro, têm sido relacionados ao aumento da produção e da qualidade da polpa, da água de coco e do óleo, resistência a pragas, a estresse ambiental e adaptação a diferentes condições agroecológicas e ecogeográficas do país (ARAGÃO, 2002a; PASSOS, 2007). De acordo com Ribeiro et al. (1999) o melhoramento genético do coqueiro está sendo conduzido utilizando-se, principalmente, a seleção massal, teste de progêneres e obtenção de híbridos. Dentre trabalhos visando melhoramento da cultura no Brasil, pode-se citar Melo et al. (2005), Marcilio et al. (2001), Souza et al. (2005), Ribeiro et al. (1999), Farias Neto et al.(2009).

Os híbridos (anão x gigante) apresentam porte médio, atingindo 20 m de altura, iniciando a emissão de inflorescências com 3 e 4 anos de idade produzindo, em média, 120 a 150 frutos/planta/ano, de tamanho médio, quando comparados aos seus parentais. Os híbridos apresentam maior estabilidade e uniformidade de produção quando submetidos a diferentes ambientes ecológicos em relação aos seus parentais. No entanto, é válido ressaltar que apesar de suas inúmeras vantagens, os híbridos possuem vida útil econômica inferior ao gigante, florescimento ligeiramente tardio em relação ao anão e impossibilidade de uso de suas sementes (F2) para ampliação da área de cultivo devido ao fenômeno de segregação genética, que ocasiona a não uniformidade da cultura, o que é inviável ao produtor (MELO et al., 2005).

O crescente consumo de água de coco em todo país e a possibilidade de exportação para alguns países europeus teve como consequência a expansão do cultivo da variedade anã, devido além da maior aceitação dos frutos para consumo de água como maior valor sensorial, maiores precocidade e produção de frutos e menor altura da planta, o que favorece a colheita (ARAGÃO et al., 2002a). Dessa forma, essa variedade apresenta características que podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético do coqueiro no Brasil, seja para a seleção de plantas entre populações, seja para hibridação tanto intravarietal quanto intervariatal. De acordo com Aragão et al. (2002a) e Cambui et al. (2007) as cultivares de coqueiro anão apresentam variabilidade genética para produção de copra e para porte, sendo os anões verde e vermelho de Camarões os de menor porte em relação as demais variedades de anões.

Para acelerar o programa de seleção do coqueiro e empregar métodos de melhoramento mais adequados, é necessário estimar parâmetros genéticos, como herdabilidade tanto no sentido amplo quanto restrito, coeficiente de variação genética, índice de seleção, entre outros. Estes parâmetros permitem, além de informações quanto à natureza e número de genes envolvidos no controle dos caracteres de interesse, a predição de ganhos com a seleção e outras informações que auxiliam na escolha da melhor estratégia de melhoramento a ser adotada (RAMALHO et al., 1993; SHWENGBER; SOBRINHO, 2010). Apesar dessa importância, de acordo com Passos (2007), existem poucas informações sobre a estimativa desses parâmetros para o coqueiro.

Ao avaliarem 22 caracteres morfológicos em coqueiro anão, Cambui et al. (2007) encontraram valores altos para os coeficientes de herdabilidade para as características número de flores masculinas ($h = 91,91\%$), peso de fruto a 7 meses ($h = 93,05\%$), circunferência do estipe ($h = 93,22\%$), números de folhas emitidas ($h = 93,68\%$), comprimento da inflorescência aberta ($h = 96,92\%$), peso da fibra a 7 meses ($h = 97,03\%$), número de folhas vivas ($h = 97,32\%$) e número de inflorescência ($h = 99,29\%$). De acordo com esses autores, um coeficiente de herdabilidade alto, pode ser traduzido como uma facilidade para os melhoristas em utilizar métodos simples de melhoramento para essas características do coqueiro. Nesse trabalho, também foram observados baixos valores de herdabilidade para albúmen líquido ($h = 3,49\%$), circunferência do coleto ($h = 41,25\%$), peso da noz a 7 meses ($h = 39,34\%$), peso do coque a 7 meses ($h = 49,88\%$), peso do albúmen líquido a 12 meses ($h = 44,64\%$), números de flores femininas ($h = 40,90\%$).

Carvalho et al. (2008) avaliando seis cultivares de coqueiro anão, observaram através de parâmetros genéticos (h^2 , CVg, CVe, Iv) a existência de variabilidade genética. Foram utilizado número de folhas vivas, número de folhas mortas, número de folhas emitidas, circunferência do estipe, comprimento do estipe, número de inflorescências emitidas, número de flores femininas por inflorescência. Estes acessos foram avaliados por quatro anos, sendo que o comportamento das características apresentou-se de forma diferente entre os anos avaliados mas, em geral, os valores de CVg apresentaram-se superior aos de CVe, indicando variação genética em detrimento a ambiental.

O presente trabalho objetivou avaliar o comportamento agronômico e estimar os parâmetros genéticos entre acessos de coqueiro anão do banco ativo de germoplasma de coco da Embrapa Tabuleiros Costeiros para subsidiar o programa de melhoramento genético do coqueiro.

4. Material e Métodos

O experimento foi conduzido durante o período de junho a dezembro de 2009, em seis acessos de coqueiro anão conservados no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de coco, implantado no Campo Experimental de Itaporanga D'Ajuda, pertencente à Embrapa Tabuleiros Costeiros. Esse campo está localizado no município de Itaporanga d'Ajuda, SE, às margens da Rodovia SE 100, km 03, a 28 km de Aracaju.

O campo experimental está situado na latitude de 11°07'S e longitude de 37°11'W. O clima da região de Itaporanga d'Ajuda, segundo a classificação de köppen é do tipo A's (tropical chuvoso com verão seco). A pluviosidade média anual é de 1.250 mm O solo da área experimental é classificado como Neossolo Quartzarenó, de baixa fertilidade natural.

Os acessos foram implantados em delineamento experimental de blocos casualizados, com seis acessos (Anão Verde do Brasil Jiqui -AVeBrJ, Anão Vermelho de Camarões -AVC, Anão Vermelho da Malásia -AVM, Anão Vermelho de Gramame - AVG, Anão Amarelo de Gramame -AAG, Anão Amarelo da Malásia –AAM) em cinco repetições e 16 plantas úteis por parcela. Destas, foram avaliadas apenas 11 plantas úteis por acesso. O espaçamento de plantio foi de 7,5m x 7,5m x 7,5m em triângulo equilátero.

Foram realizados os tratos fitossanitários recomendados pela Embrapa Tabuleiros Costeiros para a cultura. Para o controle de ervas daninhas foi realizado a capina química com a aplicação de glifosato na coroa da planta, no raio de 1,5m a partir de seu estipe e roçagem mecânica entre as linhas de plantio.

4.1. Descritores Morfológicos

Para avaliação dos acessos utilizou-se a lista descritiva publicado pelo Bioversity International (IPGRI, 1995) 1. No total foram utilizados 5 descritores morfológicos vegetativos e 19 descritores morfológicos reprodutivos.

4.1.1. Vegetativos de folha

- 1) Comprimento da ráquis (CRAQ)- A medida do comprimento da ráquis foram mensurados com fita métrica, em metros, a partir da base do pecíolo até abaixo do último folíolo.
- 2) Comprimento do pecíolo (CPEC)- A medida do pecíolo foram mensurados com fita métrica, em centímetros, da base do pecíolo até a abaix da inserção do primeiro folíolo.
- 3) Número de folíolos (NFOL)- A contagem do número de folíolos presente na folha, a partir do primeiro folíolo até a abaix da folha flecha, após a contagem foi realizada a multiplicação do valor encontrado pelo numeral 2 e somado mais 1, (X.2+1).
- 4) Comprimento do folíolo (CFOL)- A medida do comprimento dos folíolos, foi mensurado com fita métrica em centímetros, utilizando seis folíolos, três de cada lado da folha, sendo estas localizadas no terço médio da folha.
- 5) Largura do folíolo (LFOL)- A medida de largura dos folíolos, foram mensurados com régua em centímetros, utilizando os mesmos seis folíolos para a mensuração do comprimento, observando a porção mais larga.

4.1.2. Reprodutivos

- 1) Número de inflorescência (NINFL)- O número de inflorescência foi avaliado pela contagem de inflorescências fechadas realizadas em observações mensais.
- 2) Número de Inflorescências abertas (NIA) - O número de inflorescências abertas foi avaliado pela contagem do número de inflorescências abertas em observações mensais.
- 3) Período entre emergência e abertura das inflorescências (DIF EXA)- O período entre emergência e abertura das inflorescências foi avaliado pelo acompanhamento em dias entre emissão e o dia de sua abertura.

- 4) Comprimento das inflorescências (CINF) – O comprimento da inflorescência foi mensurado com fita métrica, em centímetros, a partir da base do pedúnculo até o término da sua estrutura.
- 5) Comprimento do pedúnculo da inflorescência (CPED)- O comprimento do pedúnculo da inflorescência, foi mensurado com fita métrica, em centímetros, medidos pela distância entre base do pedúnculo até o surgimento do primeiro ramo floral.
- 6) Número de ramos florais (NRF)- Número de ramos florais foi obtido pela contagem de todos os ramos florais presentes na inflorescência
- 7) Comprimento médio dos ramos florais (CMRF)- A medida do comprimento médio dos ramos florais, foi mensurado com fita métrica, em centímetros, medidos pela distância entre base do ramo floral até o final de sua estrutura. Após aquisição das medidas de todos os ramos presentes na inflorescência, foi extraída a média destes comprimentos.
- 8) Número de ramos florais com flores femininas (NRFCF). A obtenção do número de ramos florais que apresentaram a presença de flores femininas foi adquirida pela contagem de número de ramos florais com presenças de flores femininas.
- 9) Número de ramos florais sem flores femininas (NRFSF)- A obtenção do número de ramos florais que apresentaram sem de flores femininas foi adquirida pela contagem de número de ramos florais com ausência de flores femininas.
- 10) Número de flores masculinas por ramo floral (NFMRF)- A obtenção do número de flores masculinas por ramo floral, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores masculinas e número de ramos florais da mesma inflorescência.
- 11) Número de flores femininas por ramo floral (NFFRF)- A obtenção do número de flores femininas por ramo floral, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores femininas e número de ramos florais da mesma inflorescência.
- 12) Número total de flores femininas (NFFEM)- A obtenção do número total de flores femininas por ramo floral, foi adquirido pela contagem da presença de flores femininas nos ramos florais da mesma inflorescência.
- 13) Número total de flores masculinas (NFMAS)- A obtenção do número total de flores masculinas, foi adquirido pela somatório da contagem de flores masculinas nos ramos florais da mesma inflorescência.

- 14) Número de flores masculinas por flores femininas (NFFEMxNFMAS)- A obtenção do número de flores masculinas por flores femininas, foi adquirido pelo quociente entre o número de flores masculinas e flores masculinas da mesma inflorescência.
- 15) Fase de concordância negativa (FAC (-) - A obtenção da fase de concordância negativa, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando a ocorrência de concordância entre os períodos de receptividade das flores femininas e flores masculinas.
- 16) Fase de concordância positiva (FAC (+) -A obtenção da fase de concordância positiva, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando a não ocorrência de concordância entre os períodos de receptividade das flores femininas e flores masculinas.
- 17) Duração do ciclo reprodutivo (DUCR)- A obtenção da duração do ciclo reprodutivo, foi adquirido por meio de acompanhamento diário, observando desde o início do ciclo reprodutivo até o seu término.
- 18) Duração da fase reprodutiva feminina (DUFFEM)- A obtenção da duração da fase reprodutiva feminina, foi adquirida por meio de acompanhamento diário, observando o início e finalização da receptividade de suas flores femininas.
- 19) Duração da fase reprodutiva masculina (DURMAS)- A obtenção da duração da fase reprodutiva masculina, foi adquirida por meio de acompanhamento diário, observando o início e finalização da receptividade de suas flores masculinas.

4.2 - Análises Estatísticas

Devido a diferenças de desenvolvimento e replantio entre e dentro dos acessos, a coleta e análise dos dados foi procedida como blocos incompletos. Foi realizada a análise de variância para cada característica avaliada com base na média dos acessos através do programa estatístico computacional SAS, sendo essas médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

O modelo estatístico (CRUZ et al., 2006), utilizado:

$$Y_{ij} = \mu + B_{ij} + G_i + e_{ij}$$

em que:

- Y_{ij} = valor observado do i-ésimo acesso no j-ésimo bloco;
- μ = média geral;
- B_{ij} = efeito fixo do j-ésimo bloco ($j=1,2,\dots,b$);
- G_i = efeito fixo do i-jésimo genótipo ($i=1,2,\dots,g$);
- e_{ij} = erro aleatório associado à observação Y_{ij} NID ($0, \sigma^2$).

O esquema de análise de variância encontra-se no quadro 1

QUADRO 1. Esquema de análise de variância

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)	F
Blocos	b-1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Acesso	a-1	QMA	$\sigma^2 + b\Phi_g$	SQA/SQR
Resíduo	(b-1)(a-1)	QMR	σ^2	
Total	ba-1			

A partir das esperanças dos quadrados médios foram estimados o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, (h^2), coeficiente de variação genética (CVg), coeficiente de variação ambiental (CVe) e razão entre o coeficiente variação genética e coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe), (CRUZ; REGAZZI, 2004).

5. Resultados e Discussão

De acordo com o resumo da análise de variância (TABELA 5), entre os 24 descritores avaliados, apenas para número de folíolos (NFOL), comprimento do folíolo (CFOL), número de ramos florais (NRF), número de inflorescência (NINFL), duração do ciclo reprodutivo (DURC) e duração da fase reprodutiva masculina (DURMAS), ocorreram diferenças significativas entre os acessos pelo teste F a 1% de probabilidade e para os descritores período entre emergência e abertura das inflorescências (DIF ExA) e largura do folíolo (LFOL), diferenças significativas pelo teste F a 5% de probabilidade. Para os demais descritores não houve diferenças significativas entre acessos pelo teste F.

Esses resultados estão de acordo com aqueles encontrados com os trabalhos utilizando as mesmas cultivares de coqueiro, tanto de Cambui (2007), que verificou diferença significativa pelo teste F a $p \leq 0,01$ para NINF e não significância para NFFEM, Pedroso et al. (2007) e Ramos et al. (2004), os quais observaram não significância por esse mesmo teste para os descritores NFFEM e NFMAS, e CRAQ, respectivamente.

TABELA 5- Resumo das análises de variância para os descritores morfoagronômicos avaliados de seis acessos de coqueiro anão do BAG de coco do CPATC. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009.

Descritores	QM	
	Acessos	Erro
CRAQ	103028,0 ^{NS}	33813,9
CPEC	43,37 ^{NS}	26,88
NFOL	193,1**	5,13
CFOL	218,4**	16,8
LFOL	0,109*	0,017
CINF	191,30 ^{NS}	83,05
CPED	91,45 ^{NS}	24,10
NFMAS	5797978,6 ^{NS}	1362460,4
NFFEM	5450,39 ^{NS}	1660,5
NRF	38,56**	4,67
NRFSF	4,15 ^{NS}	10,30
NRFCF	41,29 ^{NS}	24,94
CMRF	38,56 ^{NS}	4,67
NFFRF	4,84 ^{NS}	1,64
NFMRF	2611,01 ^{NS}	918,8
NFFEMXNFMAS	4412,34 ^{NS}	9766,4
FAC (-)	3,02 ^{NS}	0,78
DUFMAS	8,99**	0,56
DUFFEM	3,18 ^{NS}	0,93
DURC	9,12**	0,64
DIF EXA	47,44*	7,47
NIA	0,05 ^{NS}	0,02
NINFL	0,94 **	8,06

NS – não significativo; * - significativo a de 5% de probabilidade pelo teste F; **- significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F.

Os valores médios tanto para CRAQ quanto para CPEC (TABELA 6) foram semelhantes entre os acessos de coqueiro anão, indicando que o melhoramento genético entre esses acessos, para reduzir o tamanho da folha do coqueiro anão para aumentar a sua densidade de plantio, ou ainda no caso do CPEC, para diminuir o seu tamanho para melhorar o suporte do cacho de sementes ou de frutos, com reflexo significativo na

produção de sementes ou frutos, será difícil. Entretanto, os dados para o descritor CRAQ, não estão de acordo com os resultados de Passos e Passos (2003), os quais avaliando a folha de número 3 observaram que os anões AVG (4,7 m) e AAG (4,6 m) apresentaram os maiores CRAQ, inclusive não diferindo entre si, mas sendo superiores ao AVC (4,4 m) e AVeJ (3,8 m) pelo teste de Tukey a $p \geq 0,05$. A discordância entre os resultados entre o presente trabalho e Passos e Passos (2003), podem ter ocorrido devido a diferenças entre a idade, ambiente e a folha analisada.

TABELA 6- Dados médios para comprimento da ráquis (CRAQ), comprimento do pecíolo (CPEC), número de folíolos (NFOL), comprimento do folíolo (CFOL) e largura do folíolo (LFOL) avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009.

Acessos	CRAQ	CPEC	NFOL	CFOL	LFOL
AVeBrJ	4148,33 a	109,32 a	192,00 a	108,88 a	4,60 b
AVC	3652,01 a	107,48 a	166,46 d	82,56 c	5,00 a
AVM	4156,10 a	115,33 a	180,71 b	106,26 a	4,55 b
AVG	3947,33 a	108,57 a	178,33 bc	102,92 a	4,51 b
AAG	3632,51 a	105,77 a	169,46 d	87,22 bc	4,83 a
AAM	4123,10 a	119,14 a	175,21 c	96,84 c	5,00 a
Média Geral	3943,23	110,94	177,03	97,45	4,75

O AVeBrJ apresentou em média, o maior valor para NFOL (192,00), diferindo dos demais acessos. Para esse descritor, os AVG (178,33) e AVM (180,71) apresentaram valores intermediários, enquanto o AAG (169,46) e AVC (166,46) os menores valores. Esse valores são maiores em relação aos observados por Passos et al. (2006), onde o acesso AVeBrJ obteve 168 folíolos e o AVG 164 folíolos.

No tocante ao CFOL, também o AVeBrJ (108,88 cm) apresentou o maior comprimento juntamente com os AVG (102,92 cm) e AVM (106,26 cm), inclusive não diferindo entre si, mas sendo superiores por esse teste aos AAG (87,22 cm), AAM (96,84 cm)e AVC (82,56 cm), os quais apresentaram os menores valores. Esses resultados estão de acordo com os observados por Aragão et al. (1998) para CFOL, os quais determinaram que os AVeBrJ e AVG não diferem par esta característica, mas diferem do AAG; e com o de Alves et al. (2007), para esse descritor avaliado na folha de número 3, cujos acessos AVM, AVG e AVeBrJ não diferiram entre si, mas diferiram dos anões AVC e AAM.

Para LFOL, o AVC (5,00cm), AAG (4,83cm) e AAM (5,00cm) foram estatisticamente iguais, mas superiores aos demais acessos AVG (4,51cm), AVM (4,55cm) e AVeBrJ (4,60cm). Passos (2007) avaliando a folha 14 de diversas cultivares de coqueiro anão, também observaram resultados semelhantes, isto é, os anões AAM e AVC no mês de dezembro, além de apresentarem os maiores valores para LFOL, não diferiram entre si, mas foram superiores ao AVeBrJ.

O período entre a data de emissão da inflorescência e o dia de sua abertura natural (DIF E X A), foi em média, de 68,12 dias, sendo maior nos anões AAM (74,74 dias), AAG (69,88 dias) e AVeBrJ (69,96 dias), os quais não diferiram entre si, mas diferiram do AVC (66,93 dias), AVM (65,44 dias) e principalmente do AVG (61,80 dias), que apresentaram menor período entre o processo de lançamento e abertura da inflorescência (TABELA 7). Esses resultados estão de acordo com Miranda Junior (1948), que segundo o qual, as inflorescências apresentaram entre 60 a 70 dias entre a emissão e a abertura.

TABELA 7- Dados médios para o período em dias entre a emergência e a abertura da inflorescência (DIF E x A), número de inflorescência (NINF), número de inflorescência aberta (NIA), comprimento do pedúnculo (CPED) e comprimento da inflorescência (CINF), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009.

Acessos	DIF E X A	NINF	NIA	CINF (cm)	CPED (cm)
AVeBrJ	69,96 a	3,91 b	0,76 a	119,97 a	46,09 a
AVC	66,93 b	3,32 c	0,53 a	120,65 a	52,78 a
AVM	65,44 b	3,59 bc	0,77 a	115,14 a	42,40 a
AVG	61,80 c	3,34 c	0,63 a	107,74 a	38,72 a
AAG	69,88 ab	4,20 b	0,58 a	95,68 a	33,43 a
AAM	74,74 a	5,11 a	1,02 a	117,08 a	42,97 a
Média Geral	68,12	3,91	0,72	112,71	42,73

A emissão de inflorescência é um descritor importante, pois está ligado diretamente a produção de frutos ou de sementes. Apesar do maior período entre a emissão e abertura da inflorescência, o AAM (5,11) foi o acesso que apresentou o maior NINF, diferindo pelo teste de Tukey a $p \geq 0,05$ entre todos os demais acessos de anão. Os acessos AAG (4,20) e AVeBrJ (3,91) apresentaram valores intermediários, apesar de não diferirem do AVM (3,59), do AVG (3,34) e do AVC (3,32), os quais apresentaram os menores números de inflorescências emitidas. Entretanto, apesar desses resultados, nem sempre ocorreu uma relação positiva dos acessos entre os descritores NINF e NIA,

isto é, nem sempre os acessos que apresentaram maiores NINF, apresentaram também maiores NIA.

No tocante aos CINF e CPED, não houve diferenças estatísticas entre os acessos, apesar de ter sido observado tendência do AVC (120,65 cm e 52,78 cm) seguido do AVeBrJ (119,97 cm e 46,09 cm), apresentarem os maiores valores (TABELA 7). Cambuí (2007), comparando diversas cultivares de coqueiro, observou os valores de CINF determinados no AVeBrJ (80,00 cm) e AVC (79,18 cm) nas condições dos tabuleiros costeiros de Neópolis/SE, foram menores. Sabe-se que manejo inadequado ou deficitário pode interferir em sua capacidade vegetativa, reprodutiva e produção, o que provavelmente ocorreu neste caso, em consequência do emprego não sistemático de manejo.

O NRF contido na inflorescência dos anões foi em média de 24,03. Os acessos AVeBrJ (28,66) e AAM (26,55) apresentaram os maiores números de NRF, não diferindo entre si pelo teste de Tukey a $p \leq 0,05$, mas diferindo por esse teste dos anões AVG, AVM e AAG com valores intermediários e principalmente do AVC (17,05) cujo número médio de NRF foi bem menor (TABELA 8).

TABELA 8- Dados médios para número de ramos florais (NRF), relação entre número de flores masculinas por número de flores femininas (NFMASC/NFFEM), número de flores masculinas (NFMAS), número de flores femininas (NFFEM), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009.

Acessos	NRF	NFMASC/NFFEM	NFMAS	NFFEM
AVeBrJ	28,66 a	145,60 a	7146,66 a	152,00 a
AVC	17,05 c	128,93 a	3646,71 a	41,23 a
AVM	24,05 b	86,53 a	4794,71 a	71,31 a
AVG	22,33 b	125,76 a	3987,66 a	53,00 a
AAG	23,55 b	206,32 a	4916,21 a	47,23 a
AAM	28,55 a	57,12 a	7427,21 a	137,81 a
Média Geral	24,03	125,04	5319,86	83,76

Nos ramos florais estão situadas normalmente as flores masculinas nos dois terços superiores e as flores femininas no terço inferior ou na base do ramo. Esses dois órgãos são de grande importância reprodutiva e, consequentemente, estão ligados diretamente a produção de frutos do coqueiro. As flores masculinas são numerosas e menores, enquanto as femininas são poucas e grandes. O NFFEM varia entre as cultivares de coqueiro conforme o manejo, tratos culturais, adubação, irrigação e época

do ano. Neste trabalho, apesar de não ocorrer diferença estatística entre os acessos, os anões AVeBrJ (7146,66 e 152,00) e AAM (7427,21 e 137,81) apresentaram maior número de NFMAS e NFFEM. O AVC (3646,71 e 41,23) apresentou nestes caracteres (NFMAS e NFFEM) valores que representaram a metade dos acessos anteriores (Tabela 8). Estes resultados podem ter sido influenciados pelo caráter NRF, pois quanto maior número de ramos florais, provavelmente maior número de flores presente na inflorescência, e que também pode ser explicado pela diferença de desenvolvimento entre os acessos avaliados.

Para o caráter NFMAS, os acessos AAM (7427,21) e AVC (3646,71) foram concordantes com Cambuí (2007), apresentando maior e menor valor, assim como o NFFEM, com os acessos AVeBrJ (152,00) e AVC(41,23).

A relação NFMAS/NFFEM é relativamente alta, independentemente da cultivar de coqueiro, e nesse trabalho variou de 206,32 no AAG a 57,12 no AAM, apesar de não ocorrer diferenças significativas, entre os acessos avaliados. O coqueiro na sua partição de energia emprega muita energia para garantir tanto a autofecundação no caso dos acessos de anão, quanto os cruzamentos entre e dentro das cultivares de anão e entre anão x híbrido e nos cruzamentos intervarietais anão x gigante. Provavelmente, o ideotipo de uma inflorescência de coqueiro, seria conter bem menos flores masculinas e maior número de flores femininas para repartir melhor a distribuição de sua energia, além de aumentar a possibilidade de produzir um número mais adequado de frutos ou de sementes por ano, independentemente da maior ou menor aplicação de tecnologia.

Entre os NRF presentes na inflorescência, normalmente 91,84% apresentam flores femininas. Os acessos que apresentaram maiores valores para o caráter NRFCF foram os AVeBrJ (26,03) e AAM (28,47) e maiores NRFSF o AAG (4,17), apesar de não ter ocorrido diferenças significativas. O acesso com menor NRFSF foi o AAM (0,013) (TABELA 9). No trabalho de Cambuí (2007), o AVC apresentou o menor NRFSF (3,4).

TABELA 9- Dados médios para relação entre número de ramos florais com flores femininas (NRFCF), número de ramos florais sem flores femininas (NRFSF) e duração do ciclo reprodutivo em dias (DUCR) e duração da fase reprodutiva masculina (DURMAS), avaliados em acessos de coqueiro anão. Itaporanga D’ajuda, Sergipe, 2009.

Acessos	NRFCF	NRFSF	DUCR	DUFMAS
AVeBrJ	26,03 a	2,63 a	22,66 a	22,66 a
AVC	15,83 a	1,30 a	16,96 d	16,90 d
AVM	23,28 a	0,92 a	19,63 b	20,15 b
AVG	19,69 a	2,75 a	19,33 bc	19,33 c
AAG	19,38 a	4,17 a	20,96 b	20,90 b
AAM	28,47 a	0,013 a	21,63 a	21,65 a
Média Geral	22,11	1,96	20,20	20,27

O conhecimento da fase reprodutiva dos acessos de anão é de grande importância para os trabalhos de melhoramento, principalmente, para programas de hibridação, tanto intravarietal quanto intervarietal. O início da fase reprodutiva coincide normalmente com o dia da abertura natural da inflorescência, quando flores masculinas localizadas na extremidade dos ramos florais já se encontram aptas para realizar a polinização, fecundação e fertilização de flores femininas situadas em inflorescências de outras plantas da população. O final ocorre com a abertura, liberação do pólen e queda da última flor masculina, no caso dos anões ou receptividade da última flor feminina, no caso dos gigantes. Nesse trabalho, observa-se na Tabela 9, que os anões AVeBrJ (22,66 dias) e AAM (21,63 dias) apresentaram as maiores DUCR, e deferiram dos demais acessos e principalmente do AVC (16,96 dias) o qual apresentou o menor DUCR.

Os acessos avaliados o AVeBrJ (22,66) e AAM (21,65) apresentaram as maiores médias em dias para DURMAS, apesar não diferirem entre si, mas diferirem dos demais acessos. E o AVC apresentou menor DURMAS entre os acessos avaliados (TABELA 9).

O estudo de parâmetros genéticos como herdabilidade, principalmente no sentido restrito por envolver genes aditivos, coeficiente de variação genética e índice de variação (Iv), é de grande importância nos trabalhos de melhoramento do coqueiro, pois expressa o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do valor genético. Quando os valores do coeficiente de herdabilidade são considerados altos, indicam a presença de variabilidade genética (EUCLIDES FILHO, 2010). Ao observar a Tabela 10, verifica-se que, com exceção dos descritores NRFCF ($h^2 = 0,38\%$) CPEC ($h^2 =$

0,40%) cujas estimativas da herdabilidade no sentido restrito foram relativamente menores, para os demais descritores NIE, CESPT, NFMRF, NFFRF, CRAQ, NFF, DUFF, FAC (-), CPED, NFM, LFOL, DIF ExA, CMRF, NINF, CFOL, DURC, DUFM, NFOL e NRF a herdabilidade foi alta, indicando a existência de variabilidade genética nos acessos de coqueiro anão para esses caracteres. Esses resultados evidenciam também que os melhoristas podem ter grande sucesso na seleção desses caracteres, empregando métodos de melhoramento mais simples, como a seleção massal.

TABELA 10- Estimativas da herdabilidade no sentido restrito (h^2), coeficiente de variação genética (CVg), coeficiente de variação ambiental (CVe) e razão entre coeficiente variação genética e coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe) de caracteres vegetativos, morfológicos e reprodutivos de acessos de coqueiro anão do BAG de coco. Itaporanga D'ajuda, Sergipe, 2009.

Descritores	Parâmetros			
	$h^2(\%)$	CV _g (%)	CV _e (%)	CV _g /CV _e
CRAQ	0,67	0,12	4,66	0,03
CPEC	0,37	2,11	4,67	0,45
NFOL	0,97	7,81	1,28	6,10
CFOL	0,92	14,97	4,21	3,56
LFOL	0,76	6,77	2,74	2,47
CESPT	0,56	11,35	8,09	1,40
CPED	0,73	21,37	11,49	1,86
NFMAS	0,76	43,45	21,94	1,98
NFFEM	0,69	83,55	48,65	1,72
NRF	0,97	25,31	8,99	2,82
NRFSF	0,148	73,05	163,74	0,45
NRFCF	0,39	25,97	22,59	1,15
CMRF	0,87	14,53	9,13	1,59
NFFRF	0,66	63,17	39,04	1,62
NFMRF	0,64	22,38	14,13	1,58
NFFEMXNFMAS	0,121	27,20	79,03	0,34
FAC (-)	0,73	41,12	21,86	1,88
DUFMAS	0,93	14,64	3,96	3,97
DUFFEM	0,70	42,35	24,11	1,76
DURC	0,92	14,93	3,96	3,77
DIF EXA	0,84	9,84	4,01	2,45
NIE	0,50	13,89	19,64	0,71
NINFL	0,91	24,40	7,67	3,18

Em geral, os valores altos de herdabilidade estimados nesse trabalho estão de acordo com os estimados por Aragão et al. (2001b) em trabalho com coqueiro anão para os caracteres NFF ($h^2 = 0,87\%$), NRFSFF ($h^2 = 0,92\%$), NFFRF($h^2 = 0,93\%$), NFM ($h^2 =$

0,94%), CMRF ($h^2 = 0,95\%$), e NFMRF ($h^2 = 0,96\%$), Cambuí et al (2007) para os descritores NRFSFF ($h^2 = 0,74\%$), NFFRF ($h^2 = 0,77\%$), NFM ($h^2 = 0,92\%$), e NINF ($h^2 = 0,99\%$), Carvalho (2008) para NINF ($h^2 = 0,91\%$) e Pedroso et al. (2007) para os caracteres NRFSFF ($h^2 = 0,77\%$), NFM ($h^2 = 0,69\%$) e NRF ($h^2 = 0,63\%$), os três últimos trabalhando com diferentes cultivares de coqueiro. Entretanto, como as estimativas de herdabilidade só têm importância para o local onde o trabalho de melhoramento está sendo desenvolvido, é relativamente comum encontrar valores diferentes de herdabilidade de trabalhos conduzidos em outros locais ou regiões.

Os resultados de Aragão et al. (2001) discordam do valor da herdabilidade estimado para NRFCF ($h^2 = 0,93\%$) que foi alto, Cambui et al. (2007) e Pedroso et al. (2007) cujos valores de herdabilidade para NFF foram relativamente baixos, mas alto nesse trabalho. Sabendo-se que a herdabilidade em sentido restrito é válido para os locais avaliados, esta diferença ocorreu devido à diferença entre os locais execuções das pesquisas.

Para as características NFOL, CFOL, LFOL, CPED, NFMAS, NRF, CMRF, DURC, DUFMAS, DIF ExA, NINFL foram observados altos valores para coeficientes de herdabilidade (h^2), coeficiente de variação genética (CVg) e índice de variação (CVg/CVe) e baixos valores para o coeficientes de variação (CVe). De acordo com Oliveira (2010), em geral, componentes de variância genotípica é causado pelas diferenças genotípicas entre os indivíduos, logo, um valor elevado deste componente, informa uma ampla variabilidade genética, o que é interessante para a identificação de genótipos mais superiores para programas de melhoramento.

Para as características NRFCF e NIE observou-se de forma geral, que a h^2 , o CVg, e o Iv estimados, apresentaram valores mais baixos os menores que o coeficiente de variação, indicando que estes caracteres são afetados pelas condições ambientais, demonstrando assim a necessidade de maior controle ambiental visando minimizar a influencia do meio no processo de discriminação dos genótipos.

Avaliando diversas características formado em acessos de coqueiro anão desse trabalho, no platô de Neópolis/SE, Carvalho et al. (2008) concluíram através das estimativas de CVg, CVe e CVg/CVe, a existência de variabilidade genética. Os valores de CVg estimados no primeiro ano para as características: número de folhas vivas (NFV), número de flores femininas (NFE), número de flores masculinas (NFM), número de inflorescências emitidas (NIE) e número de flores femininas emitidas por inflorescência (NFFI) foram maiores que os valores de CV, indicando a existência de

variabilidade em detrimento da influencia ambiental e confirmadas pela relação CVg/CVe. No segundo ano, a variabilidade para as características número de folhas vivas (NFV), número de flores femininas (NFE), circunferência do estipe (CIRCE), comprimento do estipe (CE) e número de flores femininas emitidas por inflorescência (NFFI) foi devida, essencialmente, a causas genéticas, tendo em vista os valores expressos pela relação CVg/CVe. No terceiro ano os coeficientes de variação genética (CVg) foram elevados para todas as características e superiores ao CVe, pela relação CVg/CVe para NFV, CIRCE, CE, NIE e NFFI. No último ano foram registrados valores elevados de CVg para todas as características, sendo superiores ao CVe com relação à NFV, NFE, CIRCE, CE e NIE.

De acordo com Faleiro et al. (2001), para se ter uma idéia real da situação de cada característica visando o melhoramento, é necessário analisar o CVg, juntamente com CVe, por meio da relação CVg/CVe e, ou seja, analisando o índice de variação de cada característica, que deve ser maior do que a unidade, indicando presença de ampla variabilidade genética.

Observou-se que NFFEM, NFFRF, FAC (-), DUFFEM apresentaram altos h^2 , CVg, e Iv, mas também apresentaram valores elevados para CVe, indicando para estas características uma forte influência ambiental.

As características NRFSF, NFFEM X NFMAS obtiveram elevados valores de herdabilidade ($h^2 = 0,148$; $h^2 = 0,121$) e apresentaram também os menores valores do índice de variação ($Iv= 0,45$; $Iv= 0,34$). O número de flores femininas por flores masculinas e número de flores masculinas por ramo floral apresentaram-se fortemente influenciada ambientalmente devido ao valor elevado do coeficiente de variação ambiental ($CV= 79,03$; $CV= 163,74$).

A variância causada pelo ambiente que, por definição, engloba toda a variedade de origem não genética pode ter uma grande variedade de causas, e a sua natureza depende muito do caráter e do organismo estudado. Em geral, a variância causada pelo ambiente é uma fonte de erro, que reduz a precisão dos estudos genéticos e o objetivo do pesquisador ou melhorista é, consequentemente, reluzi-la (FALCONER, 1987).

Os coeficientes de variação estimados para a maioria dos caracteres foram baixos ou médios, indicando boa precisão experimental (Tabela 10). Para as características NFMAS (21,62%), NRFCF (22,50%), FAC (-) (22,28%), DURFEM (24,55

%) E NIA (24,30%), NFFEM (49,69%), NRFSF (144,16%), NFFRF (40,53%) NFEMXNFMAS (73,30%), os coeficientes de variação foram altos.

6. Conclusões

- Os caracteres: número de folíolos, comprimento do folíolo, largura do folíolo, comprimento do pedúnculo, número de flores masculinas, número de ramos florais, comprimento médio dos ramos florais, duração do ciclo reprodutivo, duração da fase reprodutiva masculina, período entre emergência e abertura das inflorescências e número de inflorescência dispõem de alta variabilidade genética, possibilitando êxito no melhoramento do coqueiro empregando métodos de seleção mais simples, como a seleção massal;
- O acesso Anão Verde Jiqui do Brasil apresenta as maiores médias quanto: número de folíolos, comprimento do folíolo, número de ramos florais, duração do ciclo reprodutivo e duração da fase reprodutiva masculina, indicando bom desenvolvimento vegetativo e reprodutivo;
- O Anão Vermelho de Camarões apresenta as menores médias quanto características vegetativas e reprodutivas, sendo que a característica duração ciclo reprodutivo, o qual obteve o menor valor é de interesse para o melhoramento;
- Os acessos Anão Vermelho de Gramame e Anão Vermelho da Malásia se comportam para a maioria das características bastante semelhante, divergindo na duração da fase reprodutiva masculina;
- Os caracteres número de ramos florais com flores femininas e número de inflorescências abertas apresentam-se influenciável pelo ambiente, indicando necessidade de maior controle ambiental destas características.

7. Referências Bibliográficas

- ALVES, A.S et al. Características morfológico-vegetativas de cultivares de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, n.3, 2007.
- ARAGÃO, W. M et al. Variabilidade e correlações entre caracteres morfológicos reprodutivos em cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera* L., Var. NANA). **Agrotrópica**, Ilhéus, v. 13, n. 1, p. 27-32. 2001.
- ARAGÃO, W. M.; et al. Florescimento, produção e composição morfológica de frutos de cultivares de coqueiro. **Agrotrópica**, Ilhéus, v. 14, n.3, p.151 - 158. 2002a.
- ARAGÃO, W. M.; COSTA, A.S.; VASCONCELOS, K. **Avaliação de cultivares de coqueiros no litoral Norte do Ceará**. Aracaju: Embrapa- CPATC, 1998 (Pesquisa em andamento nº 67).
- ARAGÃO, W. M. et al. **Coco pós- colheita**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002, p.76 (Série Frutas do Brasil, 29).
- CAMBUI, E.V.F. **Diversidade genética entre cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera* L., VAR NANA) no Platô de Neópolis/SE**. 2007. 67 f. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristovão, 2007.
- CAMBUI, E. V. F.; ARAGÃO, W.M; LEAL, M. L. S. Variabilidade genética entre cultivares de coqueiro anão (*Cocos nucifera*, L.- Var. Nana). **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v.5, supl.1, p.165-167, jul. 2007.
- CARVALHO, E. X. et al. Variabilidade e comportamento de cultivares de coqueiro anão nos Tabuleiros Costeiros do norte de Sergipe. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n.1, p. 91-100, 2008.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa. UFV, 2004. 480p.
- DAHER, R.F.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de coeficientes de repetibilidade de caracteres forrageiros em clones de capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 26, n. 4, p. 483-490, 2004.
- EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil**: fundamentos, história e importância. Disponível em:
<http://www.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html>. Acesso em: 05 abr 2010.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, Ed. Impr. Univ., 1987, 279p.

FALEIRO, F.G et al. Caracterização de variedades clonais de *Theobroma cacao* L com base em marcadores RAPD, AFLP e microssatélites. **Agrotrópica**, v.13, n.2, p. 79-86, 2001.

FARIAS NETO, J.T. et al. Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 190-196, 2009.

IPGRI. **Descriptors for Coconut (*Cocos nucifera* L.)**. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 68p. 1995.

MARCILIO, H.C. et al. Avaliação de caracteres vegetativos de híbridos de coqueiro (*cocos nucifera* L.) na região não pantanosa do município de Poconé, MT. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 437-440, 2001.

MELO, M.F.V et al. **Avaliação de caracteres do fruto do híbrido de coqueiro anão verde do Brasil de Una x Gigante do Oeste Africano**. Aracaju: Embrapa- CPATC, 2005 (Comunicado Técnico nº41).

MIRANDA JÚNIOR, J.P. **O Coqueiro Anão**. Rio de Janeiro: SIA, 1948. 57p

MORIN, J.A. Coconut breeding programme in México. In: BATUGAL, P.A; RAO, V.R; Coconut Breeding. Papers presented at a WORKSHOP ON STANDARDIZATION OF COCONUT BREEDING RESEARCH TECHNIQUES,CÔTE D'IVORE, 1994. p. 135-141.

OHLER, J.G. **Coconut, tree of life**. Rome: FAO, 1984. 446p. (FAO. Plant Production and Protection Paper, 57).

OLIVEIRA, M.S.P. **Caracterização molecular e morfoagronômica de germoplasma de açaizeiro**. Disponível em:
<http://www.prpg.ufla.br/genetica/Disserta% E7% F5es% 20e% 20Teses/TESE% 20Maria% 20do% 20Socorro.pdf>. Acesso em: 02 fev 2010.

PASSOS, C. C. **Comportamento de cultivares de coqueiro anão (*cocos nucifera* L.) nos tabuleiros costeiros do norte de Sergipe**. 2007. 74p. Dissertação (Mestrado em Agroecossistemas) – Universidade Federal de Sergipe, São Cristovão, 2007.

PASSOS, C. D.; PASSOS, E. E. M.; **Aspectos morfológicos do caule e da folha do coqueiro anão (*Cocos nucifera* L.)**. Aracaju: Embrapa – CPATC, 2003 (Comunicado Técnico nº13).

PASSOS, E. E. M. et al. **Avaliação de quatro genótipos e coqueiro na região noroeste de São Paulo**. Aracaju: Embrapa- CPATC, 2006 (Comunicado Técnico nº54).

PEDROSO, G.T.; SANTOS, H. C.; ARAGÃO, W.M. **Características da inflorescência de Cultivares de Coqueiro nas épocas secas e chuvosas do ano**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2007 (Boletim de Pesquisa e desenvolvimento nº 21).

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas:** aplicações no melhoramento do feijoeiro. Goiânia:UFG, 1993. 271p.

RAMOS, V.H.V et al. Comportamento de cultivares de coqueiros anão e híbridos no Distrito federal. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n. 2, p. 363-365, 2004.

RATNAMBAL, M.J.; NAIR, M.K.; National coconut breeding programme in India. In: BATUGAL, P.A; RAO, V,R; Coconut Breeding. Papers presented at A WORKSHOP ON STANDARDIZATION OF COCONUT BREEDING RESEARCH TECHNIQUES,CÔTE D'IVORE, 1994. p. 1-14.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A.R.; RAMALHO, M.A.P. Divergência entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.9, p.1615-1622, 1999.

SANTOS, G.A; RIVERA, R.L. Coconut breeding programme of the Philippines. In: BATUGAL, P.A; RAO, V,R; Coconut Breeding. Papers presented at a WORKSHOP ON STANDARDIZATION OF COCONUT BREEDING RESEARCH TECHNIQUES,CÔTE D'IVORE, 1994. p.42-58.

SHWENGBER, E.B.; SOBRINHO, E.B. **Estimativas de parâmetros genéticos em características produtivas da raça holandesa.** Disponível em: <http://www.cnpgc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html>. Acesso em: 18 abr 2010.

SOUZA, H.U.; NOGUEIRA, C,C,P. **Comportamento de Híbridos de coqueiro nos Tabuleiros Costeiros do Piauí.** Teresina: Embrapa Meio Norte, 2005 (Boletim de pesquisa e desenvolvimento nº 61)

WALLACE, M.M. Coconut breeding programme in Jamaica. In: BATUGAL, P.A; RAO, V,R; Coconut Breeding. Papers presented at a WORKSHOP ON STANDARDIZATION OF COCONUT BREEDING RESEARCH TECHNIQUES,CÔTE D'IVORE, 1994. p.142-146.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

De acordo com os resultados obtidos no presente trabalho:

- Os acessos Anão Vermelho de Camarões e Anão Amarelo da Malásia são os mais divergentes entre os acessos avaliados, enquanto os acessos Anão Verde Jiqui do Brasil e Anão Amarelo da Malásia são os mais similares, comprovando observações realizadas em campo;
- Os resultados obtidos dos dados qualitativos, quantitativos e da análise conjunta, demonstraram a eficiência da utilização da análise multivariada na avaliação dos acessos;
- Os Acessos Anão Verde Jiqui do Brasil e Anão Vermelho de Camarões podem ser utilizados como matrizes para os programas de melhoramento genético da cultura, pois além de serem os mais divergentes entre os acessos avaliados, apresentam características de interesse;
- Os caracteres como número de folíolos, comprimento do folíolo, largura do folíolo, comprimento do pedúnculo, número de flores masculinas, número de ramos florais, comprimento médio dos ramos florais, duração do ciclo reprodutivo, duração da fase reprodutiva masculina, período entre emergência e abertura das inflorescências e número de inflorescência dispõem de alta variabilidade genética, podem ser utilizados para programas de melhoramento do coqueiro empregando métodos de seleção mais simples, como a seleção massal;