

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE ENGENHARIA
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

MURILO DA SERRA SILVA

**DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E PARENTESCO EM
POPULAÇÕES DE [*Hevea brasiliensis* (Willd. Ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg.]
CONSERVADAS *EX SITU*.**

Ilha Solteira
2019

MURILO DA SERRA SILVA

**DIVERSIDADE, ESTRUTURA GENÉTICA E PARENTESCO EM
POPULAÇÕES DE [*Hevea brasiliensis* (Willd. Ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg.]
CONSERVADAS *EX SITU*.**

Tese apresentada à Faculdade de Engenharia de
Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos
para obtenção do título de Doutor. Especialidade:
Sistema de Produção

Prof. Dr. Miguel Luiz Menezes Freitas
Orientador

Prof. Dr. Mario Luiz Teixeira de Moraes
Coorientador

Ilha Solteira
2019

FICHA CATALOGRÁFICA

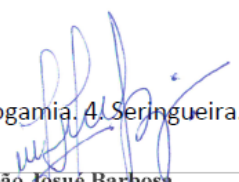
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

S586d Silva, Murilo da Serra.
Diversidade, estrutura genética e parentesco em populações de [*Hevea brasiliensis* (Willd. Ex Adr. de Juss.) Muell.- Arg.] conservadas *ex situ* / Murilo da Serra Silva. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2019
79 f. : il.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistema de Produção, 2019

Orientador: Miguel Luiz Menezes Freitas
Co-orientador: Mario Luiz Teixeira de Moraes
Inclui bibliografia

1. Coancestria . 2. Diferenciação genética. 3. Endogamia. 4. Seringueira.


João Josué Barbosa,
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação
Diretor Técnico
CRB 8-5642

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: DIVERSIDADE, ESTRUTURA E PARENTESCO EM POPULAÇÕES DE HEVEA BRASILIENSIS CONSERVADAS EX SITU

AUTOR: MURILO DA SERRA SILVA

ORIENTADOR: MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS

COORIENTADOR: MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA, especialidade: SISTEMAS DE PRODUÇÃO pela Comissão Examinadora:



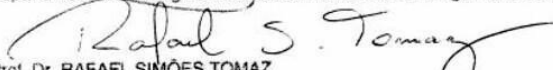
Prof. Dr. MIGUEL LUIZ MENEZES FREITAS

Secretaria do Meio Ambiente do Estado de São Paulo / Instituto Florestal de São Paulo / São Paulo/SP



Prof. Dr. JOÃO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira



Prof. Dr. RAFAEL SIMÕES TOMAZ

Coordenadoria de Engenharia Agrônoma / Faculdade de Ciência e Tecnologia de Dracena



Profa. Dra. MARCELA APARECIDA DE MORAES

Departamento de Biologia / Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto



Prof. Dr. CELSO LUIS MARING

Departamento de Genética / Instituto de Biotecnologia de Botucatu

Ilha Solteira, 28 de fevereiro de 2019

Dedico

À Maria, mãe santíssima e meu anjo da guarda,
pelo amor incondicional e por sempre me ajudarem na incessante busca
do melhor caminho até Deus.

Às minhas avós Laurídia e Fideralina que
compartilharam a felicidade de meu ingresso no doutorado
e atualmente descansam em paz e fazem morada eterna em
meu coração.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

As partes formam o todo e de nada é o todo sem as partes. Agradeço cada um que de alguma maneira contribuiu para a minha formação como ser humano e realização deste trabalho.

Aos meus pais Marcos e Marilda, pelo amor, orações diárias e por sempre me incentivarem aos estudos.

À minha Esposa Fabiola pelo amor, carinho e apesar da distância, estar ao meu lado em todos momentos.

Aos meus irmãos Marcos e Maurício, primos (as), tios (as), sobrinhos (as), afilhados (as), por estarem sempre comigo, partilhando sobretudo o amor.

À todos os amigos, especialmente, Jefferson César, Fábio Rodrigues e Reginaldo Cantão, pela sempre torcida e acompanhar, mesmo que distante, todos os meus passos e participar de minha alegria em cada chegada.

À Patrícia Shanley por sempre contribuir com minha formação profissional e amizade.

Ao meu orientador Miguel Luiz Menezes Freitas, por sua sempre atenção e disponibilidade em todos os momentos.

Ao meu coorientador Mario Luiz Teixeira de Moraes, por dividir com humildade todo o seu amplo conhecimento sobre genética e silvicultura, em suas disciplinas, conversas na FEPE e em seu gabinete. Grato por toda a sua atenção e me privilegiar em ter dois orientadores.

Ao Professor Alexandre Sebbenn por sua disponibilidade em ajudar nas análises dos dados moleculares e partilhar seu vasto conhecimento em genética de populações de espécies arbóreas.

Aos Professores João Antonio da Costa Andrade e Daniela Canuto por todas as contribuições em meu trabalho de qualificação.

Aos membros da banca examinadora: Dr. Celso Luis Marino, Dr. João Antonio da Costa Andrade, Dra. Marcela Aparecida de Moraes, Dr. Rafael Simões Tomaz, Dr. Bruno César Rossini, Dra. Daniela Silvia de Oliveira Canuto, Dra. Patrícia Ferreira Alves.

Ao Dr. Paulo Gonçalves por sua contribuição na primeira parte do trabalho.

Ao Dr. José Cambuim, por partilhar seu grande conhecimento adquirido na vivência e pesquisa acadêmica com as espécies arbóreas. Muito obrigado por sua amizade e apoio em todas as horas.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão da Unesp-FEIS (FEPE) pelo cuidado com o experimento que originou este trabalho. Grato ao Buchada Queiroz,

Alvino, Alexandre Flores, Zé Raimundo, Juliano, César, Zé Hernandez, Juninho, Sinval, Mazola, Júlio, Ailton, Baiano, Ederson, Wesley, Eduardo, Tejim, Carlão, Jau e em especial a José Cambuim e Alonso Ângelo por participarem de todas as etapas.

Aos colegas do IFPA-CRMB Carlos Freitas e Sandro Barbosa pelo apoio em algumas fases da pesquisa em Marabá-PA.

Ao Colega Deyvid Roger por contribuir em todas as etapas do trabalho de campo em Marabá-PA.

Aos colegas de turma e do Laboratório de Silvicultura e Genética de Populações, pela ajuda no campo e /ou diálogos construtivos: Selma Maria Bozzite de Moraes, Daniele Zulian, Silvelise Pupin, Thaísa Kubota, Maiara Cornacini, Camila Bernardi, Cecília Dourado, Darlin Zaruma, Francine Souza, Luciane Sato, Alexandre Marques, Lorena Capo, Marcelo Alcantara, Francieli Saul, Wanderley Santos, Elton Araújo, Lucas Lisboa.

À todos os funcionários da seção técnica de pós graduação, Marcia Chaves, Graciele Nizo, Thaís Rocha, Ailton Reis. Apesar do trabalho árduo, sempre atenciosos e profissionais em seus ofícios.

À todos os funcionários da biblioteca UNESP-FEIS, por promover um ambiente sempre agradável de estudo.

Aos motoristas da UNESP-FEIS, por fazerem o trajeto agronomia /FEPE com segurança e respeito aos seus usuários.

Aos amigos que Ilha Solteira me ofereceu e em diversos momentos minimizou a saudade da família: André Stuani, Daniele Zulian, Alonso Ângelo e família, José Cambuim e família, Alexandre Marques e família, Darlin Zaruma, Maiara Cornacini, Marcelo Alcantara, Luciane Sato.

Aos compadres Carlos Freitas, Ana Paula e minha afilhada Maria Paula, pelo apoio e acolhida em vários momentos da realização de minha pesquisa em Marabá-PA.

Aos amigos Sanderley Cruz, Samuel Aragão e Fabrício Marçal pela acolhida na chegada em Ilha Solteira e vários momentos agradáveis.

Ao meu primo Franklin Rolim pela sempre ajuda, sobretudo nas correções da língua inglesa.

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará (IFPA), pela concessão de meu afastamento e pelo apoio por meio do edital N° 04/2015 PROPPG. Muito obrigado por investir em minha qualificação profissional.

“A amizade se expressa na ajuda mútua e na gratidão”. Santo Agostinho.

RESUMO

Este estudo teve como finalidade conhecer a diversidade genética de duas populações de *Hevea brasiliensis*, conservadas *ex situ* em Selvíria-MS e Marabá-PA, bem como estimar os parâmetros genéticos e medidas de dissimilaridade de suas progênes. Foram utilizados 15 locos microssatélites para investigar a diversidade e estrutura genética e o parentesco de 18 matrizes da POP SEL e 46 da POP MAB. No ano de 2016, foi instalado em Selvíria-MS um teste de progênes a partir de sementes das referidas matrizes. As progênes foram avaliadas por meio de cinco variáveis silviculturais e oito morfológicas. A população de Selvíria apresentou número total de alelos (100) menor do que a população Marabá (179), com a média por locos de 6,7 e 11,9, respectivamente. A heterozigosidade esperada (\hat{H}_e), heterozigosidade observada (\hat{H}_o) e o índice de fixação (\hat{F}) foram semelhantes entre populações, mas a riqueza alélica (R) foi maior em Selvíria. A diferenciação genética entre as populações ($\hat{G}_{ST}' = 0,28$) revelou que 72% da diversidade genética está distribuída dentro das populações. O coeficiente médio de coancestria dentro de ambas as populações foi positivo, mas os valores foram próximos de zero ($< 0,08$) e considerando indivíduos de ambas as populações, a coancestria média foi zero (-0,001). A estimativa de parâmetros genéticos utilizando o modelo linear misto univariado aditivo REML/BLUP, demonstrou que a herdabilidade individual não foi significativa para a maioria das variáveis observadas nas progênes. Contudo, apresentaram herdabilidades das médias de progênes para variáveis silviculturais de moderada a alta (0,40 a 0,63) na POP MAB e baixa a alta (0,23 a 0,62) na POP SEL, promovendo os maiores valores de acurácia. Entre as estimativas por técnicas multivariadas, a variável perímetro do caule foi a que mais contribuiu para explicar a variação total na POP MAB e POP SEL, respectivamente 41,3% e 43,2%. As distâncias generalizadas de Mahalanobis determinaram que a maior distância genética (81,9), bem como a menor (1,1) são de combinações das progênes da POP MAB: 45 e 42 e 34 e 13 respectivamente. A técnica de agrupamento de Tocher formou 7 grupos de divergência genética na POP MAB, 9 na POP SEL e 5 considerando as duas populações. Análises moleculares e quantitativas sugerem que há diversidade, tanto nos parentais quanto nas progênes, portanto são de interesse para programas de conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: Coancestria. Diferenciação genética. Endogamia. Seringueira.

ABSTRACT

This study aimed to know the diversity, genetic structure and kinship of genotypes of two populations of *Hevea brasiliensis*, conserved ex situ in Selvíria-MS and Marabá-PA, as well as to evaluate the genetic parameters and measures of dissimilarity of their progenies. 15 microsatellite loci were used to investigate the diversity and genetic structure and kinship of 18 matrices from Selvíria-MS and 46 from Marabá-PA. In the year 2016, a progeny test was installed in Selvíria-MS from seeds of said matrices. The progenies were evaluated by means of five silvicultural variables and eight morphological variables. The population of Selvíria presented a total number of alleles (100) smaller than the Marabá population (179) with the average per locos of 6,7 and 11,9 respectively. The expected heterozygosity (\hat{H}_e), observed heterozygosity (\hat{H}_o) and fixation index (\hat{F}) were similar among populations, but allelic richness (R) was higher in Selvíria. Genetic differentiation among populations ($\hat{G}_{ST}' = 0.28$) revealed that 72% of genetic diversity is distributed within populations. The mean coefficient of coancestry within both populations was positive, but values were close to zero (<0.08) and considering individuals from both populations, mean covariance was zero (-0.001). The univariate mixed linear additive model methodology REML / BLUP showed that the individual heritability parameter was not significant for most of the variables observed in the progenies. However, they presented mean heritabilities of progenies for moderate to high silvicultural variables (0.40 to 0.63) in POP MAB and low to high (0.23 to 0.62) in POP SEL, promoting the highest values of accuracy. Estimates using multivariate techniques showed that the stem perimeter variable contributed the most to explain the total variation in POP MAB and POP SEL, respectively, 41.3 and 43.2%. The generalized distances of Mahalanobis determined that the greatest genetic distance (81.9) as well as the lowest (1.1) are combinations of the POP MAB progenies: 45 and 42 and 34 and 13. The Tocher grouping technique, formed 7 groups of genetic divergence in POP MAB, 9 in POP SEL and 5 considering both populations. Molecular and quantitative analyzes suggest that there is diversity both in the parental and in the progenies and therefore are of interest for conservation and breeding programs.

Keywords: Coancestry. Inbreeding. Genetic differentiation. Rubber tree.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Localização das matrizes de <i>Hevea brasiliensis</i> no município de Marabá-PA.....	21
Figura 2	- Localização das matrizes de <i>Hevea brasiliensis</i> no município de Selvíria-MS.....	22
Figura 3	- Temperatura média por mês no ano de 2016, nas estações meteorológicas do IFPA-Campus Rural de Marabá e UNESP-Ilha Solteira.....	24
Figura 4	- Distribuição de indivíduos em uma população de <i>Hevea brasiliensis</i> por meio de histograma de circunferência altura do peito (CAP), no município de Marabá-PA.....	25
Figura 5	- Distribuição de indivíduos em uma população de <i>Hevea brasiliensis</i> por meio de histograma de circunferência altura do peito (CAP), no município de Selvíria-M.....	26
Figura 6	- Circunferência das matrizes de <i>Hevea brasiliensis</i> da população Marabá e suas respectivas progênes.....	27
Figura 7	- Circunferência das matrizes de <i>Hevea brasiliensis</i> da população Selvíria e suas respectivas progênes.....	28
Figura 8	- Estimativa de coancestria (θ_{xy}) em 64 genótipos de <i>Hevea brasiliensis</i> em duas populações: Marabá (MAB) e Selvíria (SEL).....	47

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	- Informações de clima referentes ao ano de 2016 e tipo de solo dos locais onde estão os genótipos de <i>Hevea brasiliensis</i> estudados.....	23
Tabela 2	- Primers utilizados na caracterização de 15 locos microssatélites em <i>Hevea brasiliensis</i> , com o código do loco, número de acesso ao NCBI, sequência do primer, estimativa do tamanho médio do primer e código do sistema multiplex empregado.....	37
Tabela 3	- Diversidade genética em duas populações de <i>Hevea brasiliensis</i> , SEL e MAR. k é o número de alelos por loco; R é a riqueza alélica; H_o é a heterozigosidade observada; H_e é a heterozigosidade esperada; F é o índice de fixação; G_{ST} é a diferenciação genética entre populações; SD é o desvio padrão; * $P < 0.05$	46
Tabela 4	- Estimativas de parâmetros genéticos em teste de progênes de <i>Hevea brasiliensis</i> com 24 meses, referentes aos caracteres silviculturais perímetro a 50 cm do solo (C50 cm), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT), índice SPAD (SPAD) para as populações de Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS.....	66
Tabela 5	- Estimativas de parâmetros genéticos referente aos caracteres morfológicos, comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF) e média geral proveniente de progênes de <i>Hevea brasiliensis</i> aos 18 meses de idade, populações Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS.....	67
Tabela 6	- Análise de deviance em teste de progênie de <i>Hevea brasiliensis</i> para os caracteres silviculturais perímetro a 50 cm do solo (C50 cm), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT), índice SPAD (SPAD), população Marabá e população Selvíria, em Selvíria-MS.....	68
Tabela 7	- Análise de deviance em teste de progênie de <i>Hevea brasiliensis</i> para o caráter comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF), população Marabá e população Selvíria, em Selvíria-MS.....	68

Tabela 8	Análise de deviance em teste de progênie de <i>Hevea brasiliensis</i> para o caráter silviculturais perímetro a 50 cm do solo (C50 cm), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT), índice SPAD (SPAD), população Marabá e população Selvíria, em Selvíria-MS.....	69
Tabela 9	- Análise de deviance em teste de progênie de <i>Hevea brasiliensis</i> para o caráter comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF), procedência Marabá-PA e Selvíria-MS, em Selvíria-MS.....	70
Tabela 10	- Autos valores (λ) associados aos componentes principais, importância relativa (P) e acumulada (%) para 13 variáveis avaliadas em progênies de procedência de Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS.....	71
Tabela 11	- Estimativa das distâncias genéticas com base em Mahalanobis, considerando as 20 maiores e menores distâncias entre 55 progênies de <i>Hevea brasiliensis</i> a partir de 13 variáveis, em Selvíria-MS.....	72
Tabela 12	- Grupos de progênies de <i>Hevea brasiliensis</i> , constituído de acordo com procedimento adotado por Tocher, com base na distância de Mahalanobis a partir de 13 variáveis, em Selvíria-MS.....	73

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	16
2	OBJETIVOS	19
3	ESTRUTURA DO TRABALHO E QUESTÕES DE PESQUISA	20
4	LOCAL DE ESTUDO, CARACTERIZAÇÃO DE POPULAÇÕES, MATRIZES E PROGÊNIES ANALISADAS	21
4.1	LOCALIZAÇÃO DAS POPULAÇÕES E MATRIZES.....	21
4.2	CARACTERÍSTICAS EDAFOCLIMÁTICAS DOS LOCAIS ONDE FORAM AMOSTRADAS AS MATRIZES.....	22
4.3	CARACTERIZAÇÃO DAS POPULAÇÕES ONDE AS AMOSTRAS FORAM REALIZADAS.....	24
4.4	CARACTERIZAÇÃO DE MATRIZES E PROGÊNIES.....	26
	REFERÊNCIAS	29
5	CAPÍTULO I: Diversidade e estrutura genética em populações de <i>Hevea brasiliensis</i> conservadas ex situ	31
	RESUMO	32
	ABSTRACT	33
5.1	INTRODUÇÃO	34
5.2	MATERIAL E MÉTODOS	35
5.2.1	Análise molecular	36
5.2.2	Análise dos dados	38
5.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
5.4	CONCLUSÕES	42
	REFERÊNCIAS	43
6	CAPÍTULO II: Diversidade genética em progênies de polinização livre de <i>Hevea brasiliensis</i> oriundas de Marabá-PA e Selvíria-MS. II:	48
	RESUMO	49
	ABSTRACT	50
6.1	INTRODUÇÃO	51
6.2	MATERIAL E MÉTODOS	52
6.2.1	Caracteres analisados	53

6.2.1.1	<i>Caracteres silviculturais</i>	53
6.2.2.1	<i>Caracteres morfológicos</i>	53
6.2.2	Análises estatísticas	54
6.2.2.1	<i>Parâmetros genéticos</i>	54
6.2.2.2	<i>Análise multivariada</i>	56
6.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	58
6.3.1	Parâmetros silviculturais e morfológicos	58
6.3.2	Análise multivariada	60
6.4	CONCLUSÕES	62
	REFERÊNCIAS	63
	CONSIDERAÇÕES FINAIS	74
	APÊNDICE A: Croqui teste de progênies seringueira	75
	APÊNDICE B: Estimativa das 100 maiores distâncias genéticas de Mahalanobis entre progênies das POP MAB e POP SEL, em Selvíria-MS	76
	APÊNDICE C: Tabelas de estimativas de coancestria (θ_{xy}) entre genótipos das populações estudadas	77

1 INTRODUÇÃO

A seringueira (*Hevea brasiliensis*) é uma espécie que pertence à família Euphorbiaceae, sendo muito conhecida por ser produtora de exsudato laticífero, fonte de matéria prima para o fabrico do mais diversos produtos utilizados atualmente. Entretanto, o seu uso é secular. Gonçalves *et al.* (1990) citaram diversos trabalhos que se referem a utilização de artefatos por populações nativas da América do Sul desde 1500. A partir da descoberta do processo de vulcanização por Charles Goodyear no século XIX, a espécie se tornou mais conhecida e importante em nível mundial, devido à grande demanda de borracha, sobretudo para a fabricação de pneus em suprir a indústria automobilística. Principalmente no final do século XIX e início do XX, a borracha oriunda do extrativismo possibilita um salto no crescimento econômico na região Amazônica e várias mudanças ocorrem na arquitetura e cotidiano dos povos que ali residiam, principalmente dos grandes centros como Belém e Manaus que melhor usufruíram do período denominado de Belle époque Amazônica.

Em decorrência do crescimento da indústria automobilística e da possibilidade de confecção de diversos artefatos provenientes da borracha, vários países se interessaram em produzir borracha fora do seu centro de origem, reconhecendo como um produto essencial para o cotidiano no final do século XIX. Gonçalves *et al.* (1990) descreveram a importância do feito realizado em 1876, pelo inglês Henry Wickham, quando foram levadas sementes da Amazônia para a Inglaterra. As referidas sementes originaram genótipos que mais tarde foram encaminhados para a Ásia, região de clima tropical semelhante ao do Brasil.

Portanto, foi no século XIX que iniciaram os primeiros passos para os programas de conservação e melhoramento genético da espécie, fora do seu centro de origem, visto que a produção no Brasil era extrativista. No início do século XX o Brasil sem grandes avanços na domesticação da seringueira, foi surpreendido com a produção asiática e viu a economia da borracha declinar. A partir de então os países asiáticos dominam o mercado da borracha, permanecendo até os dias atuais.

O consumo de borracha no Brasil é suprido por importação, sobretudo de países asiáticos. Informações do Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio (BRASIL, 2018) revelam que o Brasil importou, no ano de 2017, 224,57 mil toneladas de derivados do látex, entre eles: borracha natural, balata, guta-percha, guaiule, chicle, etc, totalizando o valor equivalente a 406,22 milhões de dólares.

Diante do atual cenário, em que as mudanças climáticas têm avançado de maneira geométrica e a pesquisa em passos curtos, há a necessidade de perspicácia e celeridade em

solucionar os desafios postos. Em programas de conservação e melhoramento de plantas, a condição imprescindível é a variabilidade genética, importante para a manutenção das espécies e assim produzindo genótipos adaptados aos diferentes ambientes.

É de grande importância a conservação *ex situ*, ou seja, fora da sua área de origem, para a seleção de genótipos adaptados a diferentes tipos de ambientes. É importante também ressaltar a conservação *in situ*, em que a espécie permanece no local de origem e segue os processos naturais de evolução e pode ser constante fonte de diversidade para os programas de conservação e melhoramento. De acordo com dados do Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais_ INPE (2018), houve uma redução nos valores de taxas de desmatamento da Amazônia Legal Brasileira quando comparada as últimas décadas. Entretanto, no ano de 2017 ainda foram desmatados 6,9 km² de florestas. Castro e Andrade (2016) destacam a importância do equilíbrio econômico estar em consonância com o ecossistêmico, para a manutenção da Amazônia, sobretudo para a continuidade dos modos de vida e oferta de artefatos que tem como base a matéria prima proveniente de espécies oriundas do referido Bioma.

A *Hevea brasiliensis*, apesar de ser uma espécie estratégica e ter esforços de diferentes instituições de pesquisa no Brasil, por exemplo, o Instituto Agrônomo de Campinas, em programas para sua conservação e melhoramento, há constante demanda por variabilidade genética para a continuidade de suas pesquisas. É importante frisar que alguns clones originados em programas de melhoramento no Brasil, são procedentes de parentais dos clones asiáticos como apontado por Gonçalves e Marques (2014) para alguns clones paulistas.

Na constante busca de variabilidade, estão os programas de melhoramento genético de instituições sediadas na Ásia. Gonçalves *et al.* (1990) chama a atenção para a base genética restrita na formação dos primeiros plantios da Ásia que foram limitados a diversidade de plantas coletadas por Wickham, no estado do Pará e não teve amostra expressiva do germoplasma da espécie.

Conhecer a variabilidade genética de uma população, possibilita presumir a oportunidade de permanência de seus genótipos no ambiente. Em programas que envolvem a conservação e melhoramento de uma espécie, é essencial verificar o parentesco entre os genótipos e suas distâncias genéticas. Provido dessas informações é possível melhor planejar como manter a variabilidade genética e promover cruzamentos que aumentem a produtividade para uma determinada característica.

Com a finalidade de contribuir para programas de conservação e melhoramento genético de *Hevea brasiliensis*, o trabalho se propõe a estudar duas amostras de populações

conservadas *ex situ* em Marabá-PA e Selvíria-MS. A partir de marcadores moleculares e caracteres quantitativos (altura, diâmetro e etc), utilizados para diferenciar e selecionar melhores indivíduos de acordo com a expressão de sua constituição genética, o estudo propõe investigar a diversidade genética dos parentais (indivíduos adultos) e em seguida de seus filhos (progênies), bem como apontar potenciais genótipos de interesse.

A primeira parte do trabalho faz referência a diversidade genética utilizando marcador molecular. Demonstra por meio de alguns parâmetros como está o nível e distribuição da diversidade dentro e entre populações e o grau de parentesco entre os genótipos. Na segunda parte do trabalho, verifica quais são as progênies que possuem mais dissimilaridade, prenuncia valores de parâmetros que contribuirão para melhor planejar os ganhos de produção, por meio da seleção dos melhores genótipos.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Conhecer a diversidade genética de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. deJuss.) Muell-Arg.] de uma população plantada no sudeste paraense e nordeste sul-mato-grossense, de maneira a fornecer informações essenciais a programas de melhoramento genético e conservação *ex situ*.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Determinar a diversidade, estrutura genética, endogamia e parentesco de matrizes amostradas nas populações.

Predizer parâmetros e conhecer medidas de dissimilaridade de progênies, de modo a agrupá-las e distingui-las em relação a importância dos caracteres para a determinação da divergência genética.

3 ESTRUTURA DO TRABALHO E QUESTÕES DE PESQUISA

Inicialmente, o trabalho apresenta informações sobre o local onde estão as populações de Marabá-PA e Selvíria-MS. Em diálogo com alguns autores, apresenta as matrizes selecionadas em cada população e suas respectivas progênes que constituíram o experimento conduzido em Selvíria-MS.

A partir dos genótipos apresentados, o primeiro capítulo do trabalho faz referência a diversidade genética das matrizes, utilizando marcador molecular. Demonstra por meio de alguns parâmetros como está a distribuição da diversidade dentro e entre populações e o parentesco entre os genótipos. Responde sobretudo as seguintes perguntas:

a) As matrizes possuem diversidade de maneira a possibilitar cruzamentos entre indivíduos não relacionados?

b) A diversidade maior é dentro ou entre as populações?

c) Qual a estrutura e o grau de parentesco entre as matrizes amostradas?

No segundo capítulo, a partir de dados quantitativos aferidos nas progênes, estima os valores de parâmetros genéticos, a dissimilaridade e formação de grupos com base na distância genética entre as progênes. Responde aos seguintes questionamentos:

a) A polinização aberta gerou progênes de interesse para programas de conservação e melhoramento genético?

b) Quais progênes possuem maior distância genética? As maiores distâncias foram entre populações ou dentro de populações?

c) Quais caracteres apresentam maior indicativo de variabilidade genética?

4 LOCAL DE ESTUDO, CARACTERIZAÇÃO DE POPULAÇÕES, MATRIZES E PROGÊNIES ANALISADAS

As matrizes e as suas respectivas progênies, objetos de estudo neste trabalho, são oriundas de populações de *Hevea brasiliensis* situadas nos municípios de Marabá-PA e Selvíria-MS. O teste de progênies foi conduzido no município de Selvíria-MS e difere o número de matrizes e progênies (Quadro 1), devido as sementes de algumas matrizes não terem germinado ou as mudas não terem sobrevivido em campo.

Neste trabalho, tanto de matrizes quanto progênies foram denominadas de POP MAB e POP SEL, respectivamente.

Quadro 1- Número de genótipos estudados nas populações de Marabá-PA e Selvíria-MS.

Genótipos	POP MAB	POP SEL
Indivíduos CAP \geq 45 cm	1081	214
Matrizes	46	18
Progênies	39	16

Fonte: Elaboração do próprio autor.

4.1 LOCALIZAÇÃO DAS POPULAÇÕES E MATRIZES

A POP MAB está localizada na área do Instituto Federal do Pará - Campus Rural de Marabá (Figura 1), nas coordenadas geográficas de 05°34'14,8" S e 49°06'02,3" W, com altitude 100 m.

Figura 1- Localização das matrizes de *Hevea brasiliensis* no município de Marabá-PA.



Fonte: Google Earth (2018). imagem modificada pelo autor.

A POP SEL está situada no município de Selvíria-MS, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual Paulista (Figura 2), 51°24'0,5'' W, 20°20'30,8'' S e altitude de 368m.

Figura 2 - Localização das matrizes de *Hevea brasiliensis* no município de Selvíria-MS.



Fonte: Google Earth (2018). imagem modificada pelo autor.

4.2 CARACTERÍSTICAS EDAFOCLIMÁTICAS DOS LOCAIS ONDE FORAM AMOSTRADAS AS MATRIZES

A *Hevea brasiliensis* ocorre em ecossistema natural com definição de clima equatorial e úmido. Entretanto, em ecossistemas agrícolas, principalmente em arranjos de monocultura, a espécie exige condições climáticas peculiares para o seu desenvolvimento vegetativo e reprodutivo e imprópria para as epifitias causadas pelo *Microcyclus ulei*, causador do mal das folhas, considerada a doença de maior importância para a heveicultura.

Marabá-PA e Selvíria-MS, pertencem ao clima AW segundo a classificação de Köppen-Geiger e, portanto, caracterizado como clima tropical com períodos chuvosos e secos bem definidos. Apesar dos locais onde se encontram as populações pertencerem a mesma classificação climática, há algumas diferenças, principalmente quando observados dados de temperatura (Tabela 1) e (Figura 3). Camargo e Camargo (2014) estabeleceram “Faixas” que variam de Faixa A-ótima a Faixa G-inapta para o cultivo de *Hevea brasiliensis*. Na faixa ótima a temperatura média anual tem que ser superior a 18 °C e a média do mês mais frio

entre 15 a 20 °C. Na faixa inapta a temperatura média anual é de até 18 °C e a média do mês mais frio é igual ou menor que 15 °C.

Tabela 1- Informações de clima referentes ao ano de 2016 e tipo de solo dos locais onde estão os genótipos de *Hevea brasiliensis* estudados.

Características	Marabá-PA*	Selvíria-MS **
Precipitação anual (mm)	1.549	1.355,2
UR média (%) mínima	82	49,6
UR média (%) máxima	91	95,3
Temperatura mínima no ano (°C)	14,7	5,9
Temperatura máxima atingida (°C)	38,3	39,6
Temperatura média anual l(°C)	26,5	24,7
Temperatura média anual mínima (°C)	25,6	17,2
Temperatura média anual máxima (°C)	27,5	30,2
Tipo de solo	Argissolo Vermelho Amarelo ***	Latossolo Vermelho distrófico típico argiloso***

* Estação meteorológica do IFPA/Campus Rural de Marabá.

** Laboratório Engenharia Rural e Solos/Área de Hidráulica e Irrigação da UNESP/FEIS.

*** Com base no sistema brasileiro de classificação de solos, Santos *et al.* (2018)

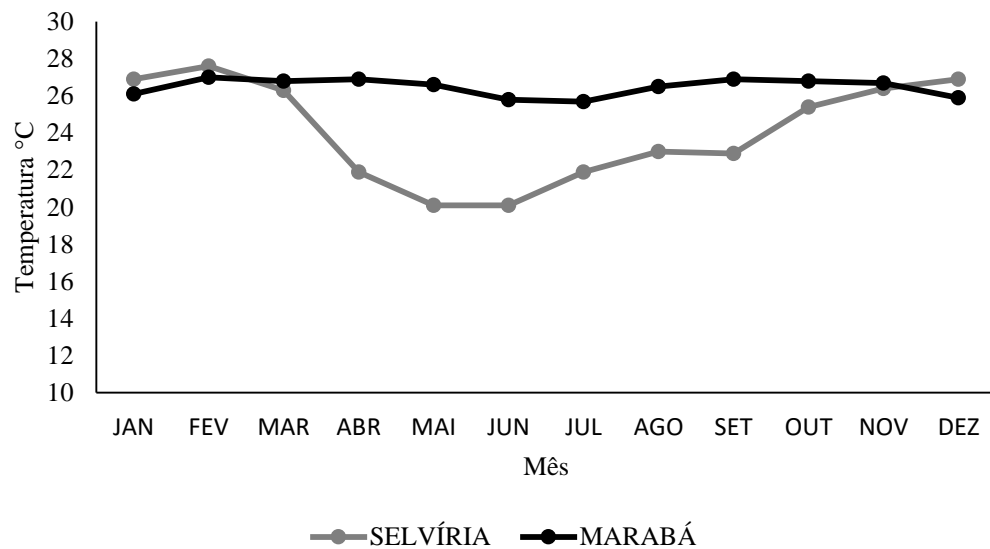
Fonte: Elaboração do próprio autor.

A temperatura média por mês variou de 25,7 a 27 °C nas proximidades do município de Marabá-PA e 20,1 a 27,6 °C em Selvíria-MS (Figura 3). Portanto a média do mês mais frio não é um limitante para a heveicultura nos locais onde as populações se estabeleceram. Entretanto, de acordo com a classificação de Camargo e Camargo (2014), Marabá-PA está situada em faixa de aptidão E-marginal, no qual pode apresentar alta deficiência hídrica e recomenda-se o plantio em solos profundos, enquanto Selvíria-MS está na faixa C e muito próxima da A, não sendo indicado o cultivo em baixadas para evitar o mal das folhas.

Em Selvíria-MS deve se observar o período de temperaturas mais baixas, principalmente para a produção de mudas ou implantação do teste de progênie. Camargo e Camargo (2014) chamaram a atenção para locais onde tem longo período com temperaturas média inferior a 15°C, pois pode em alguns casos parar as reações metabólicas da planta, e se persistir, poderá suceder a sua morte. Gasparotto (1988) descreveu que a temperatura média

no qual favorece o desempenho da espécie deve ser superior a 20°C e que a maior eficiência fotossintética ocorre no intervalo de 27 a 30°C.

Figura 3 - Temperatura média por mês no ano de 2016, nas estações meteorológicas do IFPA-Campus Rural de Marabá e UNESP-Ilha Solteira.



Fonte: Elaboração do próprio autor.

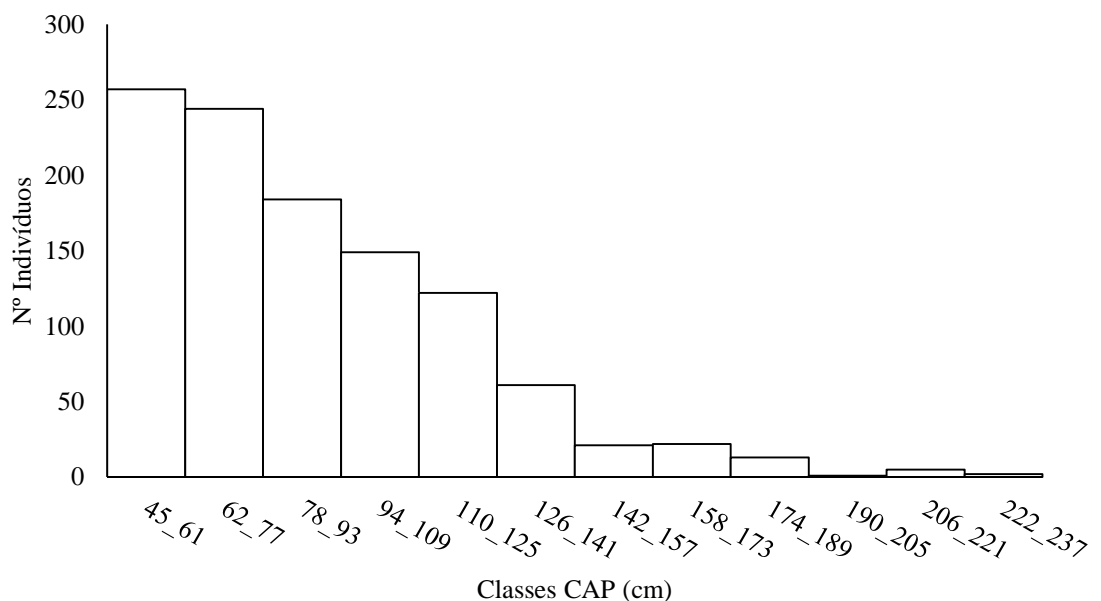
Pinheiro e Pinheiro (2014) destacaram também que a umidade relativa do ar é importante para o desenvolvimento do fungo causador do mal das folhas. Os autores consideram a área de escape climática, locais onde a umidade relativa do ar é baixa no momento do refohamento da planta, visto se tratar de uma espécie caducifólia. Contudo, é importante ressaltar que áreas antes consideradas como de escape da doença, podem por motivos de mudanças de alguns elementos climáticos, favorecer o desenvolvimento do fungo. Furtado *et al.* (2015) observaram em algumas regiões de escape, a ocorrência de clima mais úmido em períodos que deveria estar seco e concluíram não haver adaptação do fungo ao clima seco, mas ambiente favorável para o seu desenvolvimento.

4.3 CARACTERIZAÇÃO DAS POPULAÇÕES ONDE AS AMOSTRAGENS FORAM REALIZADAS

A POP MAB foi plantada aproximadamente no ano de 1980, por sementes de procedência desconhecida. Segundo relato local, as sementes iriam fornecer porta enxerto para instalação de um jardim clonal. Contudo a área não foi manejada e constituiu plantas

com as seguintes características: não enxertadas ou proveniente de enxerto mal sucedido e enxertadas. A ocorrência de árvores de *Hevea brasiliensis* está restrita a uma área aproximada de 4,2 ha, onde em 2018 foram conferidos 1081 indivíduos com circunferência altura do peito (CAP) igual ou maior a 45 cm, que é a medida inicial para a exploração do látex. A distribuição diamétrica da população de Marabá-PA é próxima de um J invertido (Figura 4), sugerindo que a população caminha em direção ao equilíbrio dinâmico, devido o estoque maior de indivíduos em classes diamétricas menores, promovendo perspectiva de permanência das classes com diâmetros maiores. Tal distribuição, também indica que a população possui indivíduos oriundos de sementes procedentes de cruzamentos de diferentes eventos fenológicos.

Figura 4- Distribuição de indivíduos em uma população de *Hevea brasiliensis* por meio de histograma de circunferência a altura do peito (CAP), no município de Marabá-PA.

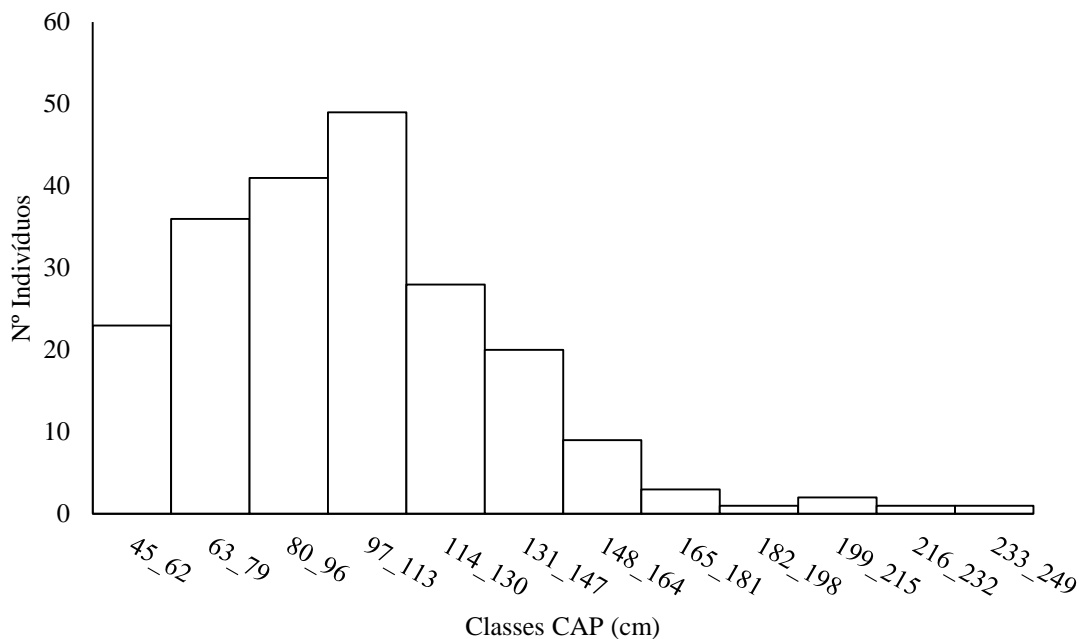


Fonte: Elaboração do próprio autor.

As sementes que originaram os indivíduos da população SEL, foram colhidas no ano de 1980 em um seringal no município de José Bonifácio-SP, constituído pelos clones GT1, PR 107, RRIM 600, IAN 873 e IAN 717. As sementes foram colhidas na linha de ocorrência do clone GT1, próximo a base das árvores. As mudas foram produzidas no mesmo ano, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Unesp, no município de Selvíria-MS, no intuito de servir como porta enxerto, também para os clones PR 107, RRIM 600, IAN 873 e IAN 717, entretanto alguns não foram bem sucedidos e permaneceram os pés francos. Levantamento realizado no ano de 2016, identificou 214 indivíduos pés francos com

circunferência altura do peito (CAP) igual ou superior a 45 cm (Figura 5). Como esperado em uma floresta equiânea, plantada e manejada, a distribuição dos indivíduos é próxima de uma curva normal, assim como observado por Lima e Leão (2013) em uma floresta de *Hevea brasiliensis* plantada no Acre.

Figura 5- Distribuição de indivíduos em uma população de *Hevea brasiliensis* por meio de histograma de circunferência a altura do peito (CAP), no município de Selvíria-MS.



Fonte: Elaboração do próprio autor.

4.4 CARACTERIZAÇÃO DE MATRIZES E PROGÊNIES

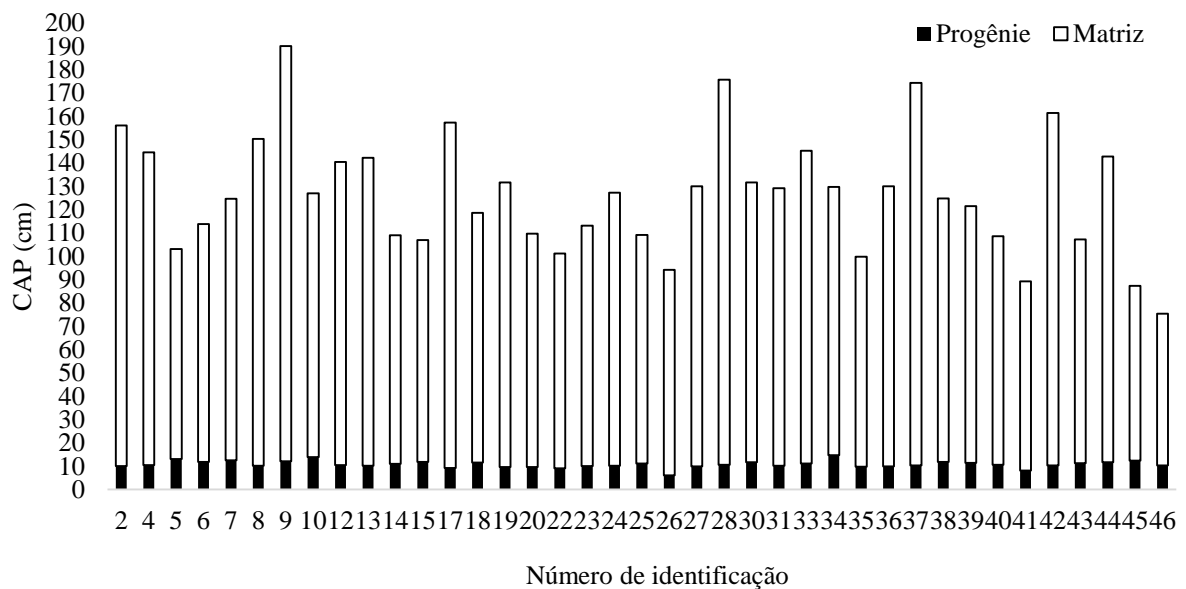
Na primeira etapa de programas de conservação e melhoramento genético é de suma importância ter diversidade para a realização de cruzamentos e obtenção de diferentes genótipos, se possível não relacionados. Para a coleta de sementes, Sebbenn (2006) sugere que as matrizes estejam distantes pelo menos 100 metros ou duas vezes a altura da árvore para evitar coleta de genótipos com algum parentesco. Para a conservação *ex situ* de espécies com sistema de reprodução misto e com altas taxas de cruzamento ($t > 0,8$), Sebbenn (2003) estabelece um tamanho amostral de 35 progênies com no mínimo 20 plantas. Considerando as taxas de fecundação cruzada em populações naturais de *Hevea brasiliensis*, descritas por Paiva e Kageyama (1993), de 64,4% e Simmonds (1989) com estimativas entre 16 e 28% de autofecundação, citado por Paiva e Kageyama (1993), pode-se dizer que o número de 35

matrizes de *Hevea brasiliensis* na maioria dos casos está próxima do ideal e ótimo, onde a taxa de cruzamento da população amostrada, seja maior que 80%.

A POP MAB é composta por 46 indivíduos adultos (Figura 6) e a POP SEL por 18 indivíduos (Figura 7) e foram selecionados pelo critério de possuir frutos aparentemente maduros e suficientes para originar plantas suficientes para a instalação do teste de progênie de acordo com Sebbenn (2003).

O teste de progênie é um experimento muito útil não apenas para verificar a performance dos filhos em relação aos seus parentais para um determinado caráter. É importante para fornecer informações interessantes para o melhoramento, por meio da seleção baseada em parâmetros de herdabilidade e valor genético. Com o uso de técnicas de polinização controlada, por exemplo, testa as capacidades específicas e gerais de recombinação. Por meio do estudo de similaridade entre os indivíduos, contribui para melhor tomada de decisão nas estratégias utilizadas para programas de conservação e melhoramento genético.

Figura 6 - Circunferência das matrizes da população Marabá e suas respectivas progênies.

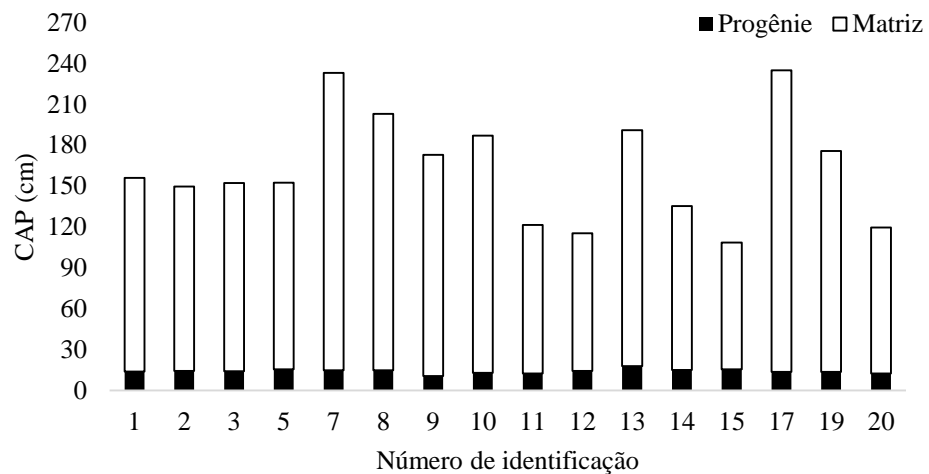


Fonte: Elaboração do próprio autor.

As mudas produzidas para o teste de progênie referentes a este trabalho, originaram-se de sementes do evento reprodutivo de 2015. Em agosto de 2016 foram para campo na

Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Unesp em Selvíria-MS, consorciadas com o jequitibá (*Cariniana estrellensis* (Raddi) Kuntze), ambas as espécies em espaçamento de 4 m x 3 m. Ficaram distribuídas as plantas em 15 linhas, sendo 13 com 65 plantas e uma com 32 e 10 plantas respectivamente (Apêndice A). O delineamento estatístico utilizado foi blocos ao acaso, uma planta por parcela com 20 repetições. Contudo, algumas progênes não produziram mudas suficientes para completarem alguns blocos, permanecendo estes com menor número.

Figura 7 - Circunferência das matrizes da população Selvíria e suas respectivas progênes.



Fonte: Elaboração do próprio autor.

As progênes da POP SEL descendem de genótipos melhorados, pois as matrizes têm como o possível parental feminino o clone GT1. Ainda, as progênes possuem na maioria dos cruzamentos um clone comercial como parental masculino, uma vez que a origem do pólen provém dos clones PR 107, RRIM 600, IAN 873, IAN 717 e em menor percentual, autofecundação. Como os programas de melhoramento de *Hevea brasiliensis* buscam o vigor em caracteres de crescimento, é possível que as progênes da POP SEL estejam manifestando a superioridade para o caráter CAP, quando comparado com a POP MAB. Ainda que as maiores medidas da CAP das matrizes não necessariamente acompanham as médias das progênes (Figura 6 e Figura 7), a maioria das progênes da POP SEL teve média superior a 13 cm de circunferência a 50 cm do solo, enquanto a POP MAB ficou próximo de 10 cm. A média de circunferência a 50 cm do solo, considerando todas as progênes da POP SEL é de 14,2 cm e POP MAB 10,8 cm.

REFERÊNCIAS

- BRASIL. MINISTÉRIO DO DESENVOLVIMENTO, INDÚSTRIA E COMÉRCIO. Estatísticas de comércio exterior. In: MINISTÉRIO DO DESENVOLVIMENTO, INDÚSTRIA E COMÉRCIO. **Comex Vis**: principais produtos importados. Brasília: Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio, 2018. Disponível em: <http://www.mdic.gov.br/comercio-exterior/estatisticas-de-comercio-exterior/comex-vis/frame-ppi?ppi=1071>. Acesso em: 30 out. 2018.
- CAMARGO, A. P.; CAMARGO, M. B. P. Aptidão climática da heveicultura no Brasil. In: ALVARENGA, A.P.; CARMO, C.A.F.S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. p. 793-840.
- CASTRO, A. S.; ANDRADE, D. C. O custo econômico do desmatamento da Floresta Amazônica brasileira (1988-2014). **Perspectiva Econômica**, São Leopoldo, v. 12, n. 1, p. 1-15, 2016.
- FURTADO, E. L.; CUNHA, A. R.; ALVARES, C. A.; BEVENUTO, J. A. Z.; PASSOS, J. R. Ocorrência de epidemia do mal das folhas em regiões de "escape" do Brasil. **Arquivos do Instituto Biológico**, São Paulo, v. 82, n.1, p. 1-6, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1808-657000882013>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_isoref&pid=S180816572015000100319&lng=en&tlng=pt. Acesso em: 27 dez. 2018.
- GASPAROTTO, L. **Epidemiologia do mal das folhas (*Microcyclus ulei* (P.Henn) v. Arx) da seringueira (*Hevea* sp.)**. 1988. 124 f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1988.
- GONÇALVES, P. S.; MARQUES, J. R. B. Clones de seringueira: influência dos fatores ambientais na produção e recomendação para o plantio. In: ALVARENGA, A. P.; CARMO, C. A. F. S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. p. 181-246.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M.; ORTOLANI, A. A. Origem, variabilidade e domesticação da Hevea: uma revisão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 25, n. 2, p. 135-156, 1990.
- INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS- INPE. **Taxas anuais de desmatamento na Amazônia Legal Brasileira**. São José dos Campos: Instituto nacional de pesquisas espaciais, 2018. Disponível em: <http://www.obt.inpe.br/prodes/dashboard/prodes-rates.html>. Acesso em: 30 out. 2018.
- LIMA, J. P.; LEÃO, J. R. A. Dinâmica de crescimento e distribuição diamétrica de fragmentos de florestas nativa e plantada na Amazônia Sul Ocidental. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 20, n. 1, p. 70-79, 2013.
- PAIVA, J. R.; KAGEYAMA, P. Y. Novo enfoque do melhoramento genético da seringueira para a região amazônica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, n. 12, p. 1391-1398, 1993.

PINHEIRO, E.; PINHEIRO, F. S. V. Heveicultura em área de escape. In: ALVARENGA, A. P.; CARMO, C. A. F. S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. p. 83-126.

SANTOS, H. G. dos.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C. dos.; OLIVEIRA, V. A. de.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A. de.; ARAUJO FILHO, J. C. de.; OLIVEIRA, J. B. de.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. *E-book*. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1094003>. Acesso em: 18 mar. 2019.

SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em espécies arbóreas tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA A. R.; SULVA, L. D. **Pomares de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: FUPEF, 2006. p. 93-138.

SEBBENN, A. M. Tamanho amostral para conservação *ex situ* de espécies arbóreas com sistema misto de reprodução. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 15, n. 2, p. 147-162, 2003.

SIMMONDS, N. W. Rubber breeding. In: WEBSTER, C. C.; BAULKWILL, W. J. (ed.). **Rubber**. London: Harlow, 1989. p. 85-124.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA- UNESP. Departamento de Fitossanidade, Engenharia Rural e Solos/Área de Hidráulica e Irrigação. **Dados climáticos de Ilha Solteira**. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira: Ilha Solteira, 2017. Disponível em: http://clima.feis.unesp.br/dados_diarios.php. Acesso em: 9 maio 2017

5 CAPÍTULO I

Diversidade e estrutura genética em populações de *Hevea brasiliensis* conservadas *ex situ*.

O capítulo foi revisado por pares e será publicado no periódico Scientia Forestalis v.47, n.122, junho de 2019, sob o título: “Genetic diversity and structure in *ex situ* conserved populations of *Hevea brasiliensis*”

RESUMO

Locos microssatélites foram utilizados para verificar a diversidade, estrutura genética e o parentesco de duas populações de *Hevea brasiliensis* conservadas *ex situ*, uma em Selvíria, estado do Mato Grosso e uma em Marabá, estado do Pará e assim conhecer seu potencial para programas de melhoramento genético e conservação. A população de Selvíria apresentou número total de alelos (100) menor do que a população Marabá (179) com a média por locos de 6,7 e 11,9 respectivamente. A heterozigosidade esperada (\hat{H}_e), heterozigosidade observada (\hat{H}_o) e o índice de fixação (\hat{F}) foram semelhantes entre populações, contudo a riqueza alélica (R) foi maior em Selvíria. A diferenciação genética entre as populações ($\hat{G}'_{ST} = 0,28$) revelou que 72% da diversidade genética está distribuída dentro das populações. O coeficiente médio de coancestria dentro de ambas as populações foi positivo, mas os valores foram próximos de zero ($< 0,08$) e considerando indivíduos de ambas as populações, a coancestria media foi zero (-0,001). Portanto, os cruzamentos entre indivíduos dessas populações podem ser priorizados para promover uma maior heterose no programa de melhoramento. Os resultados sugerem que as populações são de interesse para programas de conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: Genética de populações. Seringueira. Microssatélites.

ABSTRACT

Using microsatellite loci, this study assesses the genetic diversity and structure and relatedness in two conserved *ex situ Hevea brasiliensis* populations in Selvíria, Mato Grosso do Sul State, and Marabá, Pará State, Brazil. The aim of the study was to determine the potential of these populations for breeding and conservation programs. The total number of alleles was lower in Selvíria (100) than in Marabá (179 alleles), with an average of 6.7 and 11.9 alleles per locus, respectively. The expected heterozygosity (\hat{H}_e), observed heterozygosity (\hat{H}_o), and fixation index (\hat{F}) were similar between populations, but allelic richness (R) was higher in Selvíria. Genetic differentiation between populations ($\hat{G}_{ST}' = 0.28$) indicates that genetic diversity is mainly distributed within populations. The mean coancestry coefficient in each population was positive but close to zero (< 0.08), and when considering both populations together it was -0.001 . Therefore, crosses between individuals of these populations can be encouraged to promote heterotic effects through breeding. The results suggest that the studied populations can be used in both conservation and breeding programs.

Keywords: Microsatellite markers. Population genetics. Rubber tree

5.1 INTRODUÇÃO

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex ADR. de Juss)] Muell.-Arg. é fornecedora de matéria prima para o fabrico dos mais diferentes artefatos utilizados no cotidiano. Apesar de ser uma espécie genuinamente amazônica, segundo Homma (2012), a maioria da borracha demandada pelo mercado brasileiro é importada. O mesmo autor ressalta a necessidade de centenas de milhares de hectares para plantio, que resulta em boa opção de renda para milhares de pequenos produtores.

Na Amazônia a exploração da espécie ainda decorre do extrativismo, somente ocorrendo melhores índices produtivos em sistema como o proposto por Kageyama *et al.* (2002), com ilhas de alta produtividade. Entretanto, o aumento de produtividade ocorreu por meio de seleção de genótipos, inicialmente conservados *ex situ* (OLIVEIRA *et al.*, 2015; SOUZA *et al.*, 2017) que permitiu o plantio em diferentes agroecossistemas, tal como sistemas agroflorestais (RIGHI *et al.*, 2008; VIRGENS FILHO, 2014) e monocultivo (GONÇALVES *et al.*, 2011). Contudo, o sucesso da domesticação ocorreu fora do seu centro de origem, em regiões com o ecossistema desfavorável para o desenvolvimento do *Microcyclus ulei* (Henn.) Arx., causador do mal das folhas, a enfermidade de maior importância para a heveicultura.

A conservação *ex situ* assume grande importância não apenas para a manutenção da variabilidade da espécie perante o cenário de desflorestamento das populações naturais no centro de origem, mas, sobretudo, para viabilizar o melhoramento genético, adaptando genótipos aos diferentes tipos de ambientes. Nesse sentido, diversos esforços têm sido conduzidos na busca de dissimilaridade entre genótipos para obtenção de heterose satisfatória nos cruzamentos, como demonstrado em Aguiar e Gonçalves (2006).

A diversidade genética é de grande relevância para o sucesso de programas de conservação e melhoramento. O uso de marcadores moleculares tem sido empregado para conhecer a diversidade genética, por meio da estimativa de parâmetros como a heterozigosidade esperada e observada, coeficiente de endogamia, índice de fixação, dentre outros. Algumas pesquisas para análise de parâmetros genéticos dessa espécie foram conduzidas com esses marcadores (PERSEGUINI *et al.*, 2012; CUBRY *et al.*, 2014; PETHIN *et al.*, 2015), oferecendo alto potencial de aplicabilidade em estudos genéticos, envolvendo seringueira (SOUZA *et al.*, 2009).

Várias regiões no Brasil possuem condições edafoclimáticas favoráveis para o cultivo da seringueira e, por este motivo, diversos genótipos estão sendo estudados para fins de

melhoramento genético em coleções *ex situ*. No estado do Pará, Camargo e Camargo (2014) identificaram as áreas com aptidão para heveicultura. Definiram que há faixas de apta, ou seja, sem incidência do mal das folhas e com condições edafoclimáticas satisfatórias e marginal com o predomínio da faixa marginal E, que é assim denominada por ser possível o cultivo da seringueira desde que haja disponibilidade de água e solos profundos. Também no Mato Grosso do Sul, os autores apontaram uma significativa parte de território com aptidão que varia de apta a ótima para o desenvolvimento da heveicultura.

Utilizando marcadores microssatélites, o trabalho teve como finalidade verificar a diversidade e estrutura genética, endogamia e parentesco em duas populações conservadas *ex situ* em Marabá-PA e Selvíria-MS, Brasil.

5.2 MATERIAIS E MÉTODOS

Foram amostrados somente os indivíduos adultos de *Hevea brasiliensis* de duas populações, Marabá-PA e Selvíria-MS, aptos a se tornarem matrizes em um teste de progênie. As populações foram denominadas neste trabalho como POP MAB e POP SEL, respectivamente.

A POP MAB encontra-se localizada no município de Marabá-PA, área do Instituto Federal do Pará - Campus Rural de Marabá, nas coordenadas geográficas de 05°34'14,8" S e 49°06'02,3" W, com altitude 100 m. A população é composta por 46 indivíduos adultos, remanescentes de uma plantação instalada em 1980 por sementes de procedência desconhecida. A área dessa população é de 4,2 hectares. No município de Marabá-PA, segundo Köppen-Geiger, a classificação do clima é AW, encontra-se na faixa de transição AM. Dados da estação meteorológica do campus do IFPA Marabá Rural referentes ao ano 2016 indicou a temperatura média anual de 26.5°C, com média máxima em torno de 27.5°C e mínima de 15.6°C. O índice pluviométrico foi de 1.549 mm/ano. O solo é do tipo Argissolo Vermelho-Amarelo com base na nomenclatura do sistema brasileiro de classificação de solos (SANTOS *et al.*, 2018).

A POP SEL está situada no município de Selvíria-MS, na fazenda de ensino, pesquisa e extensão da Universidade Estadual Paulista, 51°22'W, 20°22'S e altitude de 335 m. O clima é tropical úmido do tipo Aw segundo classificação internacional de Köppen-Geiger. No ano de 2016, a temperatura média anual foi de 24.7°C e umidade relativa do ar média em torno de 75 %; a precipitação pluvial média anual foi de 1355.2 mm (UNESP, 2016). O tipo de solo onde as matrizes estão estabelecidas é Latossolo Vermelho distrófico típico argiloso (LVd),

conforme nomenclatura do sistema brasileiro de classificação de solos (SANTOS *et al.*, 2018). Essa população foi constituída por 18 indivíduos adultos, oriundos de polinização aberta, coletadas as sementes na base das árvores em linhas de clone GT1. Contudo o seringal foi constituído também pelos clones: PR 107, RRIM 600, IAN 873, IAN 717 e devido a espécie apresentar deiscência explosiva, pode ter indivíduos de sementes procedentes dos referidos clones.

5.2.1 Análise molecular

Folhas foram utilizadas para a extração de DNA e procedimentos para a realização de PCR seguiram o protocolo descrito por Faria *et al.* (2011). Os dados iniciais foram gerados no sequenciador ABI 3100XL e exportados usando o *software* Genotyper. Os marcadores foram selecionados com base nos locos microssatélites provenientes de estudo realizado por Le Guen *et al.* (2009), que analisaram a estrutura genética de populações em *Hevea brasiliensis*. Contudo, para melhor qualidade e otimização das análises, os *primers* foram redesenhados pelo laboratório Heréditas/Genomax, de acordo com a sequência disponível no GenBank do National Center Biotechnology Information (NCBI). As sequências de *primers* usadas para cada loco, bem como o sistema multiplex no qual foram amplificados caracterizam as análises moleculares realizadas (Tabela 2).

Tabela 2- *Primers* utilizados na caracterização de 15 locos microssatélites em *Hevea brasiliensis*, com o código do loco, número de acesso ao NCBI, sequência do *primer*, estimativa do tamanho médio do *primer* e código do sistema multiplex empregado.

Loco	Número acesso NCBI	Primer	Tamanho médio (bp)	Multiplex
A2365	AY486666	[6-fam]-cattcggtagcgcattatca gtttcgectctctcctctgetat	144	A
A2368	AY486668	[6-fam]-tcaaggttcaataaagcttcaca gtttaaattcagttcacaatgctgtca	240	A
A2387	AY486690	[vic]-gtgaggaccagactttga gtttagctgcagagagccagagac	227	A
A2389	AY486679	[ned]-tctttggcttttcaataaatttc gtttcatccaccacagtttcgag	180	A
A2406	AY486697	[vic]-cactgacctatagggtatatctca gtttgcttttgttctgatgc	148	A
A2413	AY486681	[ned]-aatagaggggaatgccacag gtttccgaagagcttaaggacgtg	241	A
A2508	AY486740	[6-fam]-gcagatctaggccatagaaa gtttgccttaggtagcttgcgat	244	B
A2684	AY486821	[ned]-aaaggaagaggttgctgctg gtttccttttcttttctattttctga	142	B
A2689	AY486822	[6-fam]-aagccacagccattcttgat gtttaaactcaaaaccacaaagaaaa	110	A
A2376	AY486841	[vic]-gcaaaactttgcaatttctcaa gtttgaaagaacaggaaatcatca	238	B
A2762	AY486852	[ned]-tccatgagcacaagtaccaa gtttgcgctcacaatttcaaaa	247	B
TA2163	AY486617	[vic]-aaaaatttctggatgatgttatactt gtttgctaacatcagacatgcctagaga	144	B
TAs2558	AY486760	[6-fam]-tctctactcaatacaaggaagg gtttaaccctgtaaccaacg	202	B
BAC55B02	DQ115609	[6-fam]-cccaacaggtcaaggtttct gtttgcagaatgtgatttcttctc	136	B
T2083	AY486904	[ned]-cctcacctgcaatgagaaca gtttgctctcttccctcttt	129	B

Fonte: Elaboração do próprio autor.

5.2.2 Análise de dados

Diversidade genética

Para a análise de diversidade genética dos genótipos de *Hevea brasiliensis* foi utilizado o programa *Fstat* (GOUDET, 2002), onde estimou-se os parâmetros: total de alelos, número de alelos por locos (k), riqueza alélica (R), heterozigosidade observada (\hat{H}_o), heterozigosidade esperada em equilíbrio de Hardy-Weinberg (\hat{H}_e), heterozigosidade média entre populações (\hat{H}_s), heterozigosidade total (\hat{H}_t), índice de fixação (\hat{F}) para cada loco. Os procedimentos utilizados são descritos a seguir. Devido ao tamanho da amostra ser menor que 50 indivíduos, o valor de (\hat{F}) foi estimado de acordo com Weir (1996). A significância estatística do valor de (\hat{F}) foi estimada por meio do método de reamostragem de locos *jackknifing*. O cálculos foram realizados de acordo com as seguintes equações:

Heterozigose

A quantidade do loco foi estimada com base em método de Brown e Weir (1983).

a) Heterozigosidade observada (\hat{H}_o)

$$\hat{H}_o = 1 - \sum P_{ii}$$

Em que, P_{ii} é a frequência dos genótipos homozigotos.

b) Heterozigosidade esperada (\hat{H}_e)

A heterozigosidade esperada foi estimada de acordo com Nei (1978).

$$\hat{H}_e = \frac{2n(1 - \sum p_i^2)}{2n - 1}$$

Em que, p_i é a frequência alélica estimada do i -ésimo alelo; n é o tamanho da amostra e $2n/(2n-1)$ se refere a correção gauseana para amostras $n \leq 50$.

c) Heterozigosidade média esperada (\hat{H}_s)

Estimada por meio da média aritmética dos locos estudados.

d) Índice de fixação de Wright (\hat{F})

O índice baseado em Weir (1996) considerando a heterozigosidade observada (H_o) e heterozigosidade esperada (H_e), de acordo com a fórmula:

$$\hat{F} = \frac{H_e - H_o + \frac{1}{2n} H_o}{H_e - \frac{1}{2n} H_o}$$

5.2.3 Diferenciação genética entre as populações

O coeficiente de diferenciação genética (\hat{G}_{ST}'), foi estimado com base em procedimentos elaborados por Hedrick (2005). Esse estimador melhor indica a diferenciação genética para marcadores microssatélites, constituídos de locos altamente variáveis. Para o cálculo do referido índice foi utilizada a seguinte fórmula:

$$\hat{G}_{ST}' = \frac{\hat{G}_{ST}(1 + \hat{H}_s)}{1 - \hat{H}_s}$$

em que:

\hat{G}_{ST}' é o índice de diferenciação genética elaborado por Nei (1973)

\hat{H}_s é a média da heterozigosidade esperada em cada loco.

5.2.4 Parentesco entre indivíduos das populações ($\hat{\theta}_{ij}$)

Para estimar o nível de parentesco entre os indivíduos, utilizou-se o cálculo do coeficiente de coancestria, que é um estimador multiloco descrito por Loiselle et al. (1995), no qual analisa cada par de indivíduo. Os dados foram processados no programa computacional Spagedi (Hardy e Vekemans, 2002).

$$\hat{\theta}_{ij} = \frac{\sum_{i=1}^k (p_i - \bar{p}_k)(p_j - \bar{p}_k)}{\sum_{k=1}^K \bar{p}_k(1 - \bar{p}_k)} + \frac{1}{(2n - 1)}$$

em que, p_i e p_j são as frequências do alelo k nos indivíduos i e j , \bar{p}_k é a média da frequência dos alelos na população parental e n é o tamanho amostral.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número total de alelos identificados nas duas populações foi de 197, variando entre locos de 3 a 20, com uma média de 9,3 alelos. O número total de alelos foi menor em Selvíria (100) do que em Marabá (179), com uma média de 6,7 e 11,9 alelos por locos respectivamente (Tabela 3). Baseado no t-test não pareado ($t=2,75$; $P=0,010$) a POP MAB apresentou maior riqueza alélica ($R = 9,20$) do que a POP SEL ($R = 6,67$). Entretanto, foi observado um maior número de locos em heterozigose na POP SEL (nove locos) do que na POP MAB (seis locos). Estes resultados indicam que a POP SEL possui maior potencial para produzir novos genótipos com sucesso adaptativo para diferentes ambientes. Contudo, as duas populações estudadas têm nível similar de diversidade genética se considerar as médias de heterozigosidades observadas (\hat{H}_o), heterozigosidade esperada (\hat{H}_e) e índice de fixação (\hat{F}).

Os resultados observados para ambas as populações, mostram níveis de diversidade genética similar a outros estudos de *H. brasiliensis*. Por exemplo, Le Guen et al. (2009), estudando 307 indivíduos de 19 locais diferentes, encontraram \hat{H}_o de 0,59, enquanto Perseguini et al. (2012) reportaram \hat{H}_o de 0,25 em acessos de seringueira. As estimativas para a POP SEL e POP MAB são comparáveis com resultados obtidos por Souza et al. (2015) que analisaram mais que 1000 acessos de coleções *ex situ* ao longo da América do Sul, incluindo estados da Amazônia brasileira e encontrou média de \hat{H}_o de 0,64 e \hat{H}_e de 0,76.

Para a maioria dos locos, em ambas as populações, a \hat{H}_e foi maior do que \hat{H}_o , resultando em valores de \hat{F} positivos e médias significativamente maiores do que zero na POP SEL (0,142) e POP MAB (0,162), indicando endogamia (Tabela 3). Phumichai et al. (2015), analisando duas populações de seringueira verificaram valores positivos (0,015 e 0,254), enquanto Souza et al. (2015) observaram a média de 0,160.

Estes estudos foram com base em amostras de indivíduos adultos e sugere que a endogamia em algumas populações de *H. brasiliensis* pode não resultar em depressão por endogamia. Isso pode ser explicado pelo fato de que a carga genética ou alelos deletérios, a causa da depressão por endogamia, é uma característica da população; enquanto algumas populações podem apresentar endogamia (homozigose para alelos idênticos por descendência), não há depressão por endogamia devido à ausência ou baixa frequência de alelos deletérios. Explicações alternativas podem incluir a ocorrência de alelos nulos em alguns locos e/ou o efeito Wahlund (BITENCOURT; SEBBENN, 2007).

É conhecido o fato dos locos microssatélites pré-estabelecerem alelos nulos devido à não amplificação de alguns alelos. Isso pode resultar na classificação equivocada de genótipos como homozigotos quando de fato são heterozigotos e assim promovendo um excesso de indivíduos homozigotos. Além disso, o efeito Wahlund pode ocorrer se indivíduos de diferentes populações, ou a população amostrada, forem compostos por misturas de estruturas familiares (BITENCOURT; SEBBENN, 2007).

O coeficiente de coancestria é um indicador de similaridade ou divergência genética entre pares de indivíduos e determina o seu grau de parentesco. De acordo com os valores das estimativas podem ser considerados não relacionados ($\hat{\theta}_{ij}=0$), primos de primeiro grau ($\hat{\theta}_{ij}=0,0625$), meios irmãos ($\hat{\theta}_{ij}=0,125$), irmãos completos, pai ou mãe ou filho ($\hat{\theta}_{ij}=0,25$), irmão de autofecundação ou clone de cruzamento ($\hat{\theta}_{ij}=0,5$) e clone de autofecundação ($\hat{\theta}_{ij}=1,0$). A média de coancestria (0,08) da POP SEL foi próxima da esperada para primos de primeiro grau e para o MAB foi próxima de zero (0,012). A POP MAB mostrou alta frequência de indivíduos não aparentados (Apêndice C), seguidos de primos, meio-irmãos e irmãos-completos (Figura 8). A POP SEL seguiu o mesmo padrão de distribuição, exceto para o nível de meios-irmãos, com uma frequência similar a indivíduos não relacionados. Considerando as duas populações juntas, um alto percentual de indivíduos não aparentados foi observado, sugerindo menores níveis de parentesco entre indivíduos de diferentes populações do que dentro das populações.

As estimativas de valores de coancestria ($\hat{\theta}_{ij}$), demonstram que a POP MAB tem um maior percentual de indivíduos não relacionados em comparação a POP SEL (Figura 8), assim como menor porcentagem de primos de primeiro grau, meio irmãos e irmãos completos. Isto é consistente com a origem materna comum da POP SEL, bem como pode explicar a endogamia detectada nesta população, que pode também ser explicado devido ao efeito Wahlund, como discutido acima. O valor da coancestria ao considerar todos os indivíduos, revela que existe uma grande dissimilaridade genética entre as populações. Portanto, cruzamentos entre indivíduos dessas populações podem ser encorajados a promover maiores efeitos heteróticos em programas de melhoramento. O cruzamento entre indivíduos relacionados deve ser evitado, pois pode resultar em endogamia e possivelmente depressão endogâmica nos indivíduos descendentes.

A estimativa de diferenciação genética ($\hat{G}_{ST}' = 0,28$) indica que as frequências dos genes entre as populações são diferentes, mas a maior proporção de diversidade genética é

distribuída dentro das populações [$100 (1-0,284) = 72\%$]. Além disso, os valores de coancestria, incluindo ambas as populações, sugerem que todos os indivíduos se originaram de sementes. Ambas as populações têm indivíduos com níveis baixos ou nenhuma relação de parentesco, indicando diversidade genética dentro das populações. Este resultado é significativo para a conservação genética da espécie e fornece informações úteis para programas de melhoramento.

5.4 CONCLUSÕES

As populações de *Hevea brasiliensis* estudadas apresentaram estimativas de diversidade genética interessantes para programas de conservação e melhoramento genético da espécie.

As médias positivas observadas nos índices de fixação, confirmam homozigose nas populações de Marabá (POP MAB) e Selvíria (POP SEL).

Os coeficientes de coancestria evidenciaram graus de parentesco: primos, meios irmãos e irmãos completos em ambas as populações avaliadas, bem como indivíduos não relacionados em maior proporção na POP MAB.

A diversidade genética é maior dentro de populações e não entre elas.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. T.; GONÇALVES, P. S. Diversidade genética em genótipos de *Hevea* de origens amazônica e asiática. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 53, n. 307, p. 285-291, 2006.
- BITTENCOURT, J. V. M.; SEBBENN, A. M. Patterns of pollen and seed dispersal in a small, fragmented population of the wind-pollinated tree *Araucaria angustifolia* in southern Brazil. **Heredity**, Edinburgh, v. 99, n. 6, p. 580, 2007.
- BROWN, A. D. H.; WEIR, B. S. Measuring genetic variability in plant population. In: TANKESLEY, S. D.; ORTON, T. J. (ed.). **Isoenzymes in plant genetics and breeding**. Amsterdam: Elsevier Science, 1983. p. 219-239. Parte a
- CAMARGO, A. P.; CAMARGO, M. B. P. Aptidão climática da heveicultura no Brasil. In: ALVARENGA, A. P.; CARMO, C. A. F. S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. p. 793-840.
- CUBRY, P.; PUJADE-RENAUD, V.; GARCIA, D.; ESPEOUT, S.; LE GUEN, V.; GRANET, F.; SEGUIN, M. Development and characterization of a new set of 164 polymorphic EST-SSR markers for diversity and breeding studies in rubber tree (*Hevea brasiliensis* Müll. Arg.). **Plant Breeding**, Berlin, v. 133, n. 3, p. 419-426, 2014.
- FARIA, D. A.; MAMANI, E. M. C.; PAPPAS, G. J.; GRATTAPAGLIA, D. Genotyping systems for Eucalyptus based on tetra-, penta-, and hexanucleotide repeat EST microsatellites and their use for individual fingerprinting and assignment tests. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 7, n. 1, p. 63-77, 2011.
- GONÇALVES, P. S.; SCALOPPI JÚNIOR, E. J.; MARTINS, M. A.; MORENO, R. M. B.; BRANCO, R. B. F., GONÇALVES, E. C. P. Assessment of growth and yield performance of rubber tree clones of the IAC 500 series. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 46, n. 12, p. 1643-1649, 2011.
- GOUDET, J. **FSTAT version 2.9.3.2 for windows**: a computer program to calculate f-statistics. Université de Lausanne: Lausanne, 2002. Disponível em: <http://www2.unil.ch/popgen/software/fstat>. Acesso em: 2 jun. 2017.
- HARDY, O. J.; VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, Oxford, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.
- HEDRICK, P. W. A standardized genetic differentiation measure. **Evolution**, Lancaster, v. 59, n. 8, p. 1633-1638, 2005.
- HOMMA, A. K. O. Extrativismo vegetal ou plantio: qual a opção para a Amazônia? **Estudos Avançados**, São Paulo, v. 26, n. 74, p. 167-186, 2012.
- KAGEYAMA, P. Y.; OLIVEIRA, R. S. D.; FERRAZ, P. A.; FURTADO, E. L.; SOUZA, A. D. D.; SEBBENN, A. M. Ganhos na seleção para a produtividade de látex em população

natural de *Hevea brasiliensis* na Reserva Chico Mendes: estudo de caso da IAPs (Ilhas de Alta Produtividade). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 61, n. 1, p. 79-85, 2002.

LE GUEN, V.; DOARÉ, F.; WEBER, C.; SEGUIN, M. Genetic structure of Amazonian populations of *Hevea brasiliensis* is shaped by hydrographical network and isolation by distance. **Tree Genetics & Genomes**, Berlin, v. 5, n. 4, p. 673-683, 2009.

LOISELLE, B. A.; SORK, V. L.; NASON, J.; GRAHAM, C. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany**, Lancaster, v. 82, n. 11, p. 1420-1425, 1995.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 70, n. 12, p. 3321-3323, 1973.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. **Genetics**, Austin, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1978.

OLIVEIRA, A. L. B.; GOUVÊA, L. R. L.; VERARDI, C. K.; SILVA, G. A. P.; GONÇALVES, P. S. Genetic variability and predicted genetic gains for yield and laticifer system traits of rubber tree families. **Euphytica**, Wageningen, v. 203, n. 2, p. 285-293, 2015.

PERSEGUINI, J. M. K. C.; ROMÃO, L. R. D. C.; BRIÑEZ, B.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; GONÇALVES, P. S.; BENCHIMOL, L. L. Genetic diversity of cultivated accessions and wild species of rubber tree using EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, n. 8, p. 1087-1094, 2012.

PETHIN, D.; NAKKANONG, K.; NUALSRI, C. Performance and genetic assessment of rubber tree clones in Southern Thailand. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 4, p. 306-313, 2015.

PHUMICHAJ, C.; PHUMICHAJ, T.; WONGKAEW, A. Novel chloroplast microsatellite (cpSSR) markers for genetic diversity assessment of cultivated and wild *Hevea* rubber. **Plant Molecular Biology Reporter**, Athens, v. 33, n. 5, p. 1486-1498, 2015.

RIGHI, C. A.; LUNZ, A. M. P.; BERNARDES, M. S.; PEREIRA, C. R.; TERAMOTO, E. R.; FAVARIN, J. L. Coffee water use in agroforestry system with rubber trees. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 781-792, 2008.

SANTOS, H. G. dos.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C. dos.; OLIVEIRA, V. A. de.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A. de.; ARAUJO FILHO, J. C. de.; OLIVEIRA, J. B. de.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. *E-book*. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1094003>. Acesso em: 18 mar. 2019.

SOUZA, A. M. D.; GOUVÊA, L. R. L.; OLIVEIRA, A. L. B.; SILVA, G. A. P.; GONÇALVES, P. S. Estimates of genetic parameters for the rubber yield and secondary traits in rubber tree. **Industrial Crops and Products**, Amsterdam, v. 98, p. 19-24, 2017.

SOUZA, L. M.; LE GUEN, V.; CERQUEIRA-SILVA, C. B. M.; SILVA, C. C.; MANTELLO, C. C.; CONSON, A. R. O.; VIANNA, J. P. G.; ZUCCHI, M. I.; SCALOPPI

JR, E. J.; FIALHO, J. F.; MORAES, M. L. T.; GONÇALVES, P. S.; SOUZA, A. P. Genetic diversity strategy for the management and use of rubber genetic resources: more than 1,000 wild and cultivated accessions in a 100-genotype core collection. **PloS one**, San Francisco, v. 10, n. 7, p. e0134607, 2015.

SOUZA, L. M.; MANTELLO, C. C.; SANTOS, M. O.; GONÇALVES, P. S.; SOUZA, A. P. Microsatellites from rubber tree (*Hevea brasiliensis*) for genetic diversity analysis and cross-amplification in six *Hevea* wild species. **Conservation Genetics Resources**, Dordrecht, v. 1, n. 1, p. 75, 2009.

VIRGENS FILHO, A. C. Sistemas agroflorestais com seringueira. In: Alvarenga, A.P.; Carmo, C. A. F. S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. Cap.16, p. 793-840.

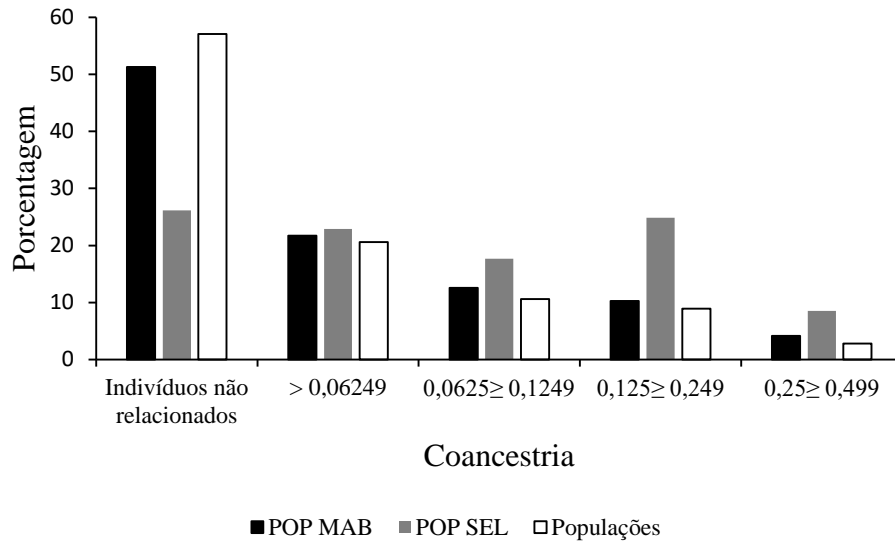
WEIR, B. S. **Genetic data analysis II. Methods for discrete population genetic data**. Sunderland: North Caroline State University, Sinauer Associates, 1996. 445 p.

Tabela 3- Diversidade genética em duas populações de *Hevea brasiliensis*, SEL e MAB. k é o número de alelos por loco; R é a riqueza alélica; \hat{H}_o é a heterozigosidade observada; \hat{H}_e é a heterozigosidade esperada; \hat{F} é o índice de fixação; \hat{G}_{ST}' é a diferenciação genética entre populações; DP é o desvio padrão; *P< 0.05.

Locus	POP SEL(n=18)					POP MAB (n=46)					
	k	R	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	k	R	\hat{H}_o	\hat{H}_e	\hat{F}	\hat{G}_{ST}'
A2689	8	8,00	0,833	0,851	0,133	12	9,68	0,739	0,836	0,160	0,508
A2365	7	7,00	0,888	0,794	0,143	11	8,19	0,803	0,785	0,169	0,494
A2406	8	8,00	0,833	0,799	0,138	11	7,33	0,630	0,617	0,169	0,308
A2387	7	7,00	0,722	0,680	0,139	12	10,66	0,717	0,887	0,154	0,273
A2413	5	5,00	0,777	0,724	0,140	8	7,34	0,456	0,796	0,137	0,296
A2558	6	6,00	0,499	0,541	0,129	16	11,30	0,609	0,869	0,147	0,978
A2508	4	4,00	0,111	0,758	0,075	14	9,82	0,543	0,856	0,142	0,027
A2163	11	11,00	0,666	0,830	0,121	16	12,14	0,913	0,879	0,171	0,469
A2376	9	9,00	0,833	0,851	0,133	14	11,52	0,733	0,851	0,158	0,422
A2684	9	9,00	0,889	0,809	0,142	15	11,74	0,913	0,888	0,170	0,110
A2762	4	4,00	0,111	0,758	0,075	10	7,77	0,543	0,818	0,144	0,008
BAC55	6	6,00	0,833	0,706	0,148	9	7,05	0,847	0,766	0,175	0,085
A2368	7	7,00	0,388	0,634	0,107	20	14,06	0,804	0,909	0,160	0,427
T2083	3	3,00	0,499	0,395	0,154	3	2,99	0,522	0,517	0,169	0,010
A2389	6	6,00	0,667	0,644	0,137	8	6,35	0,390	0,698	0,136	0,015
Média	6,7	6,7	0,637	0,718	0,142*	11,9	9,20	0,677	0,798	0,162*	0,284*
DP	2,2	2,2	0,262	0,125	0,024	4,1	2,84	0,164	0,110	0,013	0,268

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Figura 8- Estimativa de coancestria (θ_{xy}) em 64 genótipos de *Hevea brasiliensis* em duas populações: Marabá (MAB) e Selvíria (SEL).



Fonte: Elaboração do próprio autor.

6 CAPÍTULO II

Diversidade genética em progênes de polinização livre de *Hevea brasiliensis* oriundas de Marabá-PA e Selvíria-MS.

RESUMO

Este trabalho teve como finalidade estimar os parâmetros genéticos e medidas de dissimilaridade entre progênies procedentes de parentais conservados *ex situ* em Marabá-PA e Selvíria-MS, de modo a agrupá-los, bem como distingui-los em relação a importância dos caracteres para a determinação da diversidade genética. Foram avaliadas cinco caracteres silviculturais e oito morfológicos em 55 progênies de polinização aberta, de 39 parentais procedentes de Marabá-PA e 16 de Selvíria-MS. A metodologia de modelo linear misto univariado aditivo REML/BLUP, demonstrou que o parâmetro herdabilidade individual não foi significativo para a maioria dos caracteres observados. Contudo, apresentaram herdabilidades com base em médias de progênies para variáveis silviculturais de moderada a alta (0,40 a 0,63) na POP MAB, e baixa a alta (0,23 a 0,62) na POP SEL, por conseguinte promovendo os maiores valores de acurácia. As estimativas por meio de técnicas multivariadas permitiram observar que o caráter perímetro do caule foi o que mais contribuiu para explicar a variação total na POP MAB e POP SEL, respectivamente 41,3 e 43,2%. As distâncias generalizadas de Mahalanobis determinaram que a maior distância genética (81,9), bem como a menor (1,1) são de combinações das progênies da POP MAB: 45 e 42 e 34 e 13. A técnica de agrupamento de Tocher, formou 7 grupos de divergência genética na POP MAB, 9 na POP SEL e 5 considerando as duas populações. As combinações com maior e menor distância genética estão coerentes com os grupos de divergência, sendo recomendado cruzamentos envolvendo as progênies 38, 39, 45, 42 da POP MAB como possível parental. Há variabilidade genética nas POP MAB e POP SEL para programas de conservação e melhoramento. Para realização da seleção é recomendado considerar a herdabilidade da média de progênies, sobretudo das variáveis silviculturais, que melhor explicaram a proporção genética em razão da expressão fenotípica.

Palavras-chave: Divergência genética. Melhoramento genético. Seringueira.

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the genetic parameters and measures of dissimilarity between progenies from ex situ conserved matrices in Marabá-PA and Selvíria-MS, in order to group them, as well as to distinguish them in relation to the importance of the characters for the determination of genetic diversity. Silviculture and morphological variables of 55 open-pollinated progenies from 39 matrices from Marabá-PA and 16 Selvíria-MS were evaluated. The univariate mixed linear additive model methodology REML / BLUP demonstrated that the individual heritability parameter was not significant for most of the observed variables. However, they presented average heritabilities of progenies for moderate to high silvicultural variables (0.40 to 0.63) in POP MAB and low to high (0.23 to 0.62) in POP SEL, promoting the highest values of accuracy. Estimates using multivariate techniques showed that the stem perimeter variable contributed the most to explain the total variation in POP MAB and POP SEL, respectively, 41.3 and 43.2%. The generalized distances of Mahalanobis determined that the greatest genetic distance (81.9) as well as the lowest (1,1) are combinations of the POP MAB progenies: 45 and 42 and 34 and 13. The Tocher technique, formed 7 clusters of genetic divergence in POP MAB, 9 in POP SEL and 5 considering both populations. The combinations that promoted greater and lesser genetic distance are consistent with the clusters of divergence, being recommended crosses involving the progenies 38, 39, 45, 42 of POP MAB as a possible parental. There is genetic diversity in POP MAB and POP SEL for conservation and breeding programs. In order to carry out the selection it is recommended to observe the mean heritability of progenies, especially of the silvicultural variables, which best explained the genetic proportion due to phenotypic expression.

Keyword: Crossbreeding. Divergence genetic. Rubber tree.

6. 1 INTRODUÇÃO

A seringueira [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A.D. de Juss.) Muell.-Arg.] é fonte de látex e matéria prima para a produção de diferentes artefatos utilizados no cotidiano. Sua ampla utilidade alcança desde produtos fabricados pela indústria pneumática a farmacêutica. Para suprir a demanda do mercado, o melhoramento genético da espécie assume relevância e seus avanços são percebidos pelo aumento de produtividade e padronização de caracteres de interesse para a exploração da espécie. Inicialmente utilizavam pés francos pouco produtivos quando comparados aos clones atuais. O aumento de produtividade ocorreu por meio da técnica de enxertia que possibilitou a fixação do genótipo e substancialmente o aumento de produtividade. Gonçalves e Marques (2014) apresentaram clones da série do Instituto Agrônomo de Campinas, entre eles o IAC 40 com a produção média de borracha seca de 2.316 kg ha⁻¹ ano⁻¹, contrapondo os primeiros materiais de plantios de sementes não selecionadas, observado por Mass (1948) e citado por Gonçalves e Marques (2014), em que a produção foi de somente 498 kg ha⁻¹ ano⁻¹.

Conhecer a diversidade genética entre os genótipos é essencial para tomadas de decisão em programas de melhoramento e conservação genética. Para fins de melhoramento, promove-se hibridações entre genótipos que resultem em superioridade para determinada característica. Aguiar e Gonçalves (2006) destacaram a importância de identificar parentais produtivos e distinguir a divergência genética entre genótipos e assim definir os melhores cruzamentos. Para a conservação genética *ex situ*, é essencial a definição de genótipos que irão constituir um pomar de sementes, com a finalidade de manter a maior diversidade possível.

Diversos estudos com *Hevea brasiliensis* demonstram a importância de conhecer parâmetros genéticos e variâncias, tanto ambientais quanto genéticas, a partir de caracteres quantitativos (ARANTES *et al.*, 2010; VERARDI *et al.*, 2013; LIMA *et al.*, 2015; OLIVEIRA *et al.*, 2015). As informações são relevantes para conhecer o quanto da variação fenotípica apresentada entre indivíduos é de origem genética, bem como auxilia nas decisões sobre os procedimentos para seleção de genótipos e predição de produção dos caracteres de interesse.

Muitos estudos utilizaram análise multivariada para conhecer a diversidade genética em espécies vegetais, como por exemplo Aguiar e Gonçalves (2006) e Gouvêa *et al.* (2010) em seringueira (*Hevea brasiliensis*) e Oliveira *et al.* (2007) em açaí (*Euterpe oleraceae*). Nesse sentido, Cruz e Regazzi (2001), utilizaram ferramentas úteis tal como o método

aglomerativo com base na distância generalizada de Mahalanobis, que se fundamenta em medidas de dissimilaridade a partir dos caracteres avaliados e componentes principais que é muito útil na definição de qual caráter explica a maior variação e, portanto, essencial para o planejamento das demais etapas de pesquisa.

Este trabalho teve como finalidade estimar os parâmetros genéticos e medidas de dissimilaridade entre progênies procedentes de parentais conservados *ex situ* em Marabá-PA e Selvíria-MS, de modo a agrupá-los, bem como distingui-los em relação a importância dos caracteres para a determinação da diversidade genética.

6.2 MATERIAL E MÉTODOS

O teste de progênies está situado no município de Selvíria-MS, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira- Universidade Estadual Paulista, com as seguintes coordenadas geográficas: latitude 20°20'42,8" S e longitude 51°24'39,4" W e altitude de 369 m. O clima é tropical úmido do tipo Aw segundo classificação internacional de Köppen-Geiger. No ano de 2016, a temperatura média anual foi de 24.7°C e umidade relativa do ar média em torno de 75 %; a precipitação pluvial média anual foi de 1355.2 mm (UNESP, 2016). O solo é do tipo Latossolo Vermelho distrófico típico argiloso (LVd), conforme nomenclatura atual de solos (SANTOS *et al.*, 2018).

O teste de progênies é constituído de 55 progênies de meios irmãos. 39 progênies possuem como parental, matrizes localizadas na área do Instituto Federal do Pará - Campus Rural de Marabá, município de Marabá-PA (05°34'14,8" S e 49°06'02,3" W). As referidas matrizes são provenientes de um plantio realizado no ano de 1980, por meio de sementes de *Hevea brasiliensis* de procedência desconhecida. As sementes que originaram as outras 16 progênies são de polinização livre, sendo o possível parental feminino pés franco de meios irmãos de clone GT1. Como possíveis parentais masculinos são os clones PR 107, RRIM 600, IAN 873 e IAN 717. As 16 matrizes estão localizadas no município de Selvíria-MS, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira- Universidade Estadual Paulista (20°20'31,2" S e 51°24'0,5" W). As matrizes de Selvíria-MS provém de sementes de polinização livre de seringal situado no município de José Bonifácio-SP. A coleta das sementes foi realizada em linhas de ocorrência do clone GT1, próximo a base das árvores do respectivo clone. Contudo o seringal foi constituído também pelos clones: PR 107, RRIM 600, IAN 873, IAN 717 e devido a espécie apresentar deiscência explosiva, pode ter indivíduos de sementes procedentes dos clones mencionados.

As mudas produzidas para o teste de progênie referentes a este trabalho, originaram-se de sementes do evento reprodutivo de 2015. Em agosto de 2016 foram para campo na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Unesp em Selvíria-MS, consorciadas com o jequitibá (*Cariniana estrellensis* (Raddi) Kuntze), ambas as espécies em espaçamento de 4 m x 3 m. Ficaram distribuídas as plantas em 15 linhas, sendo 13 com 65 plantas e uma linha com 32 e 10 plantas respectivamente. O delineamento estatístico utilizado foi blocos ao acaso, uma planta por parcela com 20 repetições. Contudo, algumas progênies não produziram mudas suficientes para completarem alguns blocos, permanecendo estes em menor número.

6.2.1 Caracteres analisados

6.2.1.1 Caracteres Silviculturais

Completados 24 meses de instalação do teste de progênie, foram aferidos os caracteres silviculturais, sendo descritos cada um a seguir:

- a) Perímetro a 50 cm (P50): expresso em centímetros e obtido por meio de mensuração realizadas com paquímetro digital.
- b) Incremento perímetro do colo (IPC): expresso em centímetros, refere-se ao valor da subtração entre a medida de perímetro realizada no segundo ano e primeiro ano.
- c) Altura (ALT): expresso em metros e obtida por meio mensurações realizadas por Hipsômetro digital.
- d) Incremento Altura (IAT): expresso em metros refere-se ao valor da subtração: medida da altura realizada no segundo ano e primeiro ano.
- e) Índice SPAD (Soil Plant Analysis Development): obtido por meio do aparelho portátil SPAD 502 Konica Minolta, para a obtenção de média foi realizada leitura quantitativa da intensidade da cor verde em três folhas do penúltimo lançamento em plantas com 12 meses. Estudos com diferentes espécies relacionam os valores do índice com o teor de clorofila na folha, por exemplo, Amarante et al. (2010) no milho e Silva et al. (2014) em cana de açúcar.

6.2.1.2 Caracteres morfológicos

Aos 18 meses de idade do teste de progênies, foram obtidos os dados dos caracteres morfológicos das folhas, baseado em estudo realizado por Souza *et al.* (2017). Os dados foram obtidos a partir de folhas do penúltimo lançamento foliar e as médias foram calculadas com base em mensurações de três folhas por planta útil. Especificamente:

- a) Comprimento peciolar (CP): medida entre a inserção da folha no caule e folíolos, anotado em centímetros.
- b) Diâmetro peciolar (DP): medido em paquímetro digital e anotado em centímetros.
- c) Índice peciolar (IP): calculado a partir da expressão: $IP = \frac{DP}{CP} \cdot 100$, onde DP é o diâmetro do pecíolo e CP o comprimento do pecíolo, expresso em porcentagem.
- d) Comprimento do folíolo (CF): obtido por meio de paquímetro digital a partir da média de nove folíolos e expresso em centímetros.
- e) Largura do folíolo (LF): obtido por meio de paquímetro digital a partir da média de nove folíolos e expresso em centímetros.
- f) Largura foliar (LA): medida central entre as margens do folíolo esquerdo e direito, expresso em centímetros.
- g) Índice foliar (IF): razão entre a média da largura do folíolo e média do comprimento do folíolo, calculado a partir da expressão: $IF = \frac{LFO}{CFO} \cdot 100$, expresso em porcentagem.
- h) Área foliar (AF): obtida pelo cálculo com base na fórmula de Lim e Narayanan (1972): $AF = CF \cdot LF \cdot R^2$, em que CF é o comprimento do folíolo, LF é a largura do folíolo e R^2 é um coeficiente de determinação (0,56), expresso em centímetros quadrados (cm^2).

6.2.2 Análise Estatística

6.2.2.1 Parâmetros genéticos

As análises de componentes de variância e parâmetros genéticos em nível de população e procedência, foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), por meio da versão 2014 do *software* SELEGEN-REML/BLUP, de acordo com Resende (2007a).

As variâncias e parâmetros genéticos das populações foram obtidas de acordo com o modelo estatístico em blocos ao acaso, progênie de meios-irmãos, uma planta por parcela: $y = Xr + Za + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007 b).

Para os cálculos de variância e parâmetros foram utilizadas as expressões (RESENDE, 2007b):

Variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_a^2$;

Variância residual (ambiental + não aditiva): $\hat{\sigma}_e^2$;

Variância fenotípica individual: $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2$;

Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos: $\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$;

Herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa:

$$h_m^2 = \frac{[1 + (n - 1)\rho_a]h_a^2}{1 + (n - 1)(\rho_a h_a^2)}$$

ρ_a : é a correlação genética aditiva intraclasse entre indivíduos, n é o número de plantas por parcela, h_a^2 herdabilidade no sentido restrito;

Acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa:

$$\hat{r}_{\hat{a}a} = \sqrt{\frac{n}{n + \left(\frac{4 - \hat{h}_a^2}{\hat{h}_a^2}\right)}}$$

Coefficiente de variação genética aditiva individual: $CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100$; em que:

\hat{m} é a média geral do experimento;

Coefficiente de variação genotípica entre progênes: $CV_{gp}(\%) = \frac{\sqrt{0,25\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100$;

Coefficiente de variação residual: $CV_e(\%) = \frac{\sqrt{[(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n]}}{\hat{m}} 100$;

Coefficiente de variação relativa: $CV_r = \frac{CV_{gp}}{CV_e}$.

Para verificar se as variâncias entre procedências foram significativas, utilizou-se o modelo: $y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos

aditivos individuais (assumidos como aleatórios), \mathbf{p} é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), \mathbf{s} é vetor dos efeitos de população ou procedência (aleatórios) e \mathbf{e} é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007b).

Para os cálculos de variância e parâmetros foram utilizadas as expressões (RESENDE, 2007b):

Variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_a^2$;

Variância ambiental entre parcelas: $\hat{\sigma}_c^2$;

Variância genética entre populações: $\hat{\sigma}^2_{\text{pop}}$

Variância residual (ambiental + não aditiva): $\hat{\sigma}_e^2$;

Variância fenotípica individual: $\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2$;

Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos: $\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$;

Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela: $C_{\text{parc}} = \frac{\hat{\sigma}_c^2}{\hat{\sigma}_f^2}$;

Coefficiente de determinação dos efeitos de procedência: $C_{\text{proc}} = \frac{\hat{\sigma}_{\text{Pop}}^2}{\hat{\sigma}_f^2}$;

Coefficiente de variação genética aditiva individual: $CV_{\text{gi}}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100$; em que: \hat{m}

é a média geral do experimento;

Coefficiente de variação genotípica entre progênies: $CV_{\text{gp}}(\%) = \frac{\sqrt{0,25\hat{\sigma}_a^2}}{\hat{m}} 100$;

Coefficiente de variação residual: $CV_e(\%) = \frac{\sqrt{[(0,75\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)/n]}}{\hat{m}} 100$;

6.2.2.2 Análise Multivariada

A importância relativa de cada componente principal foi avaliada de acordo com Cruz e Regazzi (2001), por meio da equação em que se avalia a porcentagem da variação total que corresponde a cada componente.

$$Y_j = \frac{V(Y_j)}{\sum V(Y_j)}$$

Em que:

$V(Y_j)$ = auto valor do componente principal

Medidas de dissimilaridade foram obtidas por meio da distância de Mahalanobis e com base nas referidas medidas foi realizado o agrupamento proposto por Tocher. Para conhecer o percentual de contribuição de cada caráter na variação total das progênies estudadas, foi empregada a técnica dos componentes principais. Todas as análises foram obtidas com auxílio do programa computacional estatístico Selegen (Resende, 2007a).

De acordo com Cruz e Regazzi (2001), a distância de Mahalanobis pode ser estimada a partir dos dados originais pela seguinte expressão:

$$D^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$\delta' = [d_1 d_2 \dots d_n]$

d = diferença entre média de dois progenitores i e i' para um caráter J .

Ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Segundo Cruz e Regazzi (2001), o método de agrupamento de Tocher necessita da matriz de dissimilaridade para a identificação do par de progênies mais similar. Os autores descrevem que a partir das progênies mais similares forma-se o grupo inicial e a entrada de novas progênies no grupo é estabelecida pelo critério das médias de dissimilaridade dentro de cada grupo ser menor que as distâncias médias entre qualquer grupo. O cálculo para aferir a distância entre progênie e grupo foi por meio da equação:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

em que:

d = distância generalizada de Mahalanobis entre pares de progênies.

i, j, k = progênies

6.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.3.1 Parâmetros silviculturais e morfológicos POP MAB e POP SEL

A POP SEL apresentou maiores médias em todos os caracteres silviculturais quando comparado com a POP MAB (Tabela 4). Contudo, as médias nos caracteres morfológicos tiveram valores muito próximos nas duas populações (Tabela 5). O comportamento das populações nos caracteres silviculturais sugerem que a participação de parentais melhorados geneticamente, influenciaram diretamente na composição da média das variáveis. Todos os parentais da POP SEL descendem de clones amplamente utilizados em programas de melhoramento, entre eles o GT1 e IAN 873, que segundo Gonçalves e Marques (2014) são clones com característica de originar plantas altas e vigorosas.

As estimativas de deviance demonstram que não são significativas as variâncias em nível de progênie (Tabela 6 e 7) ou de procedência (Tabela 8 e 9), para os caracteres estudados em ambas as populações, exceto o verificado em índice foliar, tanto para progênies ($P < 5\%$) (Tabela 7) quanto em procedências ($P < 1\%$) (Tabela 9). Os resultados observados não corroboram, por exemplo, com Souza *et al.* (2017) que observaram efeitos significativos para a maioria dos caracteres morfológicos e silviculturais. Entretanto, foi observado neste estudo que alguns parâmetros genéticos demonstraram, por meio de alguns caracteres, sobretudo as silviculturais, potencial para uso em programas de conservação e melhoramento genético.

As variâncias não foram significativas para a maioria dos caracteres (Tabela 8 e 9) e denota que não há diferenças entre as progênies considerando os efeitos aleatórios. Entretanto, quando observado a herdabilidade no sentido restrito, que emprega somente a variância aditiva, ou seja, o efeito genético que realmente será observado na próxima geração, pode-se afirmar que há diferença genética significativa para alguns caracteres em ambas as populações. Na POP MAB foram observadas herdabilidades individuais significativas apenas para os caracteres incremento do caule, altura, índice SPAD (Tabela 4), comprimento do folíolo, índice peciolar e índice foliar (Tabela 5), enquanto na POP SEL, apenas os caracteres perímetro do Caule a 50 cm (Tabela 4) e índice foliar (Tabela 5).

Assim como constatado neste estudo, Silva *et al.* (2013) e Souza *et al.* (2017) também obtiveram estimativas com maiores valores de herdabilidade das médias de progênies do que herdabilidade média individual, para a maioria dos caracteres analisados. Considerando a classificação de herdabilidade proposta por Bourdon (2000), em que $0,2 \geq h^2 \leq 0,4$ é moderada e $h^2 > 0,4$ é alta, observa-se para a maioria dos caracteres valores moderados e altos de herdabilidade da média de progênies nas populações MAB e SEL (Tabela 4 e 5).

Na POP MAB, os valores de herdabilidade em nível de média de progênes nos caracteres silviculturais foi de 0,41 e 0,73 (Tabela 4) e 0,06 a 0,75 para caracteres morfológicos (Tabela 5). Na POP SEL variou entre 0,04 a 0,63 em caracteres silviculturais (Tabela 4) e 0,02 a 0,57 nas morfológicas (Tabela 5). Neste estudo, os caracteres silviculturais apresentaram os valores mais altos de herdabilidade da média de progênie (Tabela 4) e por ser de acordo com Falconer e Mackay (1996) um parâmetro preditivo e que demonstra o nível de relação entre o valor fenotípico e genético, são indicados para compor programas de melhoramento genético, por promover a possibilidade de ganho com a seleção.

Diversos estudos com *Hevea brasiliensis* estimaram herdabilidade para os caracteres silviculturais, pois são de grande importância no início dos programas de melhoramento genético, pois podem apresentar relação com o vigor das plantas. O perímetro do caule, por exemplo, é citado por Aguiar e Gonçalves (2006) como caráter de elevada correlação. Oliveira *et al.* (2015) avaliaram progênes com quatro anos de idade e observaram valores de herdabilidade da média de progênes variando entre 0,56 e 0,47 para incremento anual do caule medido a 50 cm do solo. Valor semelhante foi observado na POP MAB (Tabela 4). Para o caráter circunferência, Dourado *et al.* (2018) observaram valores de herdabilidade da média de progênes altos, em plantas provenientes de cruzamentos de diversos clones com oito anos de idade e em uma população natural de 23 anos 0,77 e 0,67 respectivamente. As estimativas obtidas nas populações MAB 0,41 e SEL 0,63 (Tabela 4) são também consideradas altas e corroboram com a estimativa de 0,57 observada por Costa *et al.* (2010), em progênes de *Hevea brasiliensis* com três anos de idade. O valor de 0,39 para variável altura obtido por Dourado *et al.* (2018) na população oriunda de clones são próximos da POP SEL 0,36 e POP MAB 0,42 (Tabela 4).

Dos oito caracteres morfológicos avaliados, quatro apresentaram valores de herdabilidade da média de progênes baixo em ambas as populações (Tabela 5). Souza *et al.*, (2017), em três locais do estado de São Paulo, observaram para os mesmos caracteres, herdabilidades das média de progênes altas, exceto para o índice foliar em Jaú-SP. Contudo, neste estudo, somente os caracteres CFO, IP e IF apresentaram valores altos na POP MAB, enquanto na POP SEL, IP e IF. Portanto possuem potencial em programas de seleção de *Hevea brasiliensis* para caracteres secundários relacionados a eficiência fotossintética.

De acordo com Resende e Duarte (2007), acurácia com valores de 0,40 a 0,70 são consideradas moderadas e altas a partir de 0,70. As estimativas de acurácia em todos os caracteres silviculturais foram de moderadas a altas (0,63 a 0,85) na POP MAB, e POP SEL de baixas a altas (0,19 a 0,79) (Tabela 4). Nos caracteres morfológicos foram observados

estimativas médias e altas em apenas quatro dos oito analisados em ambas as populações (Tabela 5). Como a acurácia é uma estimativa da relação entre o valor genético predito e os mensurados, ou seja, os verdadeiros, em programas de melhoramento genético, as populações MAB e SEL podem contribuir com os caracteres de maior valor de acurácia, sobretudo as silviculturais, pois segundo Resende (2002) é um parâmetro associado à precisão na seleção.

Os coeficientes de variação genético, tanto em caracteres silviculturais quanto nos morfológicos, apresentaram maiores valores em nível de indivíduos. A expressão da variação genética em nível de indivíduos para caracteres silviculturais oscilaram de 8% a 15,6% na POP MAB e 5,1% a 11,6% na POP SEL (Tabela 4) e nos morfológicos de 1,7% a 7,8% na POP MAB e 0,9% a 7,4% para a POP SEL (Tabela 5). Portanto, os caracteres silviculturais apresentam potencial em programas de conservação e melhoramento genético, pois de acordo com Sebbenn et al. (1998), valor de coeficiente de variação genético, maior que 7% indica alta variabilidade. Souza et al. (2017) observaram estimativas semelhantes para caracteres morfológicos e assim como neste trabalho concluíram que não são favoráveis para a seleção, por apresentarem baixa variação genética.

Para os caracteres silviculturais foi observado outro cenário e comparando progênes jovens de *Hevea brasiliensis* em outros estudos que concluem haver variabilidade interessante (ARANTES et al., 2010; VERARDI et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2015), para os mesmos caracteres silviculturais, os valores são análogos. As estimativas de percentual genético, observados para P50 de 9,3 na POP MAB e de 11,7 na POP SEL (Tabela 4) foram superiores ou próximos a outros estudos realizados em progênes com três anos de idade. Arantes et al. (2010) observaram o valor de 7,8 e Souza et al., (2017), em três locais: 11,7, 11, 5 e 9,4. O caráter incremento do caule na POP MAB com percentual de variação genética 13,61 (Tabela 4), foi superior ao observado por Verardi et al., (2013) em progênes avaliadas aos três anos e em três locais, com valores entre 9,2 e 12,2. Gouvêa et al. (2010) também notaram valores para incremento do caule que variaram de 9,0 a 10,4 em progênes após diferentes anos de corte para a extração do látex.

6.3.2 Análise multivariada

De acordo com Cruz e Carneiro (2003), é favorável que os dois primeiros caracteres expliquem pelo menos 80% da variação total. As estimativas de componentes principais nas progênes de POP MAB e SEL demonstraram que os dois primeiros caracteres (P50 e ALT) não acumularam 80 % da variação total (Tabela 10), conforme sugerem Cruz e Carneiro (2003) como ideal para melhor explicar a variabilidade apresentada pelos indivíduos

avaliados. Entretanto, os três primeiros caracteres expressaram a variação acumulada de 76,7% na POP MAB, 82,2% na POP SEL, e considerando ambas as populações 76,7% (Tabela 10). Paiva (1994), analisando 100 clones de *Hevea brasiliensis*, e Aguiar e Gonçalves (2006), avaliando 44 genótipos de origem Amazônica e Asiática, encontraram valor igual ou superior a 80 % da variação total já nos dois primeiros componentes principais, contrastando a observação de Gouvêa (2009), em 60 genótipos, a partir do sétimo componente.

O caráter P50 foi responsável por mais de 40 % da variação acumulada em todas as populações (Tabela 10) e o percentual foi próximo dos 49% observado por Aguiar e Gonçalves (2006). Neste estudo o caráter melhor demonstrou variabilidade, uma vez que Cruz e Carneiro (2003) ressaltaram que a importância e a variação acumulada referente aos componentes principais diminui do primeiro para o último. Ainda, Aguiar e Gonçalves (2006) afirmaram que o caráter está diretamente correlacionado com o vigor das plantas e, portanto, indica as potenciais progênies com o melhor desempenho.

As 20 combinações de progênies que constituíram as maiores e menores distâncias genéticas (Tabela 11), não necessariamente possibilitou a separação de progênies. As maiores distâncias pertencem a combinações entre progênies de grupos diferentes e as menores ao mesmo grupo (Tabela 12). As estimativas de Gst' , que mediu a diversidade dos parentais das referidas progênies por meio da genética molecular, demonstraram que 72 % da diversidade observada está dentro das populações e o restante entre populações (Capítulo I). As observações de distância genética apontam uma convergência com o observado nos parentais das progênies por técnica molecular, uma vez que o maior valor (0,89) procedeu da combinação entre as progênies MAB 42 e 45 (Tabela 11), 60 das 100 maiores distâncias genéticas foram obtidas em combinações pertencentes a mesma população (apêndice B). Outro indicador da maior variabilidade dentro das populações podem ser verificados nos agrupamentos (Tabela 12), em que se observa a formação de mais grupos e concentrações de progênies nas populações quando analisadas separadamente do que em conjunto.

A concentração de 33 das 39 progênies da POP MAB, apenas no primeiro grupo, assim como 7 das 16 progênies na POP SEL e 51 das 55 progênies considerando ambas as populações (Tabela 12), sugere que a maioria dos cruzamentos foi entre genótipos com similaridade genética. A formação dos grupos tem por base as estimativas de distância, ou seja, quanto mais similares forem, maior será a concentração de progênies em um determinado grupo.

Na POP MAB, 49% dos parentais possuem algum nível de parentesco (Capítulo 1, figura 8). Portanto reforça a possibilidade dos parentais das progênies de Marabá serem

oriundos de sementes e constituir uma estrutura populacional, de maneira a promover pequenas distâncias genéticas observadas neste estudo e conseqüentemente a formação de um grupo com 84,6% das progênies. No caso das progênies da POP SEL, além de possuírem 74 % dos parentais com algum grau de parentesco (Figura 3), as progênies possuem como possível parental masculino os clones RRIM 600, IAN 873, IAN 717 e PR 107. Com exceção do clone PR 107, todos os outros clones citados têm em comum o PB 86 como parental (VIÉGAS *et al.*, 1984; GONÇALVES *et al.*, 1991; AGUIAR; GONÇALVES, 2006).

A maioria das progênies, tanto de Marabá-PA quanto de Selvíria-MS, participa em apenas um grupo (Tabela 12), inferindo na possibilidade de seus progenitores serem oriundos de populações com a mesma base genética. Todavia, há diferentes possibilidades de cruzamentos entre progênies divergentes geneticamente, sobretudo a 38, 39, 42 e 45 da POP MAB, na qual poderá resultar em cruzamentos com maior heterose.

6. 4 CONCLUSÕES

Há divergência genética a ser explorada nas progênies, embora observe a participação da maioria em um único grupo de similaridade.

As combinações de progênies da mesma população proporcionaram as maiores distâncias genéticas e portanto devem ser priorizadas para manutenção da diversidade em programas de melhoramento e conservação genética.

Os caracteres apresentam estimativas que apontam uso potencial em programas de melhoramento genético com a estratégia de seleção baseada nas herdabilidades médias de progênies, sobretudo as silviculturais, que apresentaram maior herdabilidade em nível de médias de progênies.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. T.; GONÇALVES, P. S. Diversidade genética em genótipos de *Hevea* de origens amazônica e asiática. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 53, n. 307, p. 285-291, 2006.
- AMARANTE, C. V. T.; STEFFENS, C. A.; SANGOI, L.; ZANARDI, O. Z.; MIQUELOTO, A.; SCHWEITZER, C. Quantificação de clorofilas em folhas de milho através de métodos ópticos não destrutivos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 9, n. 1, p. 39-50, 2010.
- ARANTES, F. C.; GONÇALVES, P. S.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p.1419-1424, 2010.
- BOURDON, R. M. **Understanding animal breeding**. 2. ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2000, 538 p.
- CRUZ C. D.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- COSTA, R. B. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GONÇALVES, P. D. S.; ROA, R. A. R.; FEITOSA, K. C. D. O. Predição de parâmetros e valores genéticos para caracteres de crescimento e produção de látex em progênies de seringueira. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 1, p. 49-56, 2010.
- DOURADO, C. L.; MORAES, M. A.; ALVES, P. F.; KUBOTA, T. Y. K.; SILVA, J. R.; MOREIRA, J. P.; SILVA, A. A.; CAMBUIM, J.; GONGALVES, P. S.; MORAES, M. L. T. Selection strategies for growth characters and rubber yield in two populations of rubber trees in Brazil. **Industrial Crops and Products**, Amsterdam, v. 118, p. 118-124, 2018.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Prentice-Hall , 1996. 464 p.
- GONÇALVES, P. S.; CARDOSO, M.; SÁES, L. A. Desempenho de quatro clones de seringueira na região do Vale do Ribeira, SP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 26, n. 5, p. 681-690, 1991.
- GONÇALVES, P. S.; MARQUES, J. R. B. Clones de seringueira: influência dos fatores ambientais na produção e recomendação para o plantio. In: ALVARENGA, A. P.; CARMO, C. A. F. S. (ed.). **Seringueira**. Viçosa: Epamig, 2014. p. 181-246.
- GOUVÊA, L. R. L.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, P. S. Divergence and genetic variability among superior rubber tree genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 2, p. 163-170, 2010.
- GOUVÊA, L. R. L. **Divergência genética em seringueira estimada através de técnicas multivariadas e marcadores moleculares microssatélites**. 2009. 100 f. Dissertação

(Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2009.

LIMA, I. L.; MACEDO, H. R.; GALLO, P. B.; GONÇALVES, P. S.; GARCIA, J. N.; LONGUI, E. L.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Seleção de clones de *Hevea brasiliensis* para a região de Mococa, estado de São Paulo. Clone selection of *Hevea brasiliensis* to Mococa region, state of São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 27, n. 2, p. 137-143, 2015.

LIM, T. M.; NARAYANAN, R. Estimates of the area of rubber leaves (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) using two leaflet parameters. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 8, p. 311-314, 1972.

PAIVA, J. Divergência genética entre clones primários de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, n. 4, p. 607-616, 1994.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 561 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 359 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SANTOS, H. G. dos.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C. dos.; OLIVEIRA, V. A. de.; LUMBREAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A. de.; ARAUJO FILHO, J. C. de.; OLIVEIRA, J. B. de.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. *E-book*. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1094003>. Acesso em: 18 mar. 2019.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva—*Myroxylon peruiferum* LF Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 53, p. 31-38, 1998.

SILVA, G. A. P.; GOUVÊA, L. R. L.; VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; GONÇALVES, P. S. Genetic parameters and correlation in early measurement cycles in rubber trees. **Euphytica**, Wageningen, v. 189, p. 343-350, 2013.

SOUZA, A. M. D.; GOUVÊA, L. R. L.; OLIVEIRA, A. L. B.; SILVA, G. A. P.; GONÇALVES, P. S. Estimates of genetic parameters for the rubber yield and secondary traits in rubber tree. **Industrial Crops and Products**, Amsterdam, v. 98, p. 19-24, 2017.

OLIVEIRA, A. L. B.; GOUVÊA, L. R. L.; VERARDI, C. K.; SILVA, G. A. P.; GONÇALVES, P. S. Genetic variability and predicted genetic gains for yield and laticifer system traits of rubber tree families. **Euphytica**, Wageningen, v. 203, n. 2, p. 285-293, 2015.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre acessos de açaizeiro fundamentada em descritores morfoagronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 4, p. 501-506, 2007.

SILVA, M. A.; SANTOS, C. M.; VITORINO, H. S.; RHEIN, A. F. L. Pigmentos fotossintéticos e índice spad como descritores de intensidade do estresse por deficiência hídrica em canade-açúcar. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 1, p. 173-181, 2014.

VERARDI, C. K.; SCALOPPI JUNIOR, E. J.; SILVA, G. A. P.; GOUVÊA, L. R. L.; GONÇALVES, P. S. Genetic parameters and estimated genetic gains in young rubber tree progenies. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 4, p. 411-416, 2013.

VIÉGAS, R. M. F.; VIÉGAS, I. D. J. M.; PINHEIRO, E. Comportamento de clones amazônicos de seringueira nas condições ecológicas de Belém, PA. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 19, n. 12, p. 1475-1481, 1984.

Tabela 4- Estimativas de parâmetros genéticos em teste de progênies de *Hevea brasiliensis* com 24 meses, referentes aos caracteres silviculturais perímetro a 50 cm do solo (P50), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT) e índice SPAD (SPAD para as populações de Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS).

População Marabá					
Parâmetro	P50 (cm)	ALT (m)	IDC(cm)	IAT(m)	SPAD
$\hat{\sigma}_a^2$	0,99	0,10	0,18	0,12	11,65
$\hat{\sigma}_e^2$	12,83	1,20	1,13	0,60	30,88
$\hat{\sigma}_f^2$	13,82	1,30	1,31	0,72	42,53
\hat{h}_a^2	0,07±0,08	0,07±0,08	0,14±0,11	0,17± 0,13	0,27±0,16
\hat{h}_m^2	0,41	0,42	0,58	0,63	0,73
\hat{r}_{aa}	0,63	0,64	0,76	0,79	0,85
\hat{h}_{ad}^2	0,06	0,06	0,11	0,14	0,22
$CV_{gi}(\%)$	9,31	8,10	13,69	15,65	6,54
$CV_{sp}(\%)$	4,66	4,05	6,85	7,83	3,27
$CV_e(\%)$	34,54	29,55	36,020	36,82	12,05
CV_r	0,14	0,14	0,19	0,21	0,27
\bar{m}	10,66	3,82	3,12	2,25	52,24
População Selvíria					
Parâmetro	P50 (cm)	ALT (m)	IDC(cm)	IAT(m)	SPAD
$\hat{\sigma}_a^2$	2,60	0,08	0,04	0,06	0,21
$\hat{\sigma}_e^2$	10,80	1,08	1,15	0,58	41,90
$\hat{\sigma}_f^2$	13,39	1,15	1,19	0,64	42,10
\hat{h}_a^2	0,19±0,17	0,06±0,10	0,04±0,07	0,09±0,12	0,00±0,03
\hat{h}_m^2	0,63	0,36	0,24	0,44	0,04
\hat{r}_{aa}	0,79	0,59	0,48	0,66	0,19
\hat{h}_{ad}^2	0,15	0,05	0,03	0,07	0,00
$CV_{gi}(\%)$	11,70	5,58	5,12	8,01	0,83
$CV_{sp}(\%)$	5,85	2,79	2,56	4,00	0,41
$CV_e(\%)$	25,92	21,58	26,37	25,99	11,84
CV_r	0,23	0,13	0,10	0,15	0,03
\bar{m}	13,77	4,94	4,13	3,05	54,77

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 : herdabilidade média de progênie; \hat{r}_{aa} : acurácia; \hat{h}_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de progênie; $CV_{gi}(\%)$ coeficiente de variação genética individual; $CV_{sp}(\%)$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_e(\%)$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; \bar{m} : média geral do experimento.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 5- Estimativas de parâmetros genéticos referente aos caracteres morfobotânicos, comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF), proveniente de progênies de *Hevea brasiliensis* aos 18 meses de idade, populações de Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS.

População Marabá								
Parâmetro	CP (cm)	DP (cm)	CFO (cm)	LFO (cm)	LFL (cm)	IP (%)	IF (%)	AF (cm ²)
$\hat{\sigma}_a^2$	1,33	0,00	3,07	0,02	1,44	0,01	9,19	24,54
$\hat{\sigma}_e^2$	68,27	0,00	13,90	2,98	24,85	0,07	22,18	1464,68
$\hat{\sigma}_f^2$	69,61	0,00	16,98	3,00	26,29	0,08	31,38	1489,23
\hat{h}_a^2	0,01±0,04	0,01±0,03	0,18±0,13	0,00±0,02	0,05±0,07	0,12±0,10	0,29±0,16	0,01±0,03
\hat{h}_m^2	0,15	0,10	0,64	0,06	0,34	0,54	0,75	0,13
\hat{r}_{aa}	0,39	0,32	0,80	0,26	0,58	0,74	0,86	0,36
\hat{h}_{ad}^2	0,01	0,00	0,14	0,00	0,04	0,09	0,23	0,01
$CV_{gi}(\%)$	5,03	2,31	7,85	1,74	4,63	7,32	7,76	4,45
$CV_{gp}(\%)$	2,51	1,15	3,92	0,87	2,32	3,66	3,88	2,22
$CV_e(\%)$	36,26	20,55	18,05	19,96	19,68	20,54	13,81	34,65
CV_r	0,06	0,05	0,21	0,04	0,11	0,17	0,28	0,06
\bar{m}	22,94	0,31	22,30	8,67	25,86	1,41	39,03	111,12
População Selvíria								
Parâmetro	CP (cm)	DP (cm)	CFO (cm)	LFO (cm)	LFL (cm)	IP (%)	IF (%)	AF (cm ²)
$\hat{\sigma}_a^2$	2,90	0,00	1,03	0,00	0,06	0,00	4,86	5,89
$\hat{\sigma}_e^2$	36,41	0,00	22,80	2,73	26,77	0,07	25,86	1787,61
$\hat{\sigma}_f^2$	39,39	0,00	23,83	2,74	26,83	0,07	30,73	1793,50
\hat{h}_a^2	0,07±0,10	0,00±0,02	0,04±0,07	0,00±0,01	0,00±0,01	0,08±0,11	0,15±0,15	0,00±0,02
\hat{h}_m^2	0,38	0,02	0,26	0,02	0,01	0,42	0,57	0,02
\hat{r}_{aa}	0,61	0,16	0,51	0,14	0,13	0,65	0,75	0,16
\hat{h}_{ad}^2	0,05	0,00	0,03	0,00	0,00	0,06	0,12	0,00
$CV_{gi}(\%)$	7,46	1,16	4,52	0,90	0,92	5,77	5,39	2,09
$CV_{gp}(\%)$	3,73	0,58	2,26	0,45	0,46	2,88	2,69	1,04
$CV_e(\%)$	27,26	20,52	21,62	18,31	19,41	19,41	13,28	36,44
CV_r	0,13	0,02	0,10	0,02	0,02	0,14	0,20	0,02
\bar{m}	22,80	0,31	22,44	9,04	26,67	1,43	40,89	116,15

$\hat{\sigma}_a^2$: variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_e^2$: variância residual (ambiental + não aditiva); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica individual; \hat{h}_a^2 : herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 : herdabilidade média de progênie; \hat{r}_{aa} : acurácia; \hat{h}_{ad}^2 : herdabilidade aditiva dentro de progênie; $CV_{gi}(\%)$: coeficiente de variação genética individual; $CV_{gp}(\%)$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_e(\%)$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; \bar{m} : média geral do experimento.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 6- Análise de deviance em teste de progênie de *Hevea brasiliensis* para o caráter silviculturais perímetro a 50 cm do solo (P50), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT), índice SPAD (SPAD), população de Marabá e população de Selvíria, em Selvíria-MS.

População Marabá					
Efeito	P50 (cm)	ALT (m)	IDC(cm)	IAT (cm)	SPAD
Progênie	1255,87	459,8	487	275,45	1435,53
Modelo	1255,24	459,36	485	273,71	1432,15
χ^2	0,63	0,44	2,00	1,74	3,38
População Selvíria					
Progênie	734,44	264,85	276,62	155,07	785,36
Modelo	733,05	264,55	276,55	154,4	785,36
χ^2	1,39	0,30	0,07	0,67	0,00

χ^2 , teste da razão de verossimilhança (LRT) qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para a probabilidade de 5 e 1%, respectivamente; ^{ns} Não significativo a 5% de probabilidade. *Significativo a 5% de probabilidade. **Significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 7- Análise de deviance em teste de progênie de *Hevea brasiliensis* para o caráter comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF), população de Marabá e população de Selvíria, em Selvíria-MS.

População Marabá								
Efeito	CP	DP	CFO	LFO	LFA	IP	IF	AF
Progênie	1643,39	-1280,25	1219,35	700,37	1351,32	-362,08	1404,79	2562,28
Modelo	1643,32	-1280,27	1217,42	700,36	1350,97	-364,26	1398,22	2562,26
χ^2	0,07	0,02	1,93	0,01	0,35	2,18	6,57*	0,02
População Selvíria								
Progênie	910,83	-774,24	818,4	420,73	840,2	-232,3	865,07	1613,41
Modelo	910,53	-774,24	818,28	420,73	840,2	-232,93	863,76	1613,41
χ^2	0,3	0	0,12	0	0	0,63	1,31	0

χ^2 , teste da razão de verossimilhança (LRT) qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para a probabilidade de 5 e 1%, respectivamente; ^{ns} Não significativo. *Significativo a 5% de probabilidade. **Significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 8- Análise de deviance em teste de progênie de *Hevea brasiliensis* para o caráter silviculturais perímetro a 50 cm do solo (P50), altura total (ALT), incremento diâmetro do colo (IDC), incremento altura total (IAT), índice SPAD (SPAD), população de Marabá e população de Selvíria, em Selvíria-MS.

Efeito	P50 (cm)		ALT (m)		IDC (cm)		IAT (cm)		SPAD	
	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2
Progênie	1990,82	1,67	725,42	0,74	764,12	1,90	431,17	2,30	2220,89	1,34
Procedência	1989,15	0	724,68	0	762,22	0	428,87	0	2219,55	0
Modelo	1989,15		724,68		762,22		428,87		2219,55	

χ^2 , teste da razão de verossimilhança (LRT) qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para a probabilidade de 5 e 1%, respectivamente; ^{ns} Não significativo. *Significativo a 5% de probabilidade. **Significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 9- Análise de deviance em teste de progênie de *Hevea brasiliensis* para o caráter comprimento pecíolo (CP), diâmetro pecíolo (DP), comprimento folíolo (CFO), largura do folíolo (LFO), largura foliar (LFL), índice peciolar (IP), índice foliar (IF), área foliar (AF), procedência Marabá e Selvíria, em Selvíria-MS.

Efeito	CP (cm)		DP (cm)		CFO (cm)		LFO (cm)		LFA (cm)		IP (%)		IF (%)		AF (cm ²)	
	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2	Deviance	χ^2
Progênie	2571,71	0,2	-2054,5	0	2044,55	1,39	1121,55	0	2191,54	0,01	-593,85	2,81	2269,89	7,63**	4177,68	0
Procedência	2571,52	0,01	-2054,5	0	2043,16	0	1121,55	0	2191,53	0	-596,66	0	2262,26	0	4177,68	0
Modelo	2571,51	-	-2054,5	-	2043,16	-	1121,55	-	2191,53	-	-596,66	-	2262,26	-	4177,68	-

χ^2 , teste da razão de verossimilhança (LRT) qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para a probabilidade de 5 e 1%, respectivamente; ^{ns} Não significativo. *Significativo a 5% de probabilidade. **Significativo a 1% de probabilidade.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 10- Autos valores (λ) associados aos componentes principais, importância relativa (P) e acumulada (%) para 13 variáveis avaliadas em progênies de procedência de Marabá-PA e Selvíria-MS, em Selvíria-MS.

Componente Principal	POP MAB			POP SEL			POP MAB&SEL		
	λ	P	%	λ	P	%	λ	P	%
P50 (cm)	5,37	0,41	41,3	5,63	0,43	43,28	5,29	0,41	40,68
ALT (m)	3,02	0,23	64,56	3,04	0,23	66,65	3,04	0,23	64,03
IDC(cm)	1,58	0,12	76,7	2,02	0,16	82,17	1,64	0,13	76,68
IAT (cm)	1,08	0,08	85,05	1,01	0,08	89,94	1,10	0,08	85,13
Índice SPAD	0,85	0,07	91,6	0,63	0,05	94,81	0,74	0,06	90,79
CP	0,49	0,04	95,36	0,36	0,03	97,60	0,57	0,04	95,16
DP	0,34	0,03	97,95	0,16	0,01	98,80	0,33	0,03	97,68
CFO	0,12	0,01	98,9	0,08	0,01	99,40	0,12	0,01	98,58
LFO	0,08	0,01	99,5	0,05	0,00	99,75	0,09	0,01	99,25
LFL	0,03	0,00	99,75	0,02	0,00	99,87	0,04	0,00	99,58
IP	0,02	0,00	99,88	0,01	0,00	99,95	0,04	0,00	99,85
IF	0,01	0,00	99,95	0,00	0,00	99,99	0,01	0,00	99,94
AF	0,01	0,00	100	0,00	0,00	100,00	0,01	0,00	100,00

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 11- Estimativa das distâncias genéticas com base em Mahalanobis, considerando as 20 maiores e menores distâncias entre 55 progênies de *Hevea brasiliensis* a partir de 13 variáveis, Selvíria-MS.

Distâncias máximas			Distâncias mínimas		
	Progênies	Estimativa		Progênies	Estimativa
MAB 42	MAB 45	81,93	MAB 13	MAB 34	1,15
MAB 39	MAB 42	78,10	MAB 20	MAB 43	1,77
MAB 38	MAB 42	77,82	MAB 7	MAB 10	1,84
MAB 40	MAB 45	75,77	MAB 30	MAB 34	2,01
MAB 42	SEL 12	74,27	MAB 41	MAB 46	2,08
MAB 45	SEL 17	71,35	MAB 7	MAB 17	2,36
MAB 45	SEL 9	69,75	MAB 34	MAB 46	2,38
MAB 22	MAB 42	69,46	MAB 7	MAB 46	2,51
MAB 42	MAB 44	69,10	MAB 6	MAB 43	2,62
MAB 15	MAB 42	68,45	MAB 30	MAB 46	2,67
MAB 28	MAB 42	68,10	MAB 13	MAB 46	2,86
MAB 39	MAB 45	68,09	MAB 10	MAB 17	2,95
MAB 35	MAB 42	67,95	MAB 10	MAB 46	2,97
MAB 42	SEL 10	66,85	MAB 30	MAB 37	3,17
MAB 39	SEL 9	66,59	MAB 17	MAB 46	3,33
MAB 23	MAB 42	65,21	MAB 13	MAB 30	3,38
MAB 42	SEL 20	65,05	MAB 7	MAB 43	3,41
MAB 45	SEL 2	64,48	MAB 7	MAB 34	3,41
MAB 42	SEL 9	63,84	MAB 9	MAB 46	3,48
MAB 42	SEL 19	63,07	MAB 13	MAB 17	3,81

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 12- Grupos de progênies de *Hevea brasiliensis*, constituído de acordo com procedimento adotado por Tocher, com base na distância de Mahalanobis a partir de 13 variáveis, em Selvíria-MS.

Grupo	Progênies população Marabá
1	4 5 6 7 8 9 10 12 13 14 15 17 18 19 20 22 23 24 25 26 27 28 30 31 33 34 35 36 37 40 41 43 46
2	2
3	39
4	38
5	44
6	45
7	42

Grupo	Progênies população Selvíria
1	1 5 8 9 13 15 20
2	3 7
3	17
4	2
5	11
6	14
7	12
8	10
9	19

Grupo	Progênies* população Marabá e população Selvíria
1	M2 M4 M5 M6 M7 M8 M9 M10 M12 M13 M14 M15 M17 M18 M19 M20 M22 M23 M24 M25 M26 M27 M28 M30 M31 M33 M34 M35 M36 M37 M40 M41 M43 M44 M46 S1 S2 S3 S5 S7 S8 S9 S10 S11 S12 S13 S14 S15 S17 S19 S20
2	
3	M38
4	M39
5	M45 M42

* A letra à frente de cada progênie representa a população, sendo “M” a POP MAB e “S” POP SEL.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As populações de *Hevea brasiliensis* estudadas apresentam diversidade genética e diferença nas frequências gênicas. Portanto são adequadas para inclusão em programas de conservação *ex situ* e melhoramento genético. Apesar das populações possuírem percentual de combinações entre pares de matrizes não relacionadas, ambas apresentaram endogamia, possivelmente devido ao cruzamento entre indivíduos com parentesco. Contudo a endogamia pode ser manejada priorizando cruzamentos entre indivíduos não relacionados. Para garantir o sucesso em programas de melhoramento genético, o cruzamento entre indivíduos relacionados dentro das populações deve ser evitado, pois pode resultar em mortalidade devido à ocorrência de depressão por endogamia e conseqüentemente o aumento de custo para o replantio.

Os caracteres quantitativos analisados nas progênies, assim como os marcadores moleculares nas matrizes, apontaram que o maior percentual de diversidade está dentro das populações e não entre elas. A afirmação está baseada sobretudo na formação dos grupos de similaridades considerando todas as progênies, onde foi constatado a formação de apenas um grupo com mais de 90% das progênies. Contudo, é importante ressaltar que há divergência genética entre as progênies, podendo ser melhor explorada a heterose, realizando cruzamentos por meio de polinização controlada.

Apêndice A

CROQUI TESTE DE PROGÊNIES SERINGUEIRA

Amostra de população: Marabá-PA e Selvíria-MS

Plantio: 03/08/2016

Replanto: 03/09/16; 27/10/2016

		Progênes Baru														
		PROGÊNIES MARABÁ-PA														
Planta	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	
1	36	36	14	30	27	27	12	42	40	42	44	22	15	18	44	
2	24	24	38	42	24	36	35	28	45	2	18	44	19	12	38	
3	33	39	22	22	46	15	22	13	28	38	22	28	38	36	14	
4	28	3	18	36	15	36	8	39	2	36	35	10	39	44	39	
5	23	28	28	18	2	28	44	44	18	18	28	26	38	22	33	
6	40	31	42	4	34	22	13	25	42	40	40	44	4	45	42	
7	12	6	44	35	18	8	42	36	39	22	38	42	5	36	35	
8	38	34	24	25	36	33	39	40	38	18	42	45	23	38	12	
9	22	33	45	40	5	35	39	40	26	39	36	9	9	36	18	
10	22	17	40	22	25	38	33	33	40	5	22	19	45	39	40	
11	36	8	34	44	36	44	42	14	36	15	33	5	40	22		
12	45	30	38	40	42	28	22	44	10	31	14	31	35	42		
13	2	42	30	36	43	45	45	45	28	19	23	39	24	28		
14	14	5	25	38	22	39	14	17	38	44	22	35	26	33		
15	42	23	28	39	31	40	24	5	5	24	2	36	12	2		
16	35	38	45	23	38	28	30	35	22	42	28	38	2	44		
17	38	45	33	42	28	38	33	26	15	12	44	23	42	19		
18	18	18	12	22	18	6	41	18	44	20	38	18	14	35		
19	39	38	36	28	28	14	43	31	36	30	36	42	33	14		
20	19	4	35	14	40	44	18	9	14	9	18	45	36	40		
21	44	22	44	35	9	24	46	23	19	22	28	15	44	18		
22	35	44	44	31	44	2	5	22	42	33	42	36	22	39		
23	44	37	22	37	39	17	20	36	13	35	42	35	18	42		
24	28	19	5	28	7	42	38	37	4	25	24	19	40	35		
25	40	39	38	24	35	44	19	36	35	45	35	45	45	22		
26	36	46	39	20	45	39	9	44	2	23	44	2	28	45		
27	31	22	15	18	30	18	22	45	42	28	12	28	38	26		
28	38	44	23	45	4	25	20	22	42	44	22	14	35	28		
29	24	35	39	5	14	18	28	38	20	15	19	5	18	44		
30	2	42	36	33	39	45	15	24	39	36	45	39	14	38		
31	33	40	40	38	22	36	45	18	33	19	38	42	44	24		
32	23	35	28	45	44	38	43	15	18	2	18	44	44	19		
33	22	40	19	6	45	40	22	33	45	38	40	22	39			
34	18	36	35	39	19	10	19	38	23	44	39	4	36			
35	12	18	42	44	33	28	10	42	44	14	36	12	9			
36	26	14	13	43	26	22	2	39	22	24	28	44	24			
37	42	45	18	44	19	35	38	18	43	28	24	26	22			
38	45	39	42	38	40	23	24	22	40	28	40	22	23			
39	19	36	35	45	42	35	12	13	37	42	44	38	19			
40	39	12	22	22	22	36	6	28	18	33	12	38	42			
41	14	28	8	12	38	18	38	35	14	18	18	40	2			
42	22	27	39	36	12	36	8	44	39	39	2	28	31			
		PROGÊNIES SELVÍRIA-MS														
43	12	2	17	5	15	10	5	3	1	14	15	20	15			
44	14	3	19	19	5	12	19	14	5	17	5	19	5			
45	2	17	19	20	2	2	12	19	8	12	3	2	8			
46	10	1	10	2	3	20	17	14	11	5	8	17	2			
47	9	2	13	14	10	15	3	12	2	10	17	14	8			
48	15	12	14	10	8	9	10	3	3	7	19	3	1			
49	10	20	12	1	14	1	14	5	7	9	20	12	12			
50	19	19	11	10	19	7	15	2	10	15	14	5	19			
51	19	10	1	3	12	5	8	19	20	15	2	11	15			
52	8	7	8	12	10	19	10	9	13	1	19	1	7			
53	7	2	20	12	1	13	5	2	19	12	10	15	7			
54	19	10	2	19	20	14	9	20	15	10	1	10	20			
55	15	11	8	20	15	2	2	15	9	13	15	19	9			
56	2	13	19	15	10	10	7	8	1	17	11	12	14			
57	20	19	17	20	7	13	20	19	2	9	12	14	2			
58	19	14	11	19	13	15	19	19	2	8	5	3	10			
59	15	20	7	2	9	1	19	19	11	14	7	7	19			
60	10	7	1	17	7	12	1	19	19	20	3	9	8			
61	12	5	15	11	3	8	12	12	13	19	9	19	5			
62	7	15	13	7	12	7	17	14	20	7	7	20	20			
63	2	2	10	7	17	20	13	2	3	2	8	10	7			
64	14	20	14	19	2	7	15	2	10	15	2	19	20			
65	8	12	15	20	10	19	7	20	12	7	15	7	10			

**** Células azul correspondem ao início de bloco.

Linha de transmissão de energia

Células em azul correspondem ao início de bloco, sendo que o primeiro bloco começa na primeira planta da segunda linha.

Fonte: Elaboração do próprio autor.

APÊNDICE B

Estimativa das 100 maiores distâncias genéticas de Mahalanobis, entre progênies das POP MAB e POP SEL, em Selvíria-MS.

	Progênies*	Distância Genética	Progênies	Distância Genética	Progênies	Distância Genética	Progênies	Distância Genética
1	142-145	81,93	26	138-139	60,08	51	14-145	54,84
2	139-142	78,10	27	119-145	60,08	52	139-219	54,82
3	138-142	77,82	28	131-142	59,62	53	22-220	54,79
4	140-145	75,77	29	12-142	59,24	54	12-122	54,71
5	142-212	74,27	30	124-145	59,24	55	133-142	54,66
6	145-217	71,35	31	212-219	59,13	56	12-215	54,58
7	145-29	69,75	32	142-28	58,97	57	118-139	54,18
8	122-142	69,46	33	119-142	58,89	58	144-220	54,16
9	142-144	69,10	34	142-215	58,83	59	118-145	54,12
10	115-142	68,45	35	114-142	58,74	60	142-217	53,96
11	128-142	68,10	36	124-142	58,49	61	112-142	53,87
12	139-145	68,09	37	12-22	58,34	62	142-27	53,67
13	135-142	67,95	38	142-213	57,73	63	139-210	53,65
14	142-210	66,85	39	27-29	57,49	64	12-114	53,23
15	139-29	66,59	40	138-210	57,43	65	12-140	53,17
16	123-142	65,21	41	138-212	57,28	66	119-212	53,10
17	142-220	65,05	42	127-142	57,13	67	210-220	52,82
18	145-22	64,48	43	14-142	57,11	68	123-145	52,68
19	142-29	63,84	44	122-139	56,83	69	126-145	52,61
20	142-219	63,07	45	145-212	56,17	70	139-144	52,60
21	140-142	62,69	46	122-138	56,00	71	140-217	52,58
22	118-142	62,19	47	138-145	55,52	72	114-145	52,50
23	144-145	62,15	48	125-142	55,47	73	136-138	52,40
24	12-145	61,13	49	142-211	55,45	74	142-25	52,27
25	140-220	60,25	50	145-220	54,99	75	138-27	52,27
						76	122-215	52,11
						77	126-142	52,00
						78	15-142	51,98
						79	118-217	51,85
						80	145-21	51,84
						81	136-142	51,75
						82	114-144	51,60
						83	212-220	51,41
						84	145-219	51,37
						85	136-145	51,33
						86	22-27	51,26
						87	114-217	51,26
						88	140-144	51,24
						89	145-215	51,08
						90	139-140	50,98
						91	12-144	50,91
						92	145-210	50,84
						93	22-210	50,57
						94	210-217	50,52
						95	122-145	50,41
						96	212-215	50,38
						97	16-142	50,36
						98	138-23	50,22
						99	118-122	49,98
						100	122-212	49,91

*O número em frente de cada progênie representa a população, sendo o n° 1 a POP MAB e o n° 2 a POP SEL

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Apêndice C- Tabelas de estimativas de coancestria (θ_{xy}) entre genótipos das populações estudadas.**Tabela 1C-** Estimativa de coancestria (θ_{xy}) entre indivíduos adultos da população de Marabá (MAB) e Selvíria (SEL).

Genótipo	SEL 1	SEL 2	SEL 3	SEL 4	SEL 5	SEL 6	SEL 7	SEL 8	SEL 9	SEL 10	SEL 11	SEL 12	SEL 13	SEL 14	SEL 15	SEL 17	SEL 19	SEL 20
MAB 1	-0,071	-0,021	-0,030	-0,141	-0,025	-0,157	-0,109	-0,117	0,033	-0,167	-0,084	-0,116	-0,033	0,030	-0,157	0,005	-0,109	-0,109
MAB 2	-0,120	-0,070	-0,079	-0,042	-0,074	-0,122	-0,052	-0,039	-0,016	-0,089	-0,112	-0,059	-0,040	0,023	-0,038	-0,085	-0,115	-0,136
MAB 3	-0,095	-0,024	-0,012	-0,143	-0,028	-0,139	-0,132	-0,098	0,072	-0,106	-0,129	-0,118	0,006	-0,015	-0,118	-0,018	-0,132	-0,132
MAB 4	-0,152	0,046	0,037	-0,095	0,042	-0,153	-0,084	-0,029	0,015	-0,163	-0,081	-0,091	0,034	0,013	-0,111	-0,033	-0,042	-0,168
MAB 5	-0,012	-0,108	-0,117	-0,123	-0,112	-0,097	-0,091	0,006	-0,034	-0,107	0,038	0,007	-0,120	-0,183	-0,139	-0,166	-0,112	-0,049
MAB 6	-0,110	-0,101	-0,089	0,010	-0,084	-0,111	-0,063	-0,050	-0,069	0,110	-0,059	0,014	-0,071	-0,134	-0,006	-0,075	-0,105	-0,084
MAB 7	-0,045	0,047	0,059	-0,052	0,043	0,016	0,022	-0,007	0,017	-0,078	0,005	-0,006	0,140	0,161	-0,068	0,052	-0,104	0,001
MAB 8	0,038	-0,079	-0,088	-0,094	-0,083	-0,027	-0,020	0,014	-0,089	-0,036	0,046	0,057	-0,070	-0,155	-0,068	-0,095	-0,083	0,022
MAB 9	0,204	-0,082	-0,091	-0,076	-0,086	0,202	-0,022	0,074	0,014	-0,081	0,149	0,096	-0,010	-0,010	-0,029	0,007	-0,065	0,041
MAB 10	-0,095	-0,024	-0,033	-0,164	-0,028	-0,160	-0,069	-0,119	0,030	-0,127	-0,108	-0,202	-0,015	0,006	-0,139	0,003	-0,069	-0,048
MAB 11	0,080	-0,121	-0,130	-0,115	-0,125	0,121	-0,104	0,077	-0,005	-0,057	0,046	0,099	-0,070	-0,133	-0,026	-0,053	-0,041	-0,062
MAB 12	-0,006	-0,040	-0,028	0,156	-0,023	0,055	0,230	-0,009	0,014	0,109	0,044	-0,029	-0,073	0,095	0,223	0,071	-0,022	0,020
MAB 13	-0,075	-0,004	0,008	0,002	0,013	-0,161	-0,091	-0,079	0,092	-0,024	-0,025	-0,057	-0,058	-0,016	-0,119	0,001	-0,050	-0,091
MAB 14	-0,086	-0,057	-0,066	-0,072	-0,061	-0,046	-0,061	-0,027	0,018	-0,098	-0,120	-0,047	-0,006	0,015	-0,004	0,011	0,023	-0,082
MAB 15	-0,032	-0,002	0,010	-0,101	0,014	-0,055	-0,132	-0,098	-0,033	-0,148	-0,108	-0,013	0,090	0,027	-0,138	0,024	-0,090	-0,111
MAB 16	0,023	0,094	0,064	-0,130	0,069	0,042	-0,035	-0,044	0,022	-0,073	0,052	-0,001	0,061	0,187	-0,063	0,162	-0,078	-0,035
MAB 17	-0,101	-0,135	-0,144	0,145	-0,139	-0,124	-0,033	-0,062	-0,060	0,056	-0,072	-0,083	-0,147	-0,126	0,044	-0,150	-0,012	-0,054
MAB 18	0,002	0,073	0,086	0,017	0,090	0,042	0,091	-0,001	0,022	-0,093	0,052	-0,021	0,061	0,103	0,085	0,184	0,070	-0,056
MAB 19	-0,003	0,047	0,080	-0,009	0,043	-0,005	0,002	-0,048	0,038	0,091	0,047	-0,047	0,056	-0,007	-0,005	0,074	0,002	0,107
MAB 20	0,065	-0,010	0,002	0,059	0,007	0,148	0,049	0,167	0,001	-0,051	0,136	0,168	-0,085	-0,022	-0,062	-0,068	-0,014	-0,014
MAB 21	-0,102	0,032	0,065	0,164	0,049	-0,062	0,029	-0,085	-0,103	0,159	-0,010	-0,084	-0,085	-0,106	0,064	-0,110	-0,056	-0,034
MAB 22	0,040	0,007	0,019	0,055	0,023	0,017	0,129	0,016	-0,003	0,029	-0,036	0,038	0,078	0,036	0,060	-0,009	-0,018	0,108

Continuação. **Tabela 1C**- Estimativa de coancestria (θ_{xy}) entre indivíduos adultos da população de Marabá (MAB) e Selvíria (SEL)

Genótipo	SEL 1	SEL 2	SEL 3	SEL 4	SEL 5	SEL 6	SEL 7	SEL 8	SEL 9	SEL 10	SEL 11	SEL 12	SEL 13	SEL 14	SEL 15	SEL 17	SEL 19	SEL 20
MAB 23	-0,103	0,157	0,148	-0,067	0,132	-0,042	-0,056	-0,085	-0,062	-0,072	-0,032	-0,126	-0,002	-0,002	-0,083	-0,026	0,049	0,028
MAB 24	-0,028	0,064	0,055	-0,055	0,039	-0,030	-0,002	-0,074	-0,071	-0,040	-0,020	-0,052	-0,053	-0,053	-0,072	-0,078	0,123	0,145
MAB 25	-0,107	0,132	0,165	-0,029	0,149	-0,088	-0,039	-0,110	-0,045	-0,034	-0,036	-0,109	-0,027	-0,048	-0,129	-0,051	0,003	0,024
MAB 26	-0,119	0,141	0,132	-0,020	0,158	-0,079	-0,030	-0,102	-0,099	-0,026	-0,048	-0,101	-0,018	-0,039	-0,121	-0,043	0,011	0,033
MAB 27	-0,102	0,053	0,044	-0,046	0,049	-0,041	-0,056	-0,085	-0,103	-0,114	-0,115	-0,105	-0,001	-0,043	-0,041	-0,005	0,070	0,007
MAB 28	-0,150	-0,058	-0,046	-0,135	-0,062	-0,110	-0,082	-0,070	-0,151	-0,078	-0,100	-0,090	-0,028	-0,133	-0,110	-0,095	0,001	-0,040
MAB 29	0,033	-0,022	-0,010	-0,162	-0,026	-0,032	-0,151	-0,097	-0,094	-0,084	-0,085	0,030	0,029	-0,076	-0,095	0,046	-0,068	-0,046
MAB 30	-0,064	-0,098	-0,107	-0,113	-0,102	-0,129	-0,081	-0,026	-0,107	0,050	-0,035	-0,067	-0,068	-0,152	-0,066	-0,093	-0,039	-0,018
MAB 31	-0,035	-0,090	-0,099	-0,063	-0,094	-0,100	-0,136	-0,018	-0,099	-0,005	0,036	0,046	-0,039	-0,165	-0,100	-0,148	-0,010	-0,073
MAB 32	-0,135	-0,148	-0,136	-0,078	-0,152	-0,137	-0,067	0,008	-0,052	-0,063	-0,085	-0,054	-0,097	-0,139	-0,053	-0,122	-0,026	-0,109
MAB 33	-0,060	-0,052	-0,040	-0,024	-0,035	-0,104	-0,013	-0,042	-0,040	0,034	-0,031	-0,041	-0,085	-0,022	-0,061	-0,088	-0,034	-0,076
MAB 34	-0,105	-0,139	-0,127	0,077	-0,122	-0,065	-0,079	-0,046	-0,043	0,051	-0,139	-0,024	-0,109	-0,130	0,019	-0,155	-0,017	-0,100
MAB 35	-0,060	-0,052	-0,061	-0,024	-0,056	-0,167	-0,118	-0,022	0,002	-0,051	-0,073	-0,042	0,020	-0,064	-0,041	-0,068	-0,035	-0,160
MAB 36	-0,053	-0,086	-0,074	-0,122	-0,069	-0,096	-0,069	-0,161	-0,095	-0,022	-0,086	-0,055	-0,119	-0,182	-0,096	-0,102	0,015	0,078
MAB 37	-0,038	0,118	0,151	0,040	0,135	-0,081	0,009	-0,041	0,003	0,035	-0,009	-0,040	-0,041	0,001	-0,060	-0,024	0,051	0,093
MAB 38	-0,067	-0,017	-0,005	-0,032	0,000	-0,069	-0,020	-0,008	0,079	-0,037	-0,122	-0,007	0,034	-0,008	-0,048	-0,033	-0,084	-0,041
MAB 39	0,016	-0,059	-0,047	0,157	-0,042	0,057	-0,042	-0,113	-0,090	0,152	-0,081	-0,007	-0,029	-0,029	0,099	-0,033	-0,021	0,021
MAB 40	-0,016	-0,092	-0,080	-0,001	-0,075	-0,060	-0,032	0,023	-0,059	-0,027	-0,050	-0,040	0,001	-0,083	-0,018	-0,045	0,094	-0,074
MAB 41	0,073	-0,003	0,009	0,066	-0,007	0,029	0,077	-0,036	0,009	0,145	0,039	0,028	0,006	0,027	0,197	0,044	-0,091	-0,006
MAB 42	0,087	-0,093	-0,081	0,123	-0,097	0,128	0,029	0,042	-0,039	0,034	0,075	0,085	0,000	0,021	0,044	-0,088	-0,055	0,071
MAB 43	-0,063	0,030	0,063	-0,006	0,047	-0,043	-0,037	-0,066	-0,064	0,031	-0,013	-0,044	-0,024	-0,066	-0,106	-0,070	-0,079	0,026
MAB 44	0,078	-0,073	-0,082	-0,084	-0,077	0,087	-0,159	0,074	-0,057	-0,118	0,084	0,101	-0,064	-0,172	-0,080	-0,131	-0,097	-0,073
MAB 45	-0,106	-0,014	-0,023	-0,091	-0,018	-0,171	-0,101	-0,047	-0,023	-0,118	-0,140	-0,151	-0,005	-0,089	-0,087	-0,114	0,066	-0,080
MAB 46	0,064	-0,117	-0,126	0,037	-0,121	-0,043	-0,036	0,040	-0,063	0,053	-0,012	-0,044	-0,045	-0,129	0,020	-0,153	0,006	-0,057

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Continuação Tabela 2C- Estimativa de coancestria (θ_{xy}) entre indivíduos adultos da população de Marabá (MAB).

Genótipo	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	
1	-0,132	-0,064	-0,055	-0,018	0,040	0,012	-0,022	-0,014	-0,009	0,004	0,000	0,130	0,074	-0,184	0,059	-0,109	-0,120	-0,095	-0,080	-0,167	0,003	0,062	-0,040	
2	-0,097	-0,071	-0,062	-0,024	0,054	-0,036	-0,007	-0,020	0,090	0,018	0,162	0,186	0,026	-0,106	0,074	-0,031	-0,001	0,004	0,061	-0,068	-0,050	0,098	0,037	
3	-0,114	-0,025	-0,037	0,043	0,100	0,031	-0,024	-0,037	0,094	-0,041	0,082	0,148	0,051	-0,123	0,099	-0,069	-0,060	-0,034	0,002	-0,085	-0,023	0,165	0,041	
4	-0,129	0,003	0,011	0,091	0,043	-0,068	-0,060	0,011	0,037	-0,013	0,004	0,259	0,015	-0,096	0,210	-0,126	-0,074	-0,133	-0,055	-0,121	-0,049	0,150	0,027	
5	-0,094	-0,130	-0,122	-0,084	0,015	-0,033	0,059	0,130	0,135	0,085	0,102	0,084	0,176	-0,145	0,014	-0,049	0,087	-0,035	-0,020	-0,002	0,294	-0,025	-0,022	
6	-0,045	-0,060	-0,052	0,049	0,085	0,079	0,255	0,179	0,205	0,176	0,088	0,049	0,078	-0,033	0,042	0,042	0,094	0,077	0,029	0,047	-0,032	0,045	0,132	
7	-0,043	0,067	0,055	-0,013	0,066	0,080	-0,080	-0,072	-0,087	-0,138	-0,121	-0,033	-0,152	-0,032	0,022	-0,083	-0,094	0,015	0,156	-0,036	-0,115	-0,016	-0,098	
8	-0,002	-0,080	-0,072	-0,055	0,044	0,101	0,067	0,096	0,143	0,050	-0,016	-0,034	0,100	-0,074	-0,020	0,001	0,115	-0,006	-0,012	0,027	0,253	-0,038	-0,015	
9	-0,025	-0,062	-0,053	-0,037	-0,084	-0,027	-0,062	-0,054	-0,132	0,006	-0,060	-0,099	0,034	-0,077	-0,148	0,082	-0,076	-0,029	0,048	0,003	0,299	-0,166	-0,038	
10	-0,156	-0,046	-0,037	0,001	0,079	0,031	0,018	-0,079	0,031	0,022	0,019	0,106	0,030	-0,165	0,057	-0,111	-0,060	-0,097	-0,103	-0,127	-0,023	0,144	0,062	
11	-0,107	-0,122	-0,114	0,092	0,065	-0,025	0,088	0,033	0,122	0,072	0,068	0,008	0,100	-0,116	0,106	0,022	0,031	-0,090	-0,033	-0,078	0,377	0,088	0,133	
12	-0,046	-0,062	-0,053	-0,078	-0,126	-0,048	-0,082	-0,095	-0,111	0,027	0,066	0,006	-0,049	-0,034	-0,169	0,146	-0,034	0,202	0,133	-0,017	-0,112	-0,187	-0,017	
13	-0,115	-0,068	-0,080	-0,064	-0,069	-0,096	-0,005	0,066	0,030	0,063	0,018	0,126	0,070	-0,062	0,077	-0,050	-0,061	-0,077	-0,126	-0,108	0,120	0,017	-0,023	
14	-0,147	-0,142	-0,133	0,114	0,067	0,018	0,068	0,055	0,144	0,052	0,216	0,178	-0,025	-0,094	0,170	0,086	0,075	-0,068	-0,032	-0,119	0,019	0,090	0,008	
15	-0,156	-0,025	-0,016	0,022	0,142	0,157	0,081	0,026	-0,011	-0,020	0,103	0,085	0,030	-0,123	-0,006	0,015	0,045	-0,055	0,023	-0,127	-0,009	0,081	-0,022	
16	0,109	0,114	0,123	-0,091	-0,076	0,002	-0,095	-0,045	-0,166	-0,091	-0,199	-0,070	-0,083	0,099	-0,035	-0,057	-0,131	0,105	0,036	0,116	-0,133	-0,137	-0,135	
17	-0,120	-0,136	-0,127	-0,047	-0,032	-0,059	0,012	0,083	0,088	0,100	0,202	0,205	0,024	-0,150	0,009	0,051	-0,024	0,149	-0,025	-0,112	0,098	0,096	0,161	
18	-0,059	-0,012	-0,003	0,056	-0,055	-0,040	-0,074	-0,024	-0,082	0,035	-0,052	-0,028	-0,041	-0,026	-0,098	0,049	0,037	-0,021	-0,048	-0,009	-0,067	-0,095	-0,135	
19	0,020	0,067	0,034	-0,033	0,024	0,081	-0,016	-0,071	-0,024	-0,096	-0,141	-0,075	-0,067	0,032	-0,019	-0,019	0,074	0,037	-0,011	0,049	-0,103	-0,016	0,028	
20	0,130	0,136	0,144	-0,028	-0,097	-0,124	-0,074	-0,045	-0,082	-0,069	-0,115	-0,132	-0,125	0,142	-0,077	-0,056	-0,025	-0,084	0,057	0,159	0,211	-0,116	-0,008	
21	0,257	0,262	0,271	-0,048	-0,075	-0,039	-0,094	-0,065	-0,102	-0,111	-0,030	-0,069	-0,062	0,247	-0,139	0,091	-0,067	0,169	0,057	0,306	-0,064	-0,115	-0,008	
22	-0,021	0,005	0,014	0,031	0,004	0,019	-0,015	-0,049	-0,065	-0,032	-0,098	-0,074	-0,045	-0,030	0,003	-0,018	-0,009	0,017	-0,010	-0,034	-0,048	-0,015	0,029	
23	0,403	0,387	0,354	0,077	0,050	0,002	-0,095	-0,087	-0,124	-0,133	-0,157	-0,112	0,022	0,331	-0,056	-0,035	-0,110	-0,105	-0,027	0,243	-0,083	0,031	-0,093	
24	-	0,378	0,345	0,068	0,041	0,056	-0,083	-0,075	-0,091	-0,121	-0,124	-0,142	0,180	0,384	-0,107	-0,003	-0,098	-0,072	-0,015	0,275	-0,070	0,022	-0,102	
25	-	-	0,371	0,073	0,046	-0,002	-0,099	-0,091	-0,128	-0,116	-0,140	-0,116	0,039	0,348	-0,039	-0,018	-0,093	-0,109	-0,031	0,259	-0,087	0,027	-0,097	
26	-	-	-	0,081	0,034	-0,014	-0,090	-0,082	-0,140	-0,107	-0,131	-0,107	0,047	0,314	-0,072	-0,010	-0,084	-0,121	-0,043	0,268	-0,082	0,015	-0,088	
27	-	-	-	-	0,134	-0,019	0,031	0,018	0,002	0,015	-0,010	0,015	0,127	0,037	0,070	0,049	0,038	-0,063	-0,069	-0,051	0,023	0,136	0,013	
28	-	-	-	-	-	0,123	0,256	0,160	0,165	0,114	0,048	0,009	0,205	-0,011	0,023	-0,041	0,053	-0,068	-0,032	-0,078	0,050	0,215	0,070	
29	-	-	-	-	-	-	0,103	0,048	0,222	-0,102	0,126	0,024	-0,074	-0,038	-0,004	0,058	0,173	0,010	-0,018	0,042	-0,052	0,062	0,022	
30	-	-	-	-	-	-	-	0,266	0,292	0,305	0,112	0,053	0,102	-0,072	0,024	0,003	0,076	-0,025	-0,031	-0,013	0,039	0,091	0,114	
31	-	-	-	-	-	-	-	-	0,216	0,250	0,141	0,103	0,089	-0,085	0,053	0,053	0,147	-0,038	-0,044	0,058	0,092	-0,006	0,038	
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,213	0,252	0,129	0,052	-0,101	0,143	-0,026	0,215	-0,011	-0,039	0,042	0,058	0,209	0,127	
33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,033	0,036	0,170	-0,067	0,008	-0,013	0,059	0,001	-0,047	0,034	0,049	0,032	0,076	
34	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,243	0,019	-0,134	0,110	0,172	0,224	-0,002	-0,009	-0,033	0,026	0,155	0,178	
35	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,002	-0,130	0,113	-0,014	0,038	0,022	-0,026	-0,114	0,021	0,137	0,160	
36	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,045	-0,048	0,015	-0,038	-0,013	-0,082	-0,043	0,127	0,144	0,042	
37	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,054	0,030	-0,086	-0,061	0,017	0,266	-0,091	-0,009	-0,111	
38	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,105	0,115	-0,048	-0,055	-0,037	-0,074	0,151	0,027
39	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,009	0,077	0,050	0,026	-0,002	-0,102	-0,015
40	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,039	-0,066	0,077	-0,017	0,097	0,120
41	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,148	-0,065	-0,043	-0,087	0,020
42	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,008	0,018	-0,093	0,014
43	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0,044	-0,118	-0,094
44	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,064	0,111
45	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,261
46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Fonte: Elaboração do próprio autor.

Tabela 3C- Estimativa de coancestria (θ_{xy}) entre indivíduos adultos da população de Selvíria (POP SEL).

Genótipo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	17	19	20
1	-	-0,064	-0,073	-0,015	-0,068	0,241	0,038	0,239	0,242	0,063	0,188	0,324	0,176	0,029	0,094	0,130	0,016	0,101
2	-	-	0,397	-0,049	0,423	-0,024	-0,080	-0,046	0,082	-0,033	0,007	-0,087	0,058	0,142	-0,044	0,181	0,025	-0,101
3	-	-	-	-0,016	0,414	-0,075	-0,068	-0,076	0,115	0,000	0,019	-0,075	0,028	0,091	-0,095	0,151	-0,026	-0,110
4	-	-	-	-	-0,011	0,046	0,262	0,065	0,005	0,309	-0,007	0,108	-0,040	0,044	0,298	-0,065	0,073	0,115
5	-	-	-	-	-	-0,070	-0,063	-0,071	0,099	0,005	0,003	-0,070	0,033	0,096	-0,090	0,156	-0,021	-0,105
6	-	-	-	-	-	-	0,099	0,217	0,072	-0,022	0,144	0,301	0,048	0,237	0,176	0,171	0,141	0,162
7	-	-	-	-	-	-	-	0,181	0,058	0,173	0,130	0,098	0,034	0,139	0,309	0,030	0,147	0,315
8	-	-	-	-	-	-	-	-	0,154	0,018	0,289	0,258	0,047	0,068	0,196	0,064	0,139	-0,008
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,062	0,145	0,092	0,028	0,196	0,030	0,171	0,036	-0,068
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,071	0,040	-0,045	-0,024	0,230	0,035	0,005	0,131
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,185	-0,026	0,016	0,060	0,054	0,066	0,025
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,027	0,026	0,071	0,086	-0,049	0,077
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,151	0,111	0,148	0,034	0,160
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,132	0,315	0,097	0,034
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,129	0,141	0,120
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,072	-0,012
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,189
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Fonte: Elaboração do próprio autor.