

Divergência genética entre genótipos de bacabi preservados no banco de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental por inflorescência

Genetic divergence among bacabi genotypes preserved in the Embrapa Amazonia Oriental germoplasm bank by inflorescence

Divergencia genética entre genotipos de bacabi preservados en el banco de germoplasma de Embrapa Amazonia Oriental por inflorescencia

Recebido: 14/10/2025 | Revisado: 28/10/2025 | Aceitado: 29/10/2025 | Publicado: 30/10/2025

Isabela Lima Cordeiro Perdigão

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2067-2475>

Universidade Federal Rural da Amazônia, Brasil

E-mail: isa.perdigao1707@gmail.com

Maria do Socorro Padilha de Oliveira

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4753-2018>

Embrapa Amazônia Oriental, Brasil

E-mail: socorro-padilha.oliveira@embrapa.br

Resumo

O presente estudo teve como objetivo quantificar a divergência genética entre genótipos de bacabi com base nesses caracteres, contribuindo para o manejo sustentável e o melhoramento da espécie. A espécie é economicamente relevante, destacando-se pela produção de óleo similar ao azeite de oliva e pela polpa nutritiva utilizada em bebidas e produtos alimentícios. Apesar do potencial, sua comercialização ainda depende majoritariamente da exploração extrativista. Os dados foram obtidos de dez ráquulas de cada genótipo, totalizando 220 amostras. Foram avaliados 12 caracteres quantitativos, como comprimento da ráquela (CR), número de flores femininas (NFF) e masculinas (NFM), além de medidas relacionadas à estrutura floral. Os dados foram submetidos à análise univariada (ANOVA), seguida pelo teste de Scott & Knott ($P \leq 0,05$) para agrupamento das médias, e análises multivariadas envolvendo os métodos UPGMA e Tocher. Os resultados revelaram variabilidade significativa para a maioria dos caracteres, sendo o NFM (80,43%) e o NFF (16,89%) os maiores contribuintes para a divergência genética. O par mais divergente foi G4 e G18 (2,57), enquanto o menor foi G6 e G9 (0,54). Os genótipos formaram sete grupos divergentes pelo método de Tocher e dois grupos principais pelo UPGMA. O comprimento da ráquela foi o caráter mais divergente. Esses resultados evidenciam significativa variabilidade genética entre os genótipos de bacabi para os caracteres avaliados, sendo essencial para o planejamento de estratégias de conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: *Oenocarpus*; Ráquela; Variabilidade genética; Anova; Análises multivariadas.

Abstract

The present study aimed to quantify the genetic divergence between bacabi genotypes based on these characters, contributing to the sustainable management and improvement of the species. The species is economically important, known for its production of oil similar to olive oil and its nutritious pulp used in beverages and food products. Despite its potential, its commercialization still depends largely on extractive exploitation. Data were obtained from ten rachillae of each genotype, totaling 220 samples. Twelve quantitative traits were evaluated, such as rachilla length (CR), number of female (NFF) and male (NFM) flowers, as well as measurements related to floral structure. Data were subjected to univariate analysis (ANOVA), followed by the Scott & Knott test ($P \leq 0.05$) for grouping of means, and multivariate analyses involving the UPGMA and Tocher methods. The results revealed significant variability for most traits, with NFM (80.43%) and NFF (16.89%) being the largest contributors to genetic divergence. The most divergent pair was G4 and G18 (2.57), while the least divergent was G6 and G9 (0.54). The genotypes formed seven divergent groups using the Tocher method and two main groups using the UPGMA method. Rachilla length was the most divergent trait. These results demonstrate significant genetic variability among bacabi genotypes for the evaluated traits, making them essential for planning conservation and genetic improvement strategies.

Keywords: *Oenocarpus*; Rachilla; Genetic variability; ANOVA; Multivariate analysis.

Resumen

El presente estudio tuvo como objetivo cuantificar la divergencia genética entre genotipos de bacabi en función de estos caracteres, contribuyendo al manejo sustentable y mejoramiento de la especie. La especie es económicamente

importante, conocida por su producción de aceite similar al aceite de oliva y su pulpa nutritiva utilizada en bebidas y productos alimenticios. A pesar de su potencial, su comercialización aún depende en gran medida de la explotación extractiva. Los datos se obtuvieron de diez raquillas de cada genotipo, totalizando 220 muestras. Se evaluaron doce caracteres cuantitativos, como longitud de la raquilla (CR), número de flores femeninas (NFF) y masculinas (NFM), así como mediciones relacionadas con la estructura floral. Los datos se sometieron a análisis univariado (ANOVA), seguido de la prueba de Scott y Knott ($P \leq 0,05$) para agrupamiento de medias, y análisis multivariados que involucraron los métodos UPGMA y Tocher. Los resultados revelaron una variabilidad significativa en la mayoría de los caracteres, siendo NFM (80,43%) y NFF (16,89%) los que más contribuyeron a la divergencia genética. El par más divergente fue G4 y G18 (2,57), mientras que el menos divergente fue G6 y G9 (0,54). Los genotipos formaron siete grupos divergentes mediante el método de Tocher y dos grupos principales mediante el método UPGMA. La longitud de la rachila fue el rasgo más divergente. Estos resultados demuestran una variabilidad genética significativa entre los genotipos de bacabi para los rasgos evaluados, lo que los hace esenciales para la planificación de estrategias de conservación y mejoramiento genético.

Palabras clave: Oenocarpus; Rachila; Variabilidad genética; ANOVA; Análisis multivariado.

1. Introdução

A região amazônica é reconhecida por sua abundância de recursos naturais e por sua elevada diversidade de palmeiras, com 146 espécies registradas (REFLORA, 2020). Entre elas, destaca-se *Oenocarpus mapora* Karsten, popularmente conhecida como bacabi, cuja matéria-prima é explorada em diversos setores da indústria alimentícia, farmacêutica e cosmética, além da produção de fibras e outros derivados (Silva et al., 2021). Da polpa e do endocarpo de seus frutos é extraído um óleo com características semelhantes às do azeite de oliva, reforçando seu potencial no mercado de óleos vegetais (Lahlou et al., 2022; Khatiwari et al., 2021). Além disso, seus frutos quando processados, produzem a bebida tradicional “bacaba”, com excelente qualidade nutricional, similar à polpa de açaí (*Euterpe oleracea*), sendo amplamente utilizada na fabricação de sorvetes, geleias e licores, especialmente no Brasil e na Colômbia (Finco et al., 2012). Apesar do elevado potencial econômico e do papel que sua gestão sustentável poderia desempenhar na geração de emprego e renda na Amazônia, a comercialização dos frutos ainda é predominantemente baseada na coleta extrativista (Silva et al., 2021).

As inflorescências de bacabi, de onde se originam os frutos, são do tipo cacho, compostas por um eixo central, a raque, constituído por 64 a 98 eixos secundários, chamados ráquulas, de comprimentos variando de 36 a 73 cm. As flores distribuem-se em formato espiral ao longo das ráquulas, formando tríades, onde uma flor pistilada se encontra entre duas flores estaminadas (Lorenzi et al., 2020). As flores femininas possuem três sépalas, com comprimento variando de 1,8 a 3,5 mm, e três pétalas com 4,2 a 6,3 mm de comprimento e 1,2 a 2,5 mm de largura. Em média, uma inflorescência apresenta 474 flores estaminadas e 215 flores pistiladas; entretanto, diferentes genótipos apresentam variação significativa nesses componentes, sendo relevante definir amostragens em bancos de germoplasma e para programas de melhoramento genético.

Dada a escassez de informações agronômicas sobre a espécie, torna-se essencial caracterizar detalhadamente seus atributos morfológicos, permitindo inferências sobre a produção de frutos e a identificação de genótipos promissores para seleção. Estudos envolvendo a divergência genética em bancos de germoplasma são particularmente importantes, pois possibilitam o monitoramento, conservação e manejo dos acessos, além de fornecerem subsídios para programas de melhoramento (Ivani, 2010). Tais estudos geralmente utilizam análises multivariadas, que consideram múltiplos caracteres e podem ser interpretadas por métodos de agrupamento hierárquicos e não hierárquicos (Farias Neto et al., 2013; Oliveira et al., 2006).

Diante disso, e considerando a limitada disponibilidade de informações sobre a divergência genética em caracteres de inflorescência de *Oenocarpus mapora*, o presente estudo teve como objetivo quantificar a divergência genética entre genótipos de bacabi com base nesses caracteres, contribuindo para o manejo sustentável e o melhoramento da espécie.

2. Metodologia

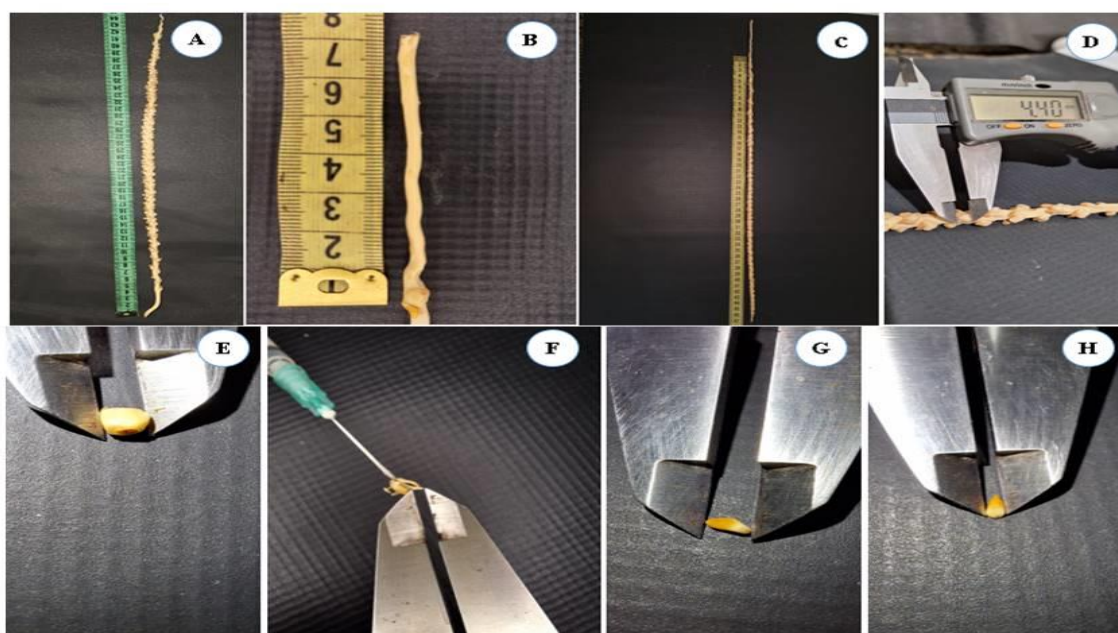
Área de coleta

Realizou-se uma pesquisa mista parte em campo e parte laboratorial, de natureza qualitativa e quantitativa (Pereira et al., 2018) com uso de análise estatística (Costa Neto & Bekman, 2009). Foram coletadas ráquias de inflorescências recém-abertas de 22 genótipos de *O. mapora*, conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Bacabas da Embrapa Amazônia Oriental. Esta área encontra-se localizada na região metropolitana de Belém - PA (latitude 01°27'00" S; longitude 48°49'00" W, altitude de 10 m), onde todas as plantas encontram-se em pleno estágio reprodutivo, espaçadas a 5 m x 5 m. A topografia plana, com solo do tipo latossolo amarelo bem drenado, apresenta serrapilheira média, segundo Maciel (2022) e clima Af (Köppen, 1948).

Dados coletados

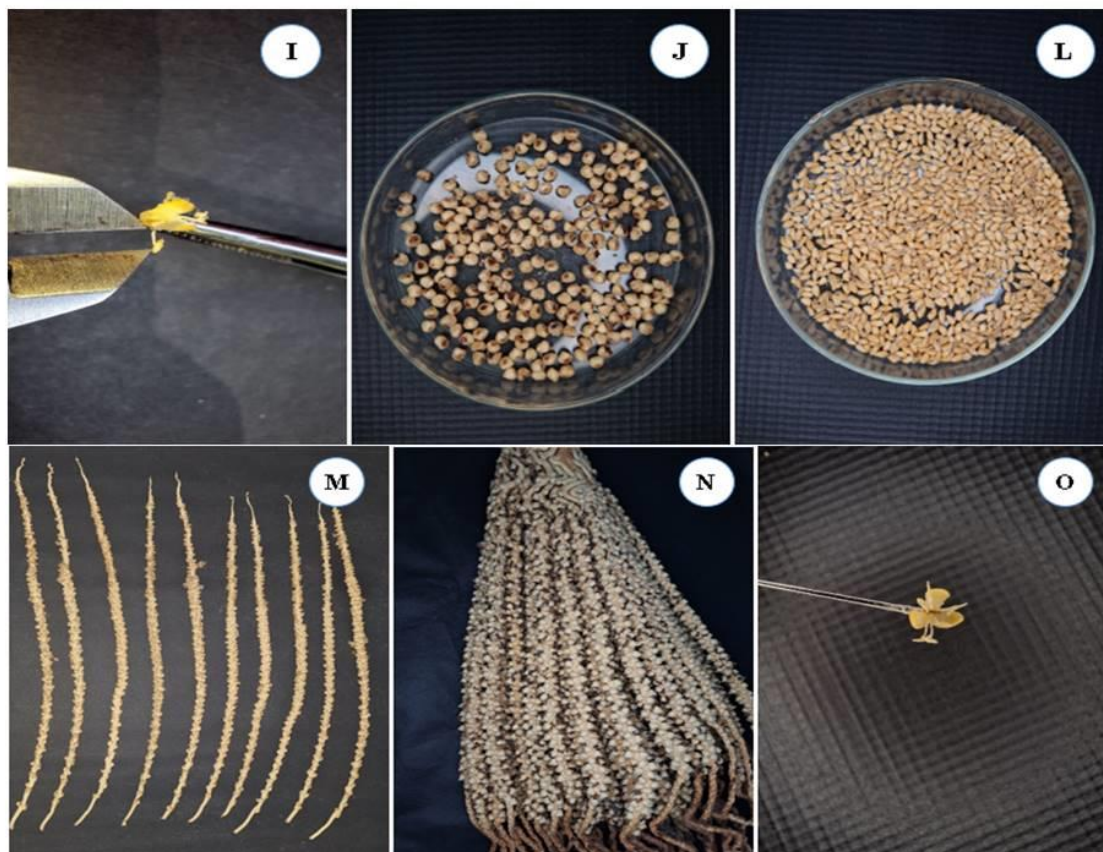
De cada inflorescência, foram retiradas ao acaso dez ráquias, totalizando 220 unidades. Foram mensurados doze caracteres quantitativos em todas as ráquias. Os caracteres avaliados incluíram: o comprimento da ráquia (CR), a distância entre a flor feminina e o ponto de inserção da ráquia na raque (DPFF), e a distância das flores masculinas da inserção da ráquia (DFMR), todas expressas em centímetros. Além disso, foram aferidos o comprimento da flor feminina (CFF) e o diâmetro da flor feminina (DFF), o comprimento do estigma (CE), o comprimento da flor masculina (CFM) e o diâmetro da flor masculina (DFM), o comprimento da antera (CA) e comprimento do filete da flor masculina (CF), todos expressos em milímetros. Também foram contabilizados o número de flores femininas (NFF) e masculinas (NFM). Todas as 220 ráquias foram avaliadas com auxílio de um paquímetro digital e fita métrica.

Figura 1 - Caracteres avaliados nas inflorescências dos 22 genótipos de *O. mapora* (A) CR: comprimento da raque (cm); (B) DPFF: distância entre a flor feminina e o ponto de inserção da ráquia na raque (cm); e (C) DFMR: distancia das flores masculinas ao ponto de inserção da ráquia (cm); (D) CFF: comprimento da flor feminina (cm); (E) DFF: diâmetro da flor feminina (cm); (F) CA: comprimento da antera (cm); (CFM): comprimento do filete da flor masculina (cm); (DFM) diâmetro da flor masculina (cm).



Fonte: Autores (2024).

Figura 2 – Inflorescência de *O. mapora* para avaliação (I) CF: comprimento do filete da flor masculina (cm); (J) NFF: número de flores femininas; (L) NFM: número de flores masculinas; (M) Amostra de dez ráquulas para avaliação; (N) Inflorescência de *O. mapora*; (O) flor masculina aberta.



Fonte: Autores (2024).

Análise dos dados

Os dados obtidos foram inicialmente submetidos à análise univariada (ANOVA), com o objetivo de verificar a variação entre os genótipos, utilizando o software RStudio (R Core Team, 2020). Posteriormente, as médias foram agrupadas por meio do teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de significância. Este teste, com base na razão de verossimilhança e na distribuição qui-quadrado, foi empregado para avaliar as diferenças entre as médias, dividindo-as em grupos significativamente distintos e maximizando a soma dos quadrados entre os grupos (Scott & Knott, 1974). Esse teste agrupa as médias em classes com diferenças estatisticamente significativas, onde valores com letras diferentes indicam diferenças entre os grupos.

As análises multivariadas foram realizadas para verificar a existência da divergência genética entre os genótipos, utilizando a distância euclidiana média padronizada, calculada com base nas médias de cada indivíduo. A dissimilaridade genética (dg_{ij}) entre o i -ésimo e o j -ésimo genótipo foi determinada com base na distância euclidiana média. As distâncias obtidas foram agrupadas por dois métodos: o método hierárquico-UPGMA e o método não hierárquico de otimização de Tocher, além da dispersão gráfica obtida por meio da análise de componentes principais GENES (Cruz, 2013).

Em que:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (x_{ij} - x_{ij'})^2}$$

dii' – distância euclidiana entre os pares de indivíduos.

Xij – valor obtido do i-ésimo indivíduo em relação ao j-ésimo caráter.

Para calcular os componentes principais (ACP) os dados foram padronizados, foi gerada a matriz de correlações utilizando a função `cor()` do pacote base do R utilizando a função `eigen()`, também do pacote base do R, foram obtidos os autovalores e autovetores. Em seguida, foram calculados, a partir dos autovalores gerado, os scores em cada componente.

3. Resultados e Discussão

Verificou-se diferença significativa para a maioria dos caracteres da inflorescência, conforme indicado pelo teste F, ao nível de 5% de probabilidade, podendo sugerir a presença de variabilidade entre os genótipos de bacabi (Tabela 1). Apenas três caracteres: diâmetro da flor feminina (DFF), diâmetro da flor masculina (DFM) e comprimento da antera (CA) não apresentaram diferença significativa entre os genótipos pelo teste F.

Tabela 1 - Testes “F” e níveis de significância para os doze caracteres de inflorescência avaliados em 22 genótipos de *O. mapora*. ns: Não significativo; ** e *: significativo pelo teste F a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente.

Caracteres Avaliados	QM		Valor F
	Genótipos	Erro	
Comprimento da ráquila (CR)	47,0311	17,768	2,647*
Distância entre a flor e o ponto de inserção da ráquila na ráque (DPFF)	3,0106	0,81081	3,7131**
Disposição das flores masculinas ao longo da ráquila (DFMR)	99,495	36,639	2,7156*
Comprimento da flor feminina (CFF)	1,0052	0,5527	3,8474**
Diâmetro da flor feminina (DFF)	1,0694	0,6143	1,109*
Comprimento do estigma (CE)	0,9753	0,3391	1,8186*
Comprimento flor masculina (CFM)	0,47107	0,1042	1,7402 ^{ns}
Diâmetro da flor masculina (DFM)	0,03357	0,0296	2,8763*
Comprimento da antera (CA)	0,1308	0,08364	4,5189**
Comprimento do filete da flor masculina (CF)	0,1315	0,05304	1,134 ^{ns}
Número de flores femininas (NFF)	1066.79	277,28	2,4798*
Número de flores masculina (NFM)	2625	2367	1,5648 ^{ns}

Fonte: Autores (2024).

A Tabela 2 apresenta a comparação de médias dos 22 genótipos para os caracteres avaliados pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Observou-se que a maioria dos caracteres — comprimento da ráquila (CR), distância entre flores masculinas e o ponto de inserção da ráquila na raque (DRFM), número de flores femininas (NFF), número de flores masculinas (NFM), comprimento da flor masculina (CFM), comprimento do filete (CF) e distância entre a flor feminina e o ponto de inserção da ráquila (DPFF) — formou dois grupos distintos, enquanto apenas o comprimento do estigma (CE) originou três grupos.

Tabela 2 - Agrupamento de médias para os 22 genótipos de *O. mapora* com base em doze caracteres de inflorescência. CV (%): coeficiente de variação. Médias seguidas pela mesma letra nas linhas não diferem pelo teste Scott & Knott ($p \leq 0,05$).

Genótipo	CR	DPFF	DRFM	NFF	NFM	CFF	DFF	CE	CFM	DFM	CF	CA
G1	47,8 a	5,3 b	22,5 b	50 a	345 a	3,9 a	4,1 a	2,5 a	4,3 a	2,1 a	2,3 a	2,2 a
G2	51,7 a	6,2 a	17,9 b	77 a	330 a	4,1 a	4,3 a	2,6 a	4,4 a	2,0 a	2,2 a	2,4 a
G3	47,9 a	6,8 a	17,4 b	59 a	332 b	4,0 a	3,7 a	3,1 a	4,0 a	2,1 a	2,1 b	1,9 a
G4	37,7 b	4,7 b	19,4 b	35 b	301 b	3,7 a	3,3 a	2,4 a	4,1 b	2,1 a	2,1 b	1,9 a
G5	50,1 a	4,9 b	17,9 b	73 a	346 a	3,7 a	3,8 a	2,7 a	3,7 a	2,0 a	2,3 a	2,1 a
G6	48,4 a	6,6 a	30,0 a	23 b	315 b	3,9 a	3,5 a	3,0 a	3,7 b	2,3 a	2,2 b	2,4 a
G7	46,7 a	5,1 b	30,0 a	23 b	298 b	3,8 a	4,0 a	2,7 a	3,9 a	2,1 a	2,5 a	2,2 a
G8	40,5 b	3,8 b	9,3 b	6 b	296 b	1,8 a	2,6 a	0,2 c	3,4 b	2,0 a	2,2 b	2,2 a
G9	45,3 b	6,8 a	19,1 b	30 b	359 a	2,8 a	2,6 a	1,3 b	4,2 a	2,2 a	2,3 a	2,2 a
G10	41,9 b	4,5 b	21,0 b	34 b	314 a	2,6 a	3,5 a	2,6 a	4,6 a	2,1 a	2,5 a	1,9 a
G11	52,2 a	5,5 a	21,4 b	63 a	408 a	3,6 a	4,0 a	2,6 a	4,5 a	2,0 a	2,4 a	2,3 a
G12	46,3 a	3,6 b	25,9 a	28 b	308 a	2,5 a	3,7 a	2,4 a	3,4 b	2,0 a	1,9 b	1,8 a
G13	46,5 a	2,9 b	35,2 a	14 b	372 a	1,7 a	1,9 a	1,1 b	3,5 b	2,1 a	2,1 b	1,9 a
G14	49,5 a	3,8 b	33,1 a	21 b	300 a	2,2 a	3,4 a	1,9 a	3,7 b	2,0 a	2,2 a	1,9 a
G15	47,2 a	3,7 b	15,1 b	74 a	154 b	3,4 a	3,3 a	1,9 a	4,0 a	2,0 a	2,5 a	2,2 a
G16	51,1 a	4,6 b	19,3 b	58 a	282 a	3,6 a	3,7 a	2,2 a	3,5 b	1,8 a	2,0 b	1,7 a
G17	51,0 a	4,8 b	17,3 b	51 a	326 a	3,1 a	4,3 a	2,7 a	2,9 b	1,8 a	1,6 b	1,6 a
G18	55,3 a	4,8 b	33,5 a	26 a	277 a	2,8 a	3,5 a	2,0 a	3,4 b	1,9 a	1,9 b	1,9 a
G19	43,8 a	4,3 b	17,3 b	61 a	297 a	3,3 a	3,4 a	2,3 a	4,2 a	2,2 a	2,4 a	2,1 a
G20	38,5 b	4,5 b	19,8 a	33 b	358 a	3,7 a	4,4 a	2,5 a	3,8 b	2,0 a	1,9 b	1,9 a
G21	47,5 a	6,5 b	17,8 b	57 a	316 a	3,5 a	3,8 a	2,3 a	3,9 a	2,1 a	2,1 a	2,3 a
G22	44,5 b	6,7 b	23,8 b	33 b	311 a	4,0 a	4,1 a	2,8 a	4,4 a	2,2 a	2,5 a	2,3 a
CV%	8,97	17,56	27,72	37,99	15,11	21,39	21,52	24,8	8,22	8,31	10,31	13,83

Fonte: Autores (2024).

A maioria dos caracteres avaliados apresentou dois grupos distintos segundo o teste de Scott-Knott, destacando-se o comprimento da ráquila (CR), com 17 genótipos no grupo A e cinco no grupo B. Os genótipos com ráquulas mais longas, como G18 (55,3 cm), indicam potencial para maior formação de cachos e produtividade, em concordância com Mendes et al. (2019), que ressaltaram a importância de caracteres morfológicos na divergência genética em *Oenocarpus distichus*. A distância entre flores masculinas e o ponto de inserção da ráquila (DRFM) também formou dois grupos, com destaque para G13, G14 e G18, que apresentaram as maiores médias (acima de 33 cm), característica que pode favorecer a eficiência reprodutiva e a polinização, conforme observado por Barfod, Burholt e Borchsenius (2003). O número de flores femininas (NFF) seguiu o mesmo padrão, com G2, G15 e G5 apresentando maiores médias, indicando maior potencial produtivo — relação confirmada

por Loiola et al. (2006). Em contrapartida, o genótipo G8 apresentou menor média (seis flores femininas por ráquila), o que pode limitar seu desempenho reprodutivo.

O número de flores masculinas (NFM) também foi dividido em dois grupos, sendo a maioria dos genótipos (16) caracterizada por altas médias, como G11 (408 flores por ráquila), indicando bom potencial de produção de pólen e favorecendo a polinização cruzada, o que aumenta a variabilidade genética (Best et al., 2021). Os caracteres comprimento da flor masculina (CFM) e comprimento do filete (CF) apresentaram comportamento semelhante, com os genótipos G10, G11 e G22 destacando-se para CFM e G7, G10, G15 e G22 para CF, sugerindo padrões morfoflorais estáveis e boa adaptação genotípica. Já a distância entre a flor feminina e o ponto de inserção da ráquila (DPFF) formou dois grupos, predominando aqueles com menores distâncias, o que indica maior densidade de flores femininas e, consequentemente, maior potencial produtivo. O genótipo G13, com média de 2,9 cm, destacou-se nesse caráter, corroborando Muñoz et al. (2022), que associaram características estruturais das inflorescências ao rendimento de frutos em *O. mapora*.

O comprimento do estigma (CE) foi o único caráter que formou três grupos distintos, com 19 genótipos no grupo A, dois no grupo B e um no grupo C. As maiores médias foram observadas em G3 (3,1 mm), G6 (3,0 mm) e G22 (2,8 mm), genótipos possivelmente mais eficientes na captura de pólen e no sucesso reprodutivo, conforme descrito por Henderson (2024) e Caruso et al. (2019). Já o genótipo G8 apresentou o menor comprimento do estigma (0,2 mm) e o menor número de flores femininas, revelando baixo potencial para produção de frutos, embora possa ter valor ornamental ou para uso na produção de palmito.

A análise dessa variação entre os grupos ajuda a entender a influência de fatores genéticos e ambientais no desempenho reprodutivo e morfológico das plantas, além de possibilitar a identificação de genótipos com maior potencial para determinado uso ou adaptação em programas de melhoramento genético. Esse tipo de comparação entre grupos com genótipos distintos é fundamental para estudar a variabilidade genética, melhorar a eficiência reprodutiva e potencializar a produção de cultivos, além de oferecer informações valiosas sobre a adaptabilidade das plantas a diferentes condições ambientais.

Para os caracteres de comprimento da flor feminina (CFF), diâmetro da flor feminina (DFF), diâmetro da flor masculina (DFM) e comprimento da antera (CA) os genótipos não diferiram entre si pelo teste de média aplicado, sugerindo que essas variáveis não foram influenciadas de maneira substancial por fatores genéticos ou ambientais. A ausência de diferença estatística pode indicar que as características avaliadas apresentam um comportamento estável entre os genótipos comparados, ou que a variação entre eles é pequena demais para ser detectada pelo nível de significância adotado.

Pelo Agrupamento de Tocher os 22 genótipos formaram sete grupos divergentes (Tabela 3). Os grupos I e III concentraram o maior número, cada um com seis genótipos, o I contendo: 1, 2, 6, 14, 16 e 10 e o III agrupando: 4, 21, 11, 7, 15 e 19. O grupo V apresentou três genótipos (17, 18 e 20) e os grupos II, IV e VI com dois genótipos cada nesta ordem (3 e 9), (5 e 12) e (8 e 13), respectivamente. Enquanto o grupo VII obteve apenas um genótipo (22). Este método conduz à formação de grupos, garantindo que haja homogeneidade entre os elementos de cada grupo e heterogeneidade entre os diferentes grupos. Trata-se de uma técnica de otimização que organiza os genótipos de forma a garantir que as distâncias dentro de cada grupo sejam sempre menores em comparação às distâncias entre grupos distintos, preservando, assim, a coerência interna e a distinção externa (Cruz & Regazzi, 1997). Além disso, análises genéticas com marcadores microssatélites realizadas por Moura et al. (2015) em populações de *Oenocarpus mapora* da Amazônia Oriental revelaram alta diversidade genética ($HE = 0,48$) e estruturação significativa entre áreas de coleta, evidenciando que a variabilidade observada nos caracteres fenotípicos também se reflete em nível molecular, reforçando a importância de estratégias de conservação que mantenham diferentes grupos genéticos.

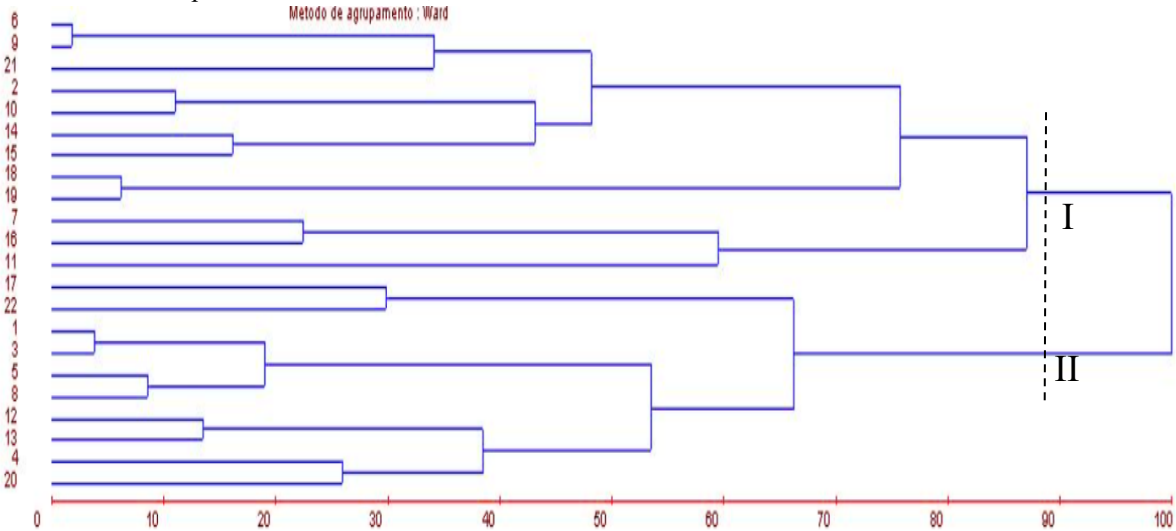
Pelo método UPGMA os genótipos de bacabi formaram apenas dois grupos com vários subgrupos (Figura 3). O grupo I com doze genótipos (6, 9, 21, 2, 10, 14, 15, 18, 19, 7, 16 e 11) e o II por dez (17, 22, 1, 3, 5, 8, 12, 13, 4 e 20). Os grupos formados por este método não coincidiram com os obtidos pelo de Tocher. Mas, coincidiram parcialmente com os agrupamentos formados pelo teste de média. Assim como demonstrado por Meyer et al. (2024) em *Acrocomia*, onde características de inflorescência e flor auxiliaram na discriminação taxonômica via análise UPGMA, a aplicação dessas metodologias na espécie em foco permite identificar variações funcionais e adaptativas nos genótipos. Além disso, estudos com outras palmáceas da Amazônia mostram que a variabilidade genética entre genótipos pode ser eficientemente discriminada por métodos como Tocher e UPGMA, como observado em *Astrocaryum vulgare* (Oliveira et al., 2012) e *Euterpe oleracea* (Lessa et al., 2019). Isso corrobora a escolha e a efetividade dessas metodologias no presente estudo com *Oenocarpus mapora*.

Tabela 3 - Formação dos grupos divergentes pelo método de Tocher a partir das distâncias Euclidianas médias obtidas entre os 22 genótipos de *O. mapora*, conservados na Embrapa Amazônia Oriental, com base em doze caracteres de inflorescência.

Grupos	Genótipos
1	1 2 6 14 16 10
2	3 9
3	4 21 11 7 15 19
4	5 12
5	17 18 20
6	8 13
7	22

Fonte: Autores (2024).

Figura 3 – Dendrograma gerado a partir das distâncias Euclidianas médias obtidas entre os 22 genótipos de *O. mapora*, conservados na Embrapa Amazônia Oriental, com base em doze caracteres de inflorescência.



Fonte: Autores (2024).

A distância euclidiana média entre os 22 genótipos de bacabi, com base nos caracteres de inflorescência, foi de 1,35. O par de genótipos mais divergente foi G4 e G18, com distância de 2,57, refletindo diferenças expressivas especialmente nos caracteres comprimento da antera (CA) e comprimento do filete da flor masculina (CF). Em contrapartida, a menor distância genética foi observada entre os genótipos G6 e G9 (0,54), indicando maior similaridade entre esses indivíduos. Esses

resultados sugerem que genótipos com alta dissimilaridade genética, como G4 e G18, podem ser potenciais candidatos para cruzamentos dirigidos, visando a exploração da heterose em programas de melhoramento, desde que apresentem características agrônomicas desejáveis para a determinado mercado. Estratégia semelhante foi ressaltada por Corella (2022) em estudos de pré-melhoramento com *Acrocomia aculeata*, onde a seleção de acessos mais divergentes foi considerada fundamental para ampliar a base genética e obter combinações superiores.

A contribuição relativa dos doze caracteres avaliados consta na Tabela 4. Percebe-se que mais de 80% da contribuição para a divergência foi devido ao caráter número de flores masculinas (NFM), seguida pelo caráter número de flores femininas (NFF) com 16,89%. Pelo fato de abrangerem mais de 96% da divergência, pode-se sugerir que esses caracteres possam ser indicados como descritores de germoplasma da bacabi e que possam ser utilizados em programas de melhoramento dessa palmeira. Observa-se conceito semelhante ao relatado por Sousa (2021) em *Oenocarpus* spp., no qual poucos caracteres morfológicos concentraram a maior parte da divergência genética entre genótipos.

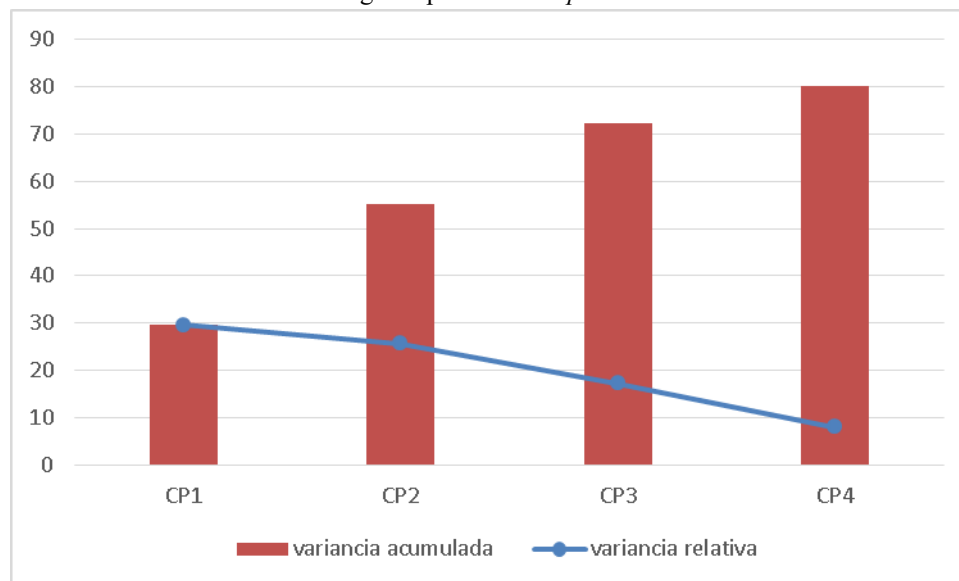
Tabela 4 - Contribuição relativa dos doze caracteres de inflorescências para a dissimilaridade entre 22 genótipos de *O. mapora* conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental.

Variável	Contribuição (%)
CR	1,27
DPFF	0,06
DRFM	1,31
NFF	16,89
NFM	80,43
CFF	0,07
DFF	0,11
CE	0,01
CFM	0,01
DFM	0,01
CF	0,02
CA	0,02

Fonte: Autores (2024).

As estimativas dos autovalores e variâncias foram realizadas com base nos quatro primeiros componentes principais e nas quatro primeiras variáveis canônicas (Figura 4), que explicaram mais de 79% e 80% da variância, respectivamente. O primeiro componente principal teve a maior contribuição da variação dos caracteres de CR, enquanto o segundo componente contribuiu principalmente com CFM. Resultado semelhante foi observado por Yokomizo et al. (2021) em *Euterpe oleracea*, onde os primeiros componentes principais explicaram grande parte da variância e estiveram associados a caracteres vegetativos e reprodutivos.

Figura 4 – Variância relativa e acumulada com base nas estimativas dos autovalores associados aos componentes principais dos doze caracteres de inflorescência avaliados em genótipos de *O. mapora*.



Fonte: Autores (2024).

4. Conclusão

Um aspecto relevante a ser considerado é a correlação entre a procedência geográfica e a diversidade genética, pois em diversos casos a separação geográfica não se traduz em maior distância genética (Cruz, Regazzi, & Carneiro, 2012). Esta constatação foi evidenciada neste estudo pela presença de genótipos oriundos de acessos coletados em Parintins e Abaetetuba e implantados no Banco Ativo de Germoplasma de bacabas, localizado em Belém. Dessa forma, os cachos oriundos dessas inflorescências estão sujeitos às influências climáticas e ambientais da região de implantação. Assim, percebe-se que os grupos I e II apresentam tanto proximidades quanto divergências genéticas, demonstrando que a procedência geográfica não interfere necessariamente nessa condição.

Referências

- Barfod, A., Burholt, T., & Borchsenius, F. (2003). Contrasting pollination modes in three species of *Licuala* (Arecaceae: Coryphoideae). *Telopea*, 10(1), 207–223. <https://doi.org/10.7751/telopea20035616>
- Best, I., et al. (2021). Phenology of *Oenocarpus mapora* H. Karst in low-terrace and high-terrace forests of the Madre de Dios region, Peru. *Forests*, 12(10), 1424. <https://doi.org/10.3390/f12101424>
- Caruso, C. M., Eisen, K. E., Martin, R. A., & Sletvold, N. (2019). A meta-analysis of the agents of selection on floral traits. *Evolution*, 73(1), 4–14. <https://doi.org/10.1111/evo.13639>
- Corella, D. L. B. (2022). *Pré-melhoramento da palmeira macaúba: Caracterização fenotípica e diversidade genética de acessos conservados em banco de germoplasma* [Dissertação de mestrado, Universidade de São Paulo].
- Costa Neto, P. L. O. & Bekman, O. R. (2009). *Análise estatística da decisão*. Editora Edgard Blucher.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2004). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: Editora UFV.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (Vol. 1, 514 p.). Viçosa, MG: Editora UFV.
- Farias Neto, J. T. de, Clement, C. R., & Resende, M. D. V. de. (2013). Estimativas de parâmetros genéticos e ganho de seleção para produção de frutos em progênies de polinização aberta de pupunheira no Estado do Pará, Brasil. *Bragantia*, 72(2), 122–126. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013000200002>
- Finco, F. D. B., Kammerer, D. R., Carle, R., & Tseng, W.-H. (2012). Antioxidant activity and characterization of phenolic compounds from bacaba (*Oenocarpus bacaba* Mart.) fruit by HPLC-DAD-MSn. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 60(9), 2311–2317. <https://doi.org/10.1021/jf2045568>

- Henderson, A. (2024). Pollination systems of palms (Arecaceae). *Journal of Pollination Ecology*, 36(13), 144–248. [https://doi.org/10.26786/1920-7603\(2024\)782](https://doi.org/10.26786/1920-7603(2024)782)
- Ivani, S. de A. (2010). *Caracteres quantitativos de interesse para a determinação da variação genética em populações de Oenocarpus bacaba Mart. (Arecaceae) no Amapá* [Dissertação de mestrado, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias].
- Khatiwwada, D., Palmén, C., & Silveira, S. (2021). Evaluating the sustainability of palm oil demand in Indonesia. *Bioscience*, 50, Article 102181. <https://doi.org/10.1016/j.bioscience.2021.102181>
- Lahlou, A., Chleih-Chelh, T., Lyashenko, S., & Rincón, F. (2022). Phenolic compounds and in vitro antitumor activity of palm fruits. *Food Research International*, 98(3), 121–130. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.102181>
- Lessa, L. S., Silva, R. A., & Ferreira, J. L. (2019). Divergência genética entre acessos de *Euterpe oleracea* com base em caracteres morfoagronômicos. *Scientia Agropecuaria*, 10(1), 29–35. Loiola, C. M., Aragão, W. M., & Passos, E. E. M. (2006). *Relação entre a produção de frutos e o número de flores femininas em cultivares de coqueiro* (Comunicado Técnico, 58). Embrapa Tabuleiros Costeiros. Lorenzi, H. (2020). *Oenocarpus* in *Flora do Brasil 2020 em construção*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Maciel, A. R. N. A., et al. (2022). *Diversidade genética em bacabeiras (Oenocarpus bacaba Mart. e Oenocarpus distichus Mart.) de diferentes procedências do Estado do Pará com base em caracteres morfoagronômicos*.
- Mendes, G. G. C., Gusmão, M. T. A. de, Martins, T. G. V., Rosado, R. D. S., Sobrinho, R. S. A., Nunes, A. C. P., Ribeiro, W. S., & Zanuncio, J. C. (2019). Genetic divergence of native palms of *Oenocarpus distichus* considering biometric fruit variables. *Scientific Reports*, 9, Article 4943. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41507-4>
- Meyer, C., et al. (2024). Biometric variability of inflorescence and flower traits among *ex situ* accessions of the neotropical oilseed palm *Acrocomia* Mart. *Ecology and Evolution*, 14(7), e70053. <https://doi.org/10.1002/ece3.70053>
- Moura, E. F., et al. (2015). Genetic diversity and structure of *Oenocarpus mapora* germplasm conserved at eastern Amazon. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37(4), 984–992. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-214/14>
- Muñoz, A. M. (2022). Comparison of four oil extraction methods for Sinami fruit (*Oenocarpus mapora* H. Karsten): Evaluating quality, polyphenol content, and antioxidant activity. *Food Chemistry*, 11, Article 1518. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.1518>
- Oliveira, M. do S. P., Ferreira, D. F., & Santos, J. B. D. (2006). Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(7), 1133–1140.
- Oliveira, M. S. P., Costa, F. R., & Nogueira, O. L. (2012). Divergência genética em genótipos de *Astrocaryum vulgare* com base em caracteres biométricos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34(3), 870–877
- Pereira, A. S. et al. (2018). *Metodologia da pesquisa científica*. [free ebook]. Santa Maria. Editora da UFSM.
- Reflora. (2020). *Arecaceae in Flora do Brasil 2020*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Silva, A. J. B., Sevalho, E. S., & Miranda, I. P. (2021). Potencial das palmeiras nativas da Amazônia brasileira para a bioeconomia: Análise em rede da produção científica e tecnológica. *Ciência Florestal*, 31(2), 1020–1046. <https://doi.org/10.5902/1980509834567>
- Sousa, A. C. F. (2021). *Hibridação natural e artificial em palmeiras bacabas (Oenocarpus spp.): Aspectos morfológicos, moleculares e implicações para o manejo e conservação genética* [Tese de doutorado, Universidade Estadual do Maranhão]. Repositório UEMA.
- Yokomizo, G. K. I., Farias Neto, J. T. de, Hongyu, K., Cruz Júnior, F. de O., & Oliveira, M. do S. P. de. (2021). *Análise multivariada em características vegetativas e reprodutivas em progênies de açaizeiros*. Embrapa Amazônia Oriental. <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1128388>