

**DANDARA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE TESTE DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES  
DE *Parkia platycephala* Benth.**

**Botucatu**

**2020**



**DANDARA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA DE TESTE DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES  
DE *Parkia platycephala* Benth.**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp Campus de Botucatu, para obtenção do título de Mestre em Ciência Florestal.

Orientador: Prof. Dr. Evandro Vagner  
Tambarussi

Coorientadora: Profa. Dra. Séfora Gil Gomes de  
Farias

**Botucatu  
2020**

S586v Silva, Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira  
Variabilidade genética de teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth. / Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva. -- Botucatu, 2020  
87 p. : tabs., fotos, mapas  
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu  
Orientador: Evandro Vagner Tambarussi  
Coorientadora: Séfora Gil Gomes de Farias  
1. Conservação genética. 2. Dissimilaridade genética. 3. Parâmetros genéticos. 4. Recursos genéticos florestais. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: VARIABILIDADE GENÉTICA DE TESTE DE PROCEDÊNCIAS E  
PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth.**

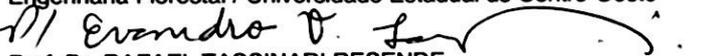
**AUTORA: DANDARA YASMIM BONFIM DE OLIVEIRA SILVA**

**ORIENTADOR: EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI**

**COORIENTADORA: SÉFORA GIL GOMES DE FARIAS**

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em CIÊNCIA FLORESTAL,  
pela Comissão Examinadora:

  
Prof. Dr. EVANDRO VAGNER TAMBARUSSI  
Engenharia Florestal / Universidade Estadual do Centro-Oeste

  
Prof. Dr. RAFAEL TASSINARI RESENDE  
Setor de Melhoramento de Plantas / Universidade Federal de Goiás

  
Prof. Dr. CELSO LUIS MARINO  
Departamento de Ciências Químicas e Biológicas / Instituto de Biociências de Botucatu - UNESP

Botucatu, 27 de julho de 2020



## **AGRADECIMENTOS**

A Deus pela vida, pelas bênçãos recebidas, pelos momentos felizes, e principalmente pelos momentos tristes, de desconforto e desesperos, pois estes foram fundamentais para minha evolução pessoal e profissional. Levo sempre comigo o seguinte “lema”: dos momentos felizes guardo lembranças, e dos tristes, difíceis e desesperadores, o aprendizado. Sem Deus na minha vida, nada disso seria possível, jamais teria alcançado mais essa conquista na minha carreira profissional. A você pai, serei eternamente grata.

A Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, em especial ao Programa de Pós - Graduação em Ciência Florestal pela oportunidade, pelos ensinamentos e conhecimentos adquiridos durante estes dois anos.

A Universidade Federal do Piauí, Campus Professora Cinobelina Elvas, pela parceria no trabalho.

Ao Professor Dr. Evandro Vagner Tambarussi, pela orientação, confiança, oportunidade, ensinamentos, incentivos, e pela atenção. Obrigada por ser esse homem de uma humildade e coração gigantesco, obrigada por tudo professor.

A Profa. Dra. Séfora Gil Gomes de Farias, minha coorientadora, pela sua amizade, pelos ensinamentos concedidos, pelo carinho e pela atenção nestes quase sete anos de convivência. Obrigada por sempre me lembrar que eu posso e que sou capaz, essa conquista é nossa.

Ao Professor Dr. Rafael Tassinari Resende pelas contribuições sugeridas para com o trabalho, pela orientação nas análises estatísticas, pela disponibilidade, atenção, e pelos incentivos durante as análises, fica aqui minha gratidão professor.

A Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal (PPGCF) na pessoa da Profa. Dra. Magali Ribeiro, e todos os membros do PPGCF, como mestrandos, doutorandos, docentes, secretária, todos aqueles que de alguma forma tornaram meus dois anos mais alegres e produtivos. Aos docentes do PPGCF, obrigada pelos ensinamentos, estes foram fundamentais para meu crescimento profissional.

A minha família pelo apoio, incentivo e por sempre acreditar e embarcar junto comigo nos meus sonhos e objetivos, por comemorar minhas conquistas como se fosse suas. Obrigada meu pai (Leilson Barbosa Silva), minha mãe (Edna Bonfim de Oliveira Silva), meus irmãos (Danielle Cristina Bonfim de Oliveira Silva e Antônio

Thiago Bonfim de Oliveira Silva) e meu sobrinho Felipe Antônio Bonfim Lima, que chegou para nos unir ainda mais, e mostrar que amor não se quantifica, não se limita, apenas deve ser vivido e demonstrado todos os dias das nossas vidas.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq pela bolsa de mestrado concedida.

A equipe do Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal da Universidade Estadual do Centro Oeste – Unicentro, Paraná, por me acolher e contribuir com o trabalho. Fernanda Bortolanza, Mateus Chagas, João Gabriel e Mateus Perek, meus agradecimentos pela ajuda sempre que os procurava.

A equipe do Laboratório de Biologia Molecular de Plantas por me acolherem tão bem. Dr. Bruno Cesar Rossini e Prof. Dr. Celso Luis Marino fica aqui meus sinceros agradecimentos a vocês e toda a sua equipe.

A todos os meus professores, desde aqueles do ensino fundamental à universidade, pela amizade e ensinamento, sem seus direcionamentos, nada disso teria acontecido.

Aos membros da banca Prof. Dr. Rafael Tassinari Resende e Prof. Dr. Celso Luis Marino, pela disponibilidade e contribuições.

Aos amigos que me acompanham durante todo esse desafio, obrigada pelos momentos de descontração, pela ajuda, e por todas conversas nos momentos de dificuldades e desânimos.

Agradeço a todos aqueles que direto ou indiretamente contribuíram para a realização desse trabalho, pois foram peças fundamentais para tornar esse momento possível.

## RESUMO

Popularmente conhecida como faveira, *Parkia platycephala* é uma espécie nativa de elevado potencial nutritivo e ecológico, entretanto, estudos sobre estrutura genética de populações da espécie ainda são inexistentes. Diante disto, objetivou-se com o trabalho estimar a variabilidade genética, parâmetros genéticos e a distância genética em teste de procedências e progênes de *P. platycephala*, a partir de caracteres quantitativos. O teste foi delineado em blocos casualizados, com 45 progênes de três procedências/populações. Os caracteres quantitativos avaliados foram altura (ALT, m), diâmetro ao nível do solo (DNS, mm) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB, mm) das plantas. Os dados foram submetidos a análise de REML/BLUP, a partir da qual, foram obtidas as estimativas de parâmetros genéticos, correlações genéticas, BLUPs, ganhos genéticos e tamanho efetivo populacional. Adicionalmente, estimou-se a divergência genética entre progênes via BLUP, a partir da distância de Mahalanobis, e em seguida, as progênes foram agrupadas empregando os métodos de agrupamento UPGMA, Tocher e análise de componentes principais. As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h^2_r$ ) e dentro progênes ( $h^2_d$ ) variaram de baixa a moderada (0,00 a 0,39), sendo os maiores valores observados para o caractere DNS (0,32 e 0,39, respectivamente). Os valores de coeficiente de variação genética individual ( $CV_{gi}(\%)$ ) e entre progênes ( $CV_{gp}(\%)$ ) indicam existência de variabilidade genética entre e dentro de população. Os valores  $F_{ST}$  demonstraram baixa a moderada diferenciação genética entre as três populações. As correlações genéticas entre os caracteres foram todas positivas e significativas. A maior e menor distância genética foi observada entre as progênes SG18 e SG21 (7,29) e EG5 e BJ42 (0,10), respectivamente. Os coeficientes de correlação cofenético ( $CCC > 0,80$ ) indicaram boa representatividade entre a matriz de dissimilaridade e os métodos de agrupamento. Os resultados obtidos mostram que há variabilidade genética entre as procedências e progênes estudadas, logo, o teste de procedências e progênes pode ser explorado para fins de conservação, bem como para programas de melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** Conservação genética. Dissimilaridade genética. Parâmetros genéticos. Recursos genéticos florestais.



## ABSTRACT

Popularly known as faveira, *Parkia platycephala* Benth is a species native to Brazil with significant nutritional and ecological potential; however, studies on the genetic structure of populations are still lacking. Thus, the objective of this study was to estimate the genetic variability, genetic parameters, and genetic distance in a *P. platycephala* provenance and progeny test. The test was established using a randomized block design, with 45 progeny from three provenances. The evaluated quantitative traits include tree height (HEI), diameter at ground level (DGL), and diameter below the first bifurcation (DFB). The data were submitted to REML/BLUP analysis, from which estimates of genetic parameters, genetic correlation, BLUPs, genetic gains, and effective population size were obtained. Additionally, genetic divergence between progeny via BLUP was estimated based on the Mahalanobis distance. Progeny were then grouped using UPGMA, Tocher's optimization method, and principal component analysis. Estimates of individual narrow-sense heritability ( $h_r^2$ ) and within progeny heritability ( $h_d^2$ ) ranged from low to moderate (0.00 a 0.39), with the highest values observed for DGL (0.32 for  $h_r^2$  and 0.39 for  $h_d^2$ ). The coefficient of individual ( $CV_{gi(\%)}$ ) and between progeny genetic variation ( $CV_{gp(\%)}$ ) indicate the existence of genetic variability between and within provenances. The  $F_{ST}$  values demonstrate low to moderate genetic differentiation among the three populations, and genetic correlations between traits were all positive and significant. The greatest genetic distance was observed between progeny SG18 and SG21 (7.29) and the shortest between EG5 and BJ42 (0.10). The cophenetic correlation coefficients ( $CCC > 0.80$ ) indicate good representativeness between the dissimilarity matrix and the grouping methods. The results show that there is genetic variability between the studied provenances and progeny; therefore, further analysis can assess the use of the test in conservation and breeding programs for the species.

**Keywords:** Genetic conservation. Genetic dissimilarity. Genetic parameters. Forest genetic resources.



## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Detalhes da árvore de *Parkia platycephala* Benth. (A), casca (B) e folha (C). Fonte: A autora (2017) .....22
- Figura 2 - Detalhes da floração da árvore de *Parkia platycephala* Benth. (A), inflorescência (B e C), frutos oriundos de uma mesma inflorescência (D) e semente (E). Fonte: A autora (2017) .....24
- Figura 3 - Morfologia da inflorescência da espécie *Parkia platycephala* Benth., capítulos globosos sobre pedúnculos pendentes (A), flores da periferia não produtoras de néctar (parte inferior do capítulo) (B), flores do ápice produtoras de néctar (C), flor do disco (D), flores masculinas do ápice (E) e estames, destaque de suas estruturas (F). Fonte: A autora (2017) .....25
- Figura 4 - Abelha visitando as flores masculinas do ápice da inflorescência de *Parkia platycephala* Benth.. Fonte: A autora (2017) .....27
- Figura 5 - Localização das populações de *Parkia platycephala* utilizadas no teste de procedências e progênes e distribuição espacial das 45 árvores matrizes amostradas nas áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do estado do Piauí. Elaboração: Evandro Ferreira da Silva (2020) .....37
- Figura 6 - Diagrama climático da região onde se encontra instalado o teste de procedência e progênes de *Parkia platycephala* Benth., Piauí, Brasil Dados correspondente ao período de janeiro de 2017 a novembro de 2019. Fonte: (INMET, 2020) – Estações: 82975 e 82870 do Piauí – PI .....39
- Figura 7 - Médias fenotípicas preditas de 411 indivíduos com base nos valores genéticos (BLUP's) para os caracteres altura (A), diâmetro ao nível do solo (DNS) (B) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) (C) em teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala* Benth. aos 34 meses .....59
- Figura 8 - Estimativas de ganhos (GS), média fenotípica melhorada ( $\mu$ PM) e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) calculadas em resposta a diferentes intensidades de seleção sob a população total do teste de

procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.  
.....61

Figura 9 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) para agrupamento de 45 progênies de *Parkia platycephala* Benth., em teste de procedências e progênies aos 34 meses .....64

Figura 10 - Dispersão gráfica dos escores de 45 progênies de *Parkia platycephala* Benth., estimadas a partir do BLUP dos caracteres quantitativos altura (ALT) e diâmetro a nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) em teste de procedências e progênies, aos 34 meses .....68

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Coordenadas geográficas e altitude média das três procedências de *Parkia platycephala* Benth., amostradas em áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do estado do Piauí, e utilizadas no teste de procedência e progênie instalado em Alvorada do Gurgueia, PI .....39
- Tabela 2 - Características de crescimento inicial, altura (m), diâmetro a nível do solo (DNS (mm)), diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB (mm)) e sobrevivência de *Parkia platycephala* Benth., aos 34 meses.....48
- Tabela 3 - Análise de Deviance, significância dos efeitos aleatórios e fixos dos modelos mistos ajustados, a partir dos caracteres altura (ALT), diâmetro a nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB), em teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth. aos 34 meses, , pelo teste da razão de verossimilhança (LTR) pela aproximação Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) .....50
- Tabela 4 - Parâmetros genéticos e correlações genéticas (diagonal superior) e fenotípicas (diagonal inferior) dos caracteres avaliados em teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.....52
- Tabela 5 - BLUP das 21 melhores famílias de *Parkia platycephala* Benth. presentes no teste de procedências e progênies para altura (ALT), diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB).....60
- Tabela 6 - Agrupamento das 45 progênies de *Parkia platycephala* Benth., segundo o método de otimização de Tocher aos 34 meses, com base nos valores genéticos preditos (BLUP's) dos caracteres quantitativos altura, diâmetro ao nível do solo e diâmetro abaixo da primeira bifurcação em teste de procedências e progênies .....66



## SUMÁRIO

1	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	17
2	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	20
2.1	Histórico do teste de procedências e progênies de <i>Parkia platycephala</i> Benth .....	20
2.2	Caracterização da espécie .....	21
2.3	Atual situação da degradação do Bioma Cerrado e áreas de transição Cerrado/Caatinga e suas implicações na conservação genética dos fragmentos florestais remanescentes .....	27
2.4	Estimativa de parâmetros genéticos a partir da genética quantitativa .....	29
2.5	Métodos multivariados para a caracterização da divergência genética .....	32
3	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	36
3.1	Coleta de sementes, produção de mudas e descrição da área e delineamento experimental .....	36
3.2	Coleta de dados e caracteres avaliados .....	40
3.3	Análises Estatísticas .....	40
3.3.1	Modelos mitos ajustados e componentes de variâncias .....	40
3.3.2	Estimativa de Parâmetros genéticos .....	42
3.3.3	BLUP's, ganhos com a seleção e Tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) .....	43
3.3.4	Dissimilaridade genética .....	45
3.3.4.1	Método <i>Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages</i> (UPGMA) .....	46
3.3.4.2	Método de Tocher .....	46
3.3.4.3	Análise de Componentes Principais (PCA) .....	47
4	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	48
4.1	Crescimento inicial e sobrevivência das progênies de <i>P. platycephala</i> .....	48
4.2	Análise de Deviance, correlações e estimativa de parâmetros genéticos .....	50

4.3	BLUP's, ganho esperado com à seleção e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) .....	58
4.4	Distâncias genéticas, agrupamentos e análise de componentes principais .....	63
4.4.1	Agrupamento pelo método UPGMA .....	64
4.4.2	Agrupamento pelo método de Tocher .....	66
4.4.3	Análise de Componentes Principais (PCA) .....	68
5	Recomendações genéticas para trabalhos com a espécie <i>Parkia platycephala</i> Benth .....	71
	REFERÊNCIAS .....	73

## 1 INTRODUÇÃO

*Parkia platycephala* Benth., popularmente conhecida como faveira, fava de bola e visgueiro, é uma espécie florestal nativa com ampla distribuição nas regiões Norte e Nordeste do Brasil (COSTA et al., 2011; LORENZI, 2013). A espécie possui potencial econômico, social e ecológico, dada a potencialidade nutritiva apresentada pelos frutos, cuja principal finalidade é a nutrição animal (ARAÚJO et al., 2019), e no que se refere aos seus aspectos ecológicos, é uma espécie chave para compor programas de restauração florestal da região, por ser pioneira, fixadora de nitrogênio e que cumpre o papel de facilitadora para desenvolvimento de outras espécies (CABRAL, 2017; LORENZI, 2013). Apesar do seu potencial ainda não há informações sobre diversidade e estrutura genética de populações de *P. platycephala*, logo, verifica-se a necessidade de tais informações, pois estas são indispensáveis para o delineamento de estratégias visando tanto programas de conservação como de melhoramento genético. Além disso, as informações obtidas com o estudo fornecerão subsídio para a caracterização e identificação do centro de origem da espécie (VALIVOV, 1926).

*Parkia platycephala* apresenta a autoincompatibilidade como mecanismo favorável para a reprodução cruzada (COSTA et al., 2011), e por se tratar de um mecanismo fisiológico responsável por favorecer a alogamia e a diversidade genética, tem sido alvo de estudo para muitos pesquisadores como melhoristas e geneticistas de plantas (IWANO; TAKAYAMA, 2012). Quanto a sua biologia reprodutiva, além de alógama, a espécie é monoica, possuindo flores masculinas e hermafroditas na mesma inflorescência (COSTA et al., 2011), com síndromes de polinização e dispersão primária do tipo quiropterofilia e autocoria, respectivamente (PILON et al., 2015; COSTA et al., 2011).

A conservação e o processo evolutivo da *P. platycephala* em suas áreas de ocorrência natural podem estar comprometidos, tendo em vista os elevados índices de desmatamento registrados no país nos últimos anos. Os impactos causados aos ecossistemas, tais como a fragmentação, mudanças climáticas, redução no número de indivíduos e o isolamento espacial de populações (TLIMAN et al., 1994; NASCIMENTO; LAURANCE, 2006), interferem diretamente nos processos básicos e essenciais para a evolução das espécies (LOVELESS; HAMRICK, 1984; HOLSINGER; GOTTLIEB, 1991), como fluxo gênico, deriva genética, isolamento

reprodutivo, endogamia, mutação e seleção natural (VENCOVSKY et al., 2007; KAGEYAMA et al., 1998). Diante deste cenário, a implantação de testes de procedências e progênies para espécies florestais nativas é uma boa estratégia para garantir a permanência da variabilidade genética fora do ambiente natural da espécie, via conservação de germoplasma *ex situ*, o qual também poderá servir de população base para programas de melhoramento florestal (SHIMIZU et al., 1982; VENCOVSKY, 1987; KAGEYAMA et al., 2003; ROCHA et al., 2009; AGUIAR et al., 2020). Além disso, tais testes permitem analisar a variabilidade genética para caracteres adaptativos, como taxa de sobrevivência e frutificação, e de crescimento ao longo do tempo (FREITAS et al., 2008; ZARUMA et al., 2015), identificar a variabilidade causada por fatores genéticos e ambientais (KAGEYAMA; DIAS, 1982), além de viabilizar a estimativa de parâmetros genéticos (FALCONER, 1981; MENCK et al., 1986; SHIMIZU et al., 1982) e fornecer informações silviculturais da espécie (MASTELIN et al., 2010).

Outro ponto positivo desses testes é a possibilidade de conversão em um pomar de sementes (NAMKOONG, 1966; KAGEYAMA; VENCOVSKY, 1983; SEBBENN et al., 2009), fator importante ante o atual cenário de demanda por sementes de espécies nativas em virtude do desenvolvimento de políticas públicas ambientais como o Desafio de Bonn, Acordo de Paris (BRASIL, 2020a) e o Plano Nacional de Recuperação da Vegetação Nativa (Planaveg) (BRASIL, 2020b), voltadas para a recuperação e reflorestamentos dos milhões de hectares degradados.

Para a implantação dos testes, além do uso de diferentes genótipos, um fator indispensável é o conhecimento da diversidade genética da população originada, pois esta determinará a capacidade de adaptação da espécie as mudanças ambientais (RAJORA; MOSSELLER, 2001; FADY et al., 2016), e direcionar o manejo adequado para a conservação eficiente dos recursos genéticos (KAGEYAMA, 1987; RAMALHO et al., 2016). Para isto, o uso de técnicas de genética quantitativa, tais como estimativas de parâmetros genéticos (ex.: herdabilidades e coeficientes de variação genéticos e ambiental) e análise de dissimilaridade genética podem ser utilizadas (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ, 2005; CRUZ et al., 2012).

Baseado na premissa de que o fluxo gênico da espécie via pólen é longo (polinização quiropterófila) e via sementes é restrito (dispersão autocórica), espera-

se encontrar maiores níveis de divergência genética dentro das populações, e alta estruturação de famílias dentro das populações.

Partindo-se do princípio de que o conhecimento da variabilidade genética existente em teste de procedências e progênies é indispensável para o delineamento de programas de conservação e melhoramento genético (KAGEYAMA, 1987; RESENDE, 1991; ETTORI et al., 2006), objetivou-se com o trabalho: a) Estimar os componentes de variâncias e parâmetros genéticos a partir de caracteres de crescimento vegetativo; b) Verificar a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações de *P. platycephala*; c) Estimar correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres quantitativos avaliados; d) Estimar valores genéticos preditos (BLUP's) para os caracteres de crescimento vegetativo; e) Identificar as progênies superiores com base no BLUP; f) Estimar o tamanho efetivo populacional do teste de procedências e progênies de *P. platycephala*; g) Estimar ganhos genéticos em diferentes intensidades de seleção; h) Avaliar estratégias de seleção afim de subsidiar programas de conservação, melhoramento genético e formação do pomar de sementes por mudas (PSM) e i) Avaliar a distância genética entre as 45 progênies de *P. platycephala*.

O trabalho procura responder as seguintes questões: 1) existe variabilidade genética entre e dentro das populações/procedências e progênies para caracteres de crescimento (altura e diâmetro)?; 2) Há divergência genética entre as progênies estudadas?; 3) O teste de procedências e progênies de *P. platycephala* apresenta potencial para ser transformado em um pomar de sementes?; 4) A base genética existente é promissora para o desenvolvimento de programas de conservação e melhoramento genético da espécie?

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Histórico do teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.

O presente trabalho é uma continuação do projeto intitulado “Definição de zonas de coleta de sementes de *P. platycephala*, no sul do Piauí, com base em parâmetros genéticos de caracteres juvenis de progênies” contemplado com auxílio financeiro na Chamada universal- MCTI/CNPq Nº 14/2014 (processo n. 461950/2014-6).

O referido projeto possibilitou a seleção e coleta de sementes de 45 matrizes de *P. platycephala* (sendo 15 árvores em cada localidade) em áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do Estado do Piauí.

Em fevereiro de 2017, as mudas produzidas a partir das sementes coletadas das 45 matrizes selecionadas foram levadas a campo para instalação do teste de procedências e progênies. A área experimental, onde se encontra o teste, está localizada no município de Alvorada do Gurgueia-PI, na Fazenda Experimental da Universidade Federal do Piauí- *Campus* Professora Cinobelina Elvas.

Além do referido aporte financeiro supracitado, a implantação do teste foi contemplada com auxílio financeiro na modalidade Bolsa de Pós-Doutorado Júnior (PDJ Nº 406863/2017-2), cujo projeto intitula-se “Seleção genética a partir de teste de procedências/progênies para estabelecimento de pomar de sementes de *Parkia platycephala* Benth. no sul do Piauí”, concluído em outubro de 2018.

O grupo de pesquisa cadastrado no CNPq: “Tecnologia, Produção e Fisiologia de Sementes e Mudas de Espécies Florestais” da Universidade Federal do Piauí, já vem trabalhando e desenvolvendo trabalhos com a referida espécie há seis anos, relacionados a Ecofisiologia da germinação de sementes, tratamentos pré-germinativos, condições de armazenamento de sementes, qualidade fisiológica de sementes e mudas e trabalhos com foco em genética quantitativa (fases iniciais), destacando-se o estudo de variabilidade genética em procedências e progênies a partir dos caracteres quantitativos juvenis (fase de laboratório, viveiro e campo) (dados ainda não publicados), e para tanto, contando com parcerias e auxílio de profissionais qualificados das áreas de genética e melhoramento genético.

Como para as espécies do Bioma Cerrado e Caatinga, assim como para aquelas ocorrentes em áreas de transição cerrado/caatinga, as pesquisas dessa natureza ainda são incipientes, para muitas até mesmo inexistentes, é válido ressaltar que trabalhos dessa magnitude, além de fornecer informações importantes para a espécie, podem impulsionar outras frentes de pesquisas para outras espécies nativas com potencial ambiental e econômico (KAGEYAMA, 1997; SEBBENN; ETTORI, 2001; SEBBENN et al., 2001; SEBBENN et al., 2007; RESENDE et al., 2012). O avanço dos projetos demandaram uma necessidade por informações mais robustas, as quais tem como finalidade complementar resultados já observados em análises realizadas anteriormente nas fases de plântula (laboratório) e muda (viveiro), dentre estas, a realização de análises genéticas quantitativa das progênies em condições de campo, e moleculares dos materiais genéticos.

Portanto, neste contexto, se insere o presente trabalho, como uma forma de obter informações relevantes sobre a estrutura genética de populações de *P. platycephala*. É válido destacar que, para a espécie, este é um trabalho pioneiro, e que conhecimentos sobre a variabilidade genética existente das populações naturais ainda não existem.

## **2.2 Caracterização da espécie**

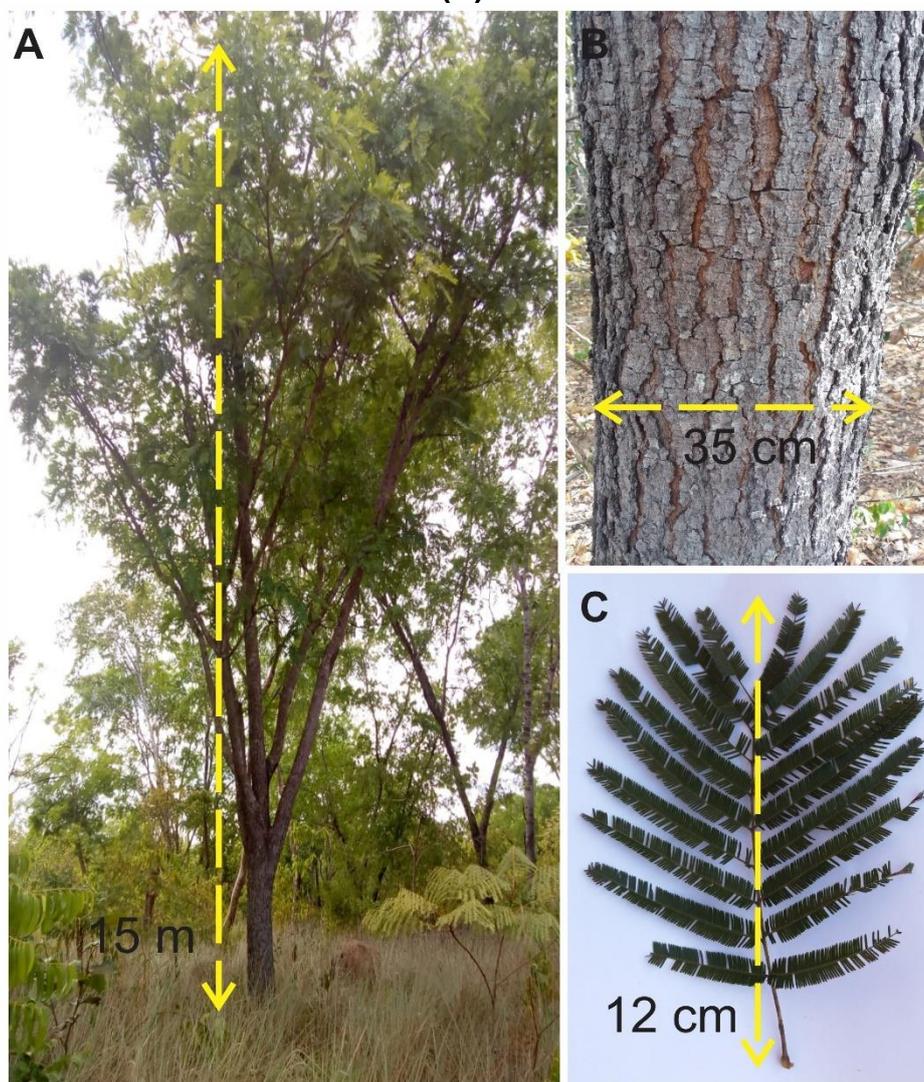
A *P. platycephala*, conhecida popularmente como faveira, visgueiro ou fava-de-bolota, é uma espécie de ampla distribuição nas regiões Nordeste e Norte do Brasil, com ocorrência no Cerrado e em áreas de transição Cerrado/Caatinga, Floresta Amazônica, Mata Atlântica, e regiões elevadas de até 900 m de altitude (COSTA et al., 2011; LORENZI, 2013; GOMES et al., 2019). É uma leguminosa arbórea de grande potencial ecológico, paisagístico, energético e nutricional. Quanto ao seu potencial ecológico podemos destacar a importância da mesma para os programas de restauração florestal, pois esta é caracterizada como uma espécie facilitadora (CABRAL, 2017), fixadora de nitrogênio (LORENZI, 2013) e geralmente utilizada na revegetação de áreas degradadas como adubação verde (BEZERRA et al., 2009).

O potencial nutritivo apresentado pela espécie é devido ao uso dos seus frutos na suplementação alimentar de ruminantes devido ao alto teor proteico dos

mesmos, prática comum no estado do Piauí na época da seca (ALVES et al., 2007; ARAÚJO et al., 2019). Além disso, a espécie também pode ser usada para fins paisagísticos e madeireiro, sendo sua madeira útil para caixotaria, tabuados para divisões internas em pequenas construções, forros, confecção de brinquedos, bem como para lenha e carvão (LORENZI, 2013).

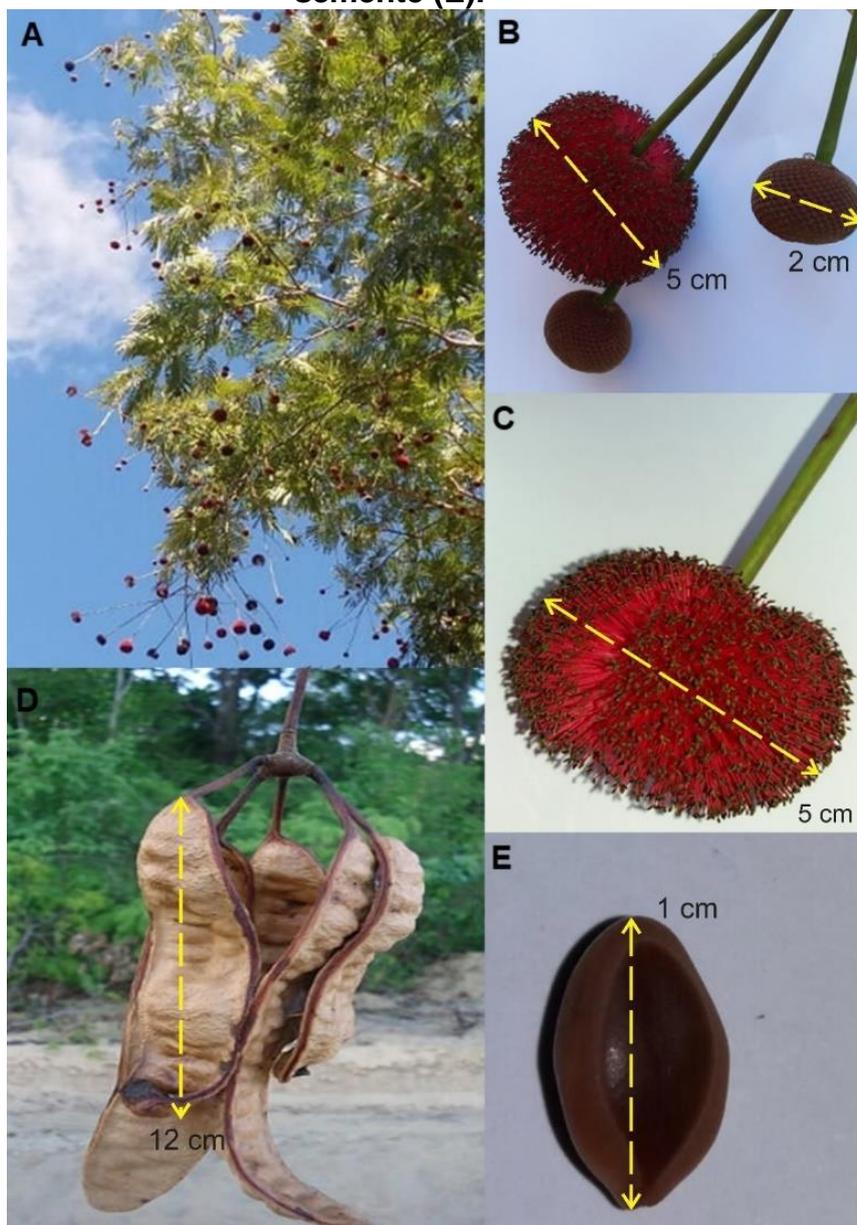
De porte arbóreo, pode atingir entre oito e 18 metros de altura, com tronco curto e cilíndrico, apresentando casca rugosa e descamante (Figura 1A e B) (LORENZI, 2013). As folhas são duplamente compostas bipinadas medindo de 10-12 cm de comprimento (Figura 1C). Seu tipo de inflorescência é em capítulos globosos sobre pedúnculo pendentes (Figura 2B) (LORENZI, 2013).

**Figura 1- Detalhes da árvore de *Parkia platycephala* Benth. (A), casca (B) e folha (C).**



A *P. platycephala* apresenta reprodução anual, com abscisão tardia das folhas na seca após a reprodução, cujos eventos reprodutivos, como o período de floração, frutificação e dispersão dos diásporos, também ocorrendo no período da seca (BULHÃO; FIGUEIREDO, 2002). Seus frutos são indeiscentes (Figura 2D) e geralmente são produzidos durante a estação seca, entre os meses de agosto a outubro, que também é o período de dispersão de seus diásporos (BULHÃO; FIGUEIREDO, 2002). É um fruto do tipo achatado, glabro, frequentemente enrolado (Figura 2D), de 10-22 cm de comprimento, podendo conter cerca de 28-38 sementes por fruto, estando estas organizadas no interior do fruto em duas fileiras (LORENZI, 2013). Sua dispersão primária é do tipo autocórica (PILON et al., 2015), sendo, as sementes disseminadas por animais domésticos (ruminantes) que consomem suas vargens (LORENZI, 2013).

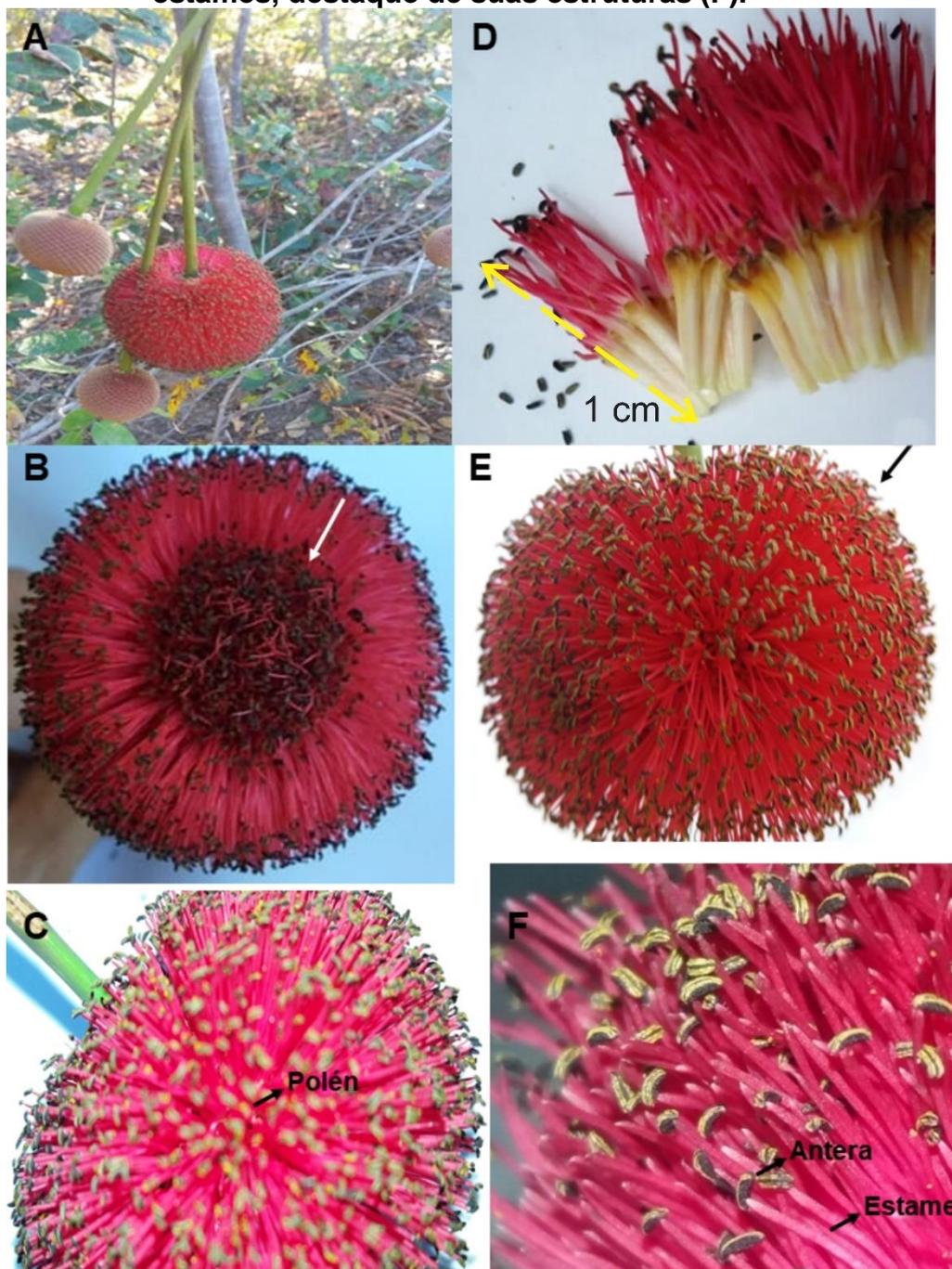
**Figura 2- Detalhes da floração da árvore de *Parkia platycephala* Benth. (A), inflorescência (B e C), frutos oriundos de uma mesma inflorescência (D) e semente (E).**



Suas flores são inseridas em capítulos globosos (Figura 2A), e dividem-se em dois tipos: as do ápice do capítulo são funcionalmente masculinas e produtoras de néctar (Figura 3C e 3E) e as da periferia são hermafroditas (Figura 3B), com os grãos de pólen agrupados em polínicas (Figura 3C) (COSTA et al., 2011; OLIVEIRA, 2015). Segundo Costa et al. (2011), uma característica de grande relevância apresentada pela espécie é o mecanismo de autoincompatibilidade, que favorece a reprodução cruzada. Sua antese é noturna, com início por volta das 17h00min, na qual as flores permaneceram receptivas por uma noite e ao amanhecer entram em

processo de pós-antese, sendo o recurso ofertado aos visitantes florais, o néctar produzido pelas flores centrais (COSTA et al., 2011).

**Figura 3- Morfologia da inflorescência da espécie *Parkia platycephala* Benth., capítulos globosos sobre pedúnculos pendentes (A), flores da periferia não produtoras de néctar (parte inferior do capítulo) (B), flores do ápice produtoras de néctar (C), flor do disco (D), flores masculinas do ápice (E) e estames, destaque de suas estruturas (F).**



De acordo com Alves et al. (2007), a produção de frutos da espécie é variável entre árvores e de ano para ano, com produção anual de 1208 kg ha<sup>-1</sup> no estado

do Piauí, principalmente concentrada de setembro a novembro, o que corresponde a uma produção média de 26 kg ano<sup>-1</sup> por planta. Suas sementes possuem formato elíptico, com coloração marrom e pleurograma bem visível (Figura 2E), com comprimento variando de 7,30 a 9,29 mm, de 4,20 a 5,60 mm para largura e de 2,70 a 3,63 para espessura (CARDOSO et al., 2017).

Os principais agentes polinizadores de *P. platycephala* são os morcegos e abelhas, sendo o primeiro identificado como o agente polinizador efetivo (COSTA et al., 2011). Além desses polinizadores, a unidade de polinização (o capítulo) também é visitada por pequenos insetos como vespas, moscas e mariposas, os quais atuam como pilhadores de néctar e grãos de pólen (COSTA et al., 2011) (Figura 4). As espécies de morcegos registradas em interação com a espécie em estudo foram *Phyllostomus haspatus*, *Carolia tersticillata* e *Glossephaga soricina* (COSTA et al., 2011). Albuquerque e Mendonça (1996) relataram casos de interação de *P. platycephala* com abelhas da família Anthophoridae dos gêneros *Centris* e *Xylocopa* e um exemplar de *Ptilotopus maranhensis* Ducke. Outros trabalhos confirmam tipos de polinização como quiropterofilia, melitofilia e entomofilia para *P. platycephala* (HOPKINS, 1984; SANTOS- FILHO et al., 2016).

**Figura 4- Abelha visitando as flores masculinas do ápice da inflorescência de *Parkia platycephala* Benth..**



### **2.3 Atual situação da degradação do Bioma Cerrado e áreas de transição Cerrado/Caatinga e suas implicações na conservação genética dos fragmentos florestais remanescentes**

As ações antrópicas nas áreas remanescentes de florestas naturais estão cada vez mais intensas, e isso é uma grande preocupação quando se trata da preservação da biodiversidade existente (SOUSA et al., 2015). No que se refere a flora, *starts* de alerta para algumas espécies já foram realizados em virtude de explorações irracionais, seja para o consumo com fins madeireiro e energético (lenha e carvão) ou mesmo pela remoção da vegetação nativa para ampliação de áreas de cultivo, pastagens e desenvolvimento urbano (SIQUEIRA et al., 1993;

SEBBENN et al., 1998; SEBBENN et al., 2007; ARAÚJO et al., 2014; SILVA et al., 2014; KUBOTA et al., 2015; ZARUMA et al., 2015; OTSUBO et al., 2015).

No ano de 2015, conforme o relatório apresentado pela Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO, 2015), o Brasil ganhou um destaque negativo por apresentar maior perda de áreas de floresta por ano, uma informação bem preocupante no que se refere à conservação da biodiversidade. O Brasil é um país detentor de uma diversidade biológica inigualável distribuída entre seus biomas, e dentre estes, o Cerrado merece grande destaque tanto por ser considerado um dos *hotspots* mundiais de biodiversidade, reconhecido pela savana mais rica do mundo, bem como pela sua elevada degradação e significativa perda de habitat nos últimos anos (BRASIL, 2020c).

O Cerrado é um bioma brasileiro com extensão territorial correspondente a 24% da área nacional, equivalendo a 2.036.448 km<sup>2</sup> (BARROSO et al., 2017). Conforme informações do Ministério do Meio Ambiente (BRASIL, 2020c) é o bioma brasileiro que mais sofreu alterações com a ocupação humana, as quais são resultantes principalmente da expansão agrícola e extrativismo irracional da madeira como fonte de energia. Atividades de desmatamento intensivo identificados nos últimos anos se tornaram o grande gargalo quando se visa a preservação e conservação da fauna e flora remanescente, o que torna-se ainda mais crítico quando se observa o desenvolvimento agrícola desenfreado que ocorre na região do MATOPIBA (Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) em áreas de Cerrado e de transição Cerrado-Caatinga (ecótonos) (BOLFE et al., 2016)

Por ser constituída mais recentemente como a “nova fronteira agrícola”, a rica flora dessa região é alvo de desmatamentos para implantação de novos cultivos agrícolas (ex. soja, e algodão) e desenvolvimento da pecuária (BOLSON, 2018). Estimativas demonstram que cerca de 50% do bioma Cerrado já foi convertido para outros usos nos últimos 50 anos (BUSTAMANTE, 2015). Diante de tal cenário, as espécies de plantas e animais que ocorrem nesse bioma podem entrar em extinção (BRASIL, 2020d). Fernandes e Pessôa (2011) relataram que se os níveis de desmatamento do referido bioma permanecessem no mesmo ritmo da época de seu estudo, a cada quatro décadas seria devastados 40 mil km<sup>2</sup> de vegetação.

O Cerrado piauiense, que abrange as áreas naturais de ocorrência de *P. platycephala*, objeto de estudo da presente pesquisa, está localizado na fronteira agrícola do MATOPIBA. Em estudo na mesorregião Sudoeste Piauiense, verificou-

se que o percentual existente de áreas de vegetação nativa foi reduzido para 45,56 % da área original, no ano de 2015 (SANTOS et al., 2017). Ante o atual cenário, o bioma Cerrado, assim como as áreas de transição entre estes, encontra-se cada vez mais vulneráveis às ações antrópicas, o que pode resultar em perdas drásticas de biodiversidade de flora nativa. Nesse contexto, ressalva-se a importância de se realizar pesquisas com as espécies nativas deste bioma, a partir das quais será possível definir estratégias de manejo e conservação genética das espécies visando a redução do impacto da antropização.

De acordo com Sebbenn (2006), a fragmentação florestal e corte seletivo de árvores (exploração ilegal) provocam alterações na demografia e sistema reprodutivo da espécie, uma vez que o seu tamanho populacional de reprodução é afetado. Além disso, a fragmentação também resulta em desconectividade, isolamento reprodutivo (FUCHS et al., 2003), redução de fluxo gênico, uma vez que a eficiência de agentes polinizadores e dispersores é reduzida (YOUNG et al., 1996), favorecimento de deriva genética e aumento de endogamia dentro de populações (KAGEYAMA et al., 1998), o que resulta no acréscimo de carga genética fixada (SOUZA, 2001), redução do *fitness* (FISHER et al., 2000) e aumento do risco de extinção para populações pequenas isoladas (NEWMAN; PILSON, 1997).

Logo, partindo-se do princípio de que a distribuição geográfica, sistema reprodutivo, fluxo gênico (HAMRICK, 1983) e todos os demais fatores anteriormente mencionados resultantes da fragmentação, afetam negativamente a estrutura genética populacional. Estudos genéticos com a flora dessas áreas de cerrado e transição (ecótonos) são fundamentais para a manutenção da diversidade genética, processo evolutivo e adaptativo dessas espécies, além de contribuírem com a definição de programas de conservação genética e melhoramento genético se houver interesse (RODRIGUES, 2015).

#### **2.4 Estimativa de parâmetros genéticos a partir da genética quantitativa**

Nas últimas décadas, o foco das pesquisas nacionais tem sido voltado para o estudo da diversidade genética em populações de plantas nativas para seu uso na recuperação florestal. Contudo, para espécies do Cerrado essas estimativas de

parâmetros genéticos e fenotípicos ainda são escassas na literatura (MARIANTE et al., 2008), a exemplo da *P. platycephala*.

Quando se visa a realização de medidas como conservação e recuperação de áreas degradadas, informações ecológicas e genéticas das espécies precisam ser levadas em consideração (KAGEYAMA et al., 2003; GOIS et al., 2018). De acordo com GERBER (2017), para o estabelecimento de bancos de germoplasma advindos de coleta de sementes de populações naturais é necessário previamente a determinação da natureza, magnitude e distribuição da variação genética entre e dentro dos fragmentos remanescentes, a fim de identificar a ocorrência ou não de parentesco entre indivíduos e similaridade genética entre populações.

A avaliação da variabilidade genética existente é indispensável por estar relacionada com a capacidade evolutiva e a adaptação das espécies às variações nas condições ambientais (RAJORA; MOSSELLER, 2001). A estrutura genética de uma população, ou seja, seu padrão de variação entre e dentro de populações, é resultante de fatores como mutação, fluxo gênico (pólen e semente), deriva genética, seleção natural (LOVELESS; HAMRICK, 1984; KAGEYAMA et al., 1998; SOUSA et al., 2015), distribuição geográfica, sistema de reprodução, grupo ecológico e tamanho populacional (HAMRICK, 1983).

Antes da década de 1960, estudos de diversidade genética eram quantificados exclusivamente por meio de caracteres quantitativos (HATTEMER, 1991; FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1996). Com o passar dos anos, técnicas moleculares também foram e estão sendo introduzidas e utilizadas como ferramentas adicionais (SOUSA et al., 2015), pois acessam informações a nível do genoma, o que proporciona maior robustez e assertividade as análises. A genética quantitativa está relacionada com os estudos dos caracteres quantitativos, enfatizando tanto a sua hereditariedade como a sua variação (FALCONER; MACKAY; 1996; VENCOVSKY et al., 2001; CRUZ, 2005). De acordo com Resende et al. (2000), o emprego de métodos que permitem predizer o valor genético de um indivíduo, por mediação de suas características fenotípicas é uma alternativa promissora para a determinação do efeito genético.

Além da predição, a aplicação desses métodos também possibilita a obtenção de informações relacionados a estrutura genética das populações, assim como suas variâncias genéticas inter e intrapopulacionais (DIAS; KAGEYAMA, 1991). A partir das quais, é possível realizar delineamento de estratégias de

amostragem da variabilidade genética e utilização dos modelos genéticos-estatísticos corretos para realização das estimativas de parâmetros genéticos (SOUZA et al., 2003).

Os parâmetros genéticos geralmente estimados em estudos genéticos são: coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ), coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) e ambiental ( $CV_e$ ), os quais tem como base as variâncias genotípicas, fenotípicas e ambientais ( $\sigma_g^2$ ,  $\sigma_f^2$  e  $\sigma_e^2$ , respectivamente) (NAMKOONG, 1979).

O coeficiente de herdabilidade é um parâmetro indispensável nas análises genéticas, pois sua principal função é predizer o quanto da variação fenotípica observada em determinado indivíduo é de origem genética, em outras palavras, esse parâmetro explica o grau de correspondência entre o valor genético e o fenotípico observado (WRIGHT, 1976; FALCONER, 1987; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). É uma estimativa altamente dependente de todos os componentes de variância, logo, qualquer alteração que ocorre em um desses componentes, o seu valor também será alterado (FALCONER, 1989).

Quanto mais próximo de um for o valor de herdabilidade, maior é o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o genético (FALCONER, 1987; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; PIRES et al., 2011). De acordo com a classificação de Resende (2002), valores baixos são aqueles menores do que 0,15, medianos valores entre 0,15 e 0,50 e altos aqueles maiores do que 0,50. A herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ) tem como finalidade informar o quanto da variância genética vai ser transmitida via propagação sexual ao descendente, portanto, útil para o melhoramento (VENCOVSKY, 1969). Segundo Zobel e Talbert (1984) e Resende (2002), esses valores podem variar de acordo com a população estudada, o tipo de caractere avaliado, método de estimação, diversidade da população, tamanho amostral, nível endogâmico, precisão na condução do experimento, coleta de dados, espécie, a idade de avaliação e condições do ambiente.

Outro parâmetro comumente utilizado, o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) indica a variabilidade genética de um dado caractere de interesse a nível individual e de progênie (RESENDE et al., 2000). Para este parâmetro, quanto maior for o valor adquirido, maior será a variabilidade genética dos indivíduos (FERREIRA et al., 2016), onde valores de  $CV_g$  acima de 7% são considerados altos (SEBBENN et al., 1998). Estimativas de parâmetros genéticos a partir de caracteres

quantitativos são bastante utilizados para quantificação de variabilidade genética em espécies florestais nativas e exóticas, a exemplos os trabalhos com *Dipteryx alata* Vog. (SIQUEIRA et al., 1993), *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão (SEBBENN et al. 1998), *Balfourodendron riedelianum* (Engler). (SEBBENN et al., 2007), *Hevea brasiliensis* (Willd ex Adr. de Juss.) Muell.-Arg. (COSTA et al., 2008), *Pinus caribaea* var. *caribaea* (SILVA et al., 2012), *Astronium graveolens* Jacq. (ARAÚJO et al., 2014), *Hymenaea courbaril* L. (SILVA et al., 2014), *Balfourodendron riedelianum* (Engler). (KUBOTA et al., 2015), *Dipteryx alata* Vogel. (ZARUMA et al., 2015), *Myracrodruon urundeuva* Fr. All., *Astronium fraxinifolium* Schott., *Terminalia argentea* Mart. (OTSUBO et al., 2015), *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. (BERTONHA et al., 2016) e *Euterpe oleracea* Mart. (YOKOMIZO et al., 2016).

Entretanto, até a presente data, não existem relatos na literatura de estudos sobre parâmetros genéticos, variabilidade e diversidade genética de *P. platycephala* em testes de procedências e progênies em condições de campo.

## 2.5 Métodos multivariados para a caracterização da divergência genética

Além de informações relacionadas à existência de variabilidade genética entre indivíduos, conhecer o grau de divergência genética entre eles é essencial, seja para manutenção quanto para o aumento da variabilidade genética detectada (SOUZA, 2001). De acordo com o autor, tais informações servem de base para o delineamento de estratégias reprodutivas, evitando assim o cruzamento entre indivíduos geneticamente similares. Informações de dissimilaridade genética proporciona a obtenção de indivíduos mais produtivos em virtude de cruzamentos controlados (RAO et al., 1981; HUMPHREYS, 1991; CRUZ et al., 1994; SOUZA, 2001).

Estudos de divergência genética para o melhoramento consiste na identificação de indivíduos geneticamente diferentes e nos seus cruzamentos, dado que estes proporcionam altos efeitos heteróticos e maior variabilidade genética nas gerações descendentes (RAO et al., 1981).

Métodos multivariados comumente utilizados na predição da divergência genética são os métodos de agrupamento UPGMA, Tocher e a análise de componentes principais (PCA) (CRUZ; REGAZZI, 1997). O princípio básico desse tipo de análise de agrupamento é reunir genótipos em grupos diferentes, de tal

modo que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (JOHNSON; WICHERN, 1992; CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ; CARNEIRO, 2004; MANFIO et al., 2012). A escolha de qual método utilizar para fazer o agrupamento, ou até mesmo o uso conjunto dos métodos, vai depender do pesquisador e do tipo de informação desejada (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Quanto aos métodos de agrupamento usados para tal finalidade, os mais comuns são os hierárquicos (UPGMA) e de otimização (Tocher) (RAO 1952; CRUZ; REGAZZI, 1997). *A priori*, para o processo de agrupamento de ambos os métodos, é necessário a estimação de uma medida de dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados, a qual no melhoramento florestal pode ser adquirida empregando-se as distâncias Euclidianas e a de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI, 1997). A distância de Mahalanobis é a medida de dissimilaridade mais usada no melhoramento, em comparação a Euclidiana, esta apresenta vantagem por levar em consideração informações das variâncias e covariâncias residuais, correlação existente entre os caracteres, além de possibilitar análises experimentais com repetições (CRUZ et al., 2004; CRUZ et al., 2011).

No método UPGMA os genótipos ou qualquer unidade amostral são agrupados em diversos níveis, de modo que o objetivo final é construir um dendrograma (JOHNSON; WICHERN, 1992; CRUZ; REGAZZI, 1997; VICINI; SOUZA, 2005), também conhecido popularmente por “árvore” devido as ramificações existentes. Segundo Bussab et al. (1990), o dendrograma nada mais é do que uma simplificação da matriz de dissimilaridade genética.

Para a elaboração do dendrograma, leva-se em consideração a ligação média não ponderada entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, 1997; RESENDE, 2007). Para proceder esse agrupamento, primeiramente identifica-se na matriz de dissimilaridade os indivíduos mais similares, os quais formam o grupo inicial (CRUZ; REGAZZI, 1997). E a partir deste, calcula-se as distâncias do grupo formado em relação aos outros indivíduos, e nos estágios mais avançados, a outros grupos já formados. Tal processo é realizado repetida vezes na nova matriz de dissimilaridade, a qual a cada etapa tem sua dimensão reduzida, finalizando-se apenas quando todos os indivíduos estão reunidos em um mesmo grupo (CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ et al., 2004).

De acordo com Cruz et al. (2012), o número de grupos formados pode ser realizado de forma subjetiva por meio de um exame visual, onde a discriminação de

grupos ocorre de acordo a percepção de mudanças abruptas nos níveis. Duas vantagens deste método é a possibilidade de visualizar as distâncias de dissimilaridade dos genótipos mais similares (BERTAN et al., 2006), e a tendência a gerar valores altos de coeficiente de correlação cofenética (CCC), o que resulta em dendrogramas com menores distorções da representação das medidas de similaridades genéticas entre indivíduos (SOKAL; ROHLF, 1962).

Assim como o agrupamento UPGMA, o de Tocher também tem como base a matriz de dissimilaridade obtida a partir da distância de Mahalanobis, sobre esta identifica-se o par de genótipos mais similar que irá compor o primeiro grupo, sendo a inclusão de novos genótipos baseada no critério de que a média das medidas de dissimilaridade intragrupo dever ser menor do que as distância médias intergrupos (CRUZ; REGAZZI, 1997). O método quando comparado ao UPGMA é de mais fácil interpretação, uma vez que este já define o número de grupos formados e os seus componentes, sendo, portanto, o mais indicado quando se trabalhar com grandes números de genótipos (ROCHA et al., 2007). Os métodos agrupamentos de UPGMA e de Tocher quando usados em conjunto se complementam e impedem inferências errôneas quanto a alocação dos genótipos dentro de um dado subgrupo (ARRIEL et al., 2006).

A análise de componentes principais (PCA), quando usada na área experimental, possui como finalidades a redução do banco de dados em função da eliminação de variáveis redundantes, dispersão gráfica e agrupamento de genótipos (RESENDE, 2015). A técnica consiste em converter um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão denominado componentes principais (RAO, 1952; HONGYU et al., 2016). Conforme o autor, o principal objetivo do emprego da técnica consiste em explicar a variância e covariância de um dado vetor, o qual foi composto de  $p$ -variáveis aleatórias por meio de componentes principais, e de acordo com estas variâncias realizar o agrupamento de indivíduos em função da variação de suas características.

Essa técnica consiste em apresentar a importância ou variância dos componentes principais em ordem decrescente de contribuição do primeiro para o último, onde os últimos componentes são aqueles responsáveis por proporcionar baixa influência na variância total, podendo até serem descartados da análise (CRUZ et al., 2004). A técnica PCA, além de proporcionar o estudo de divergência genética de um dado grupo de genótipos por meio do gráfico de dispersão, a técnica

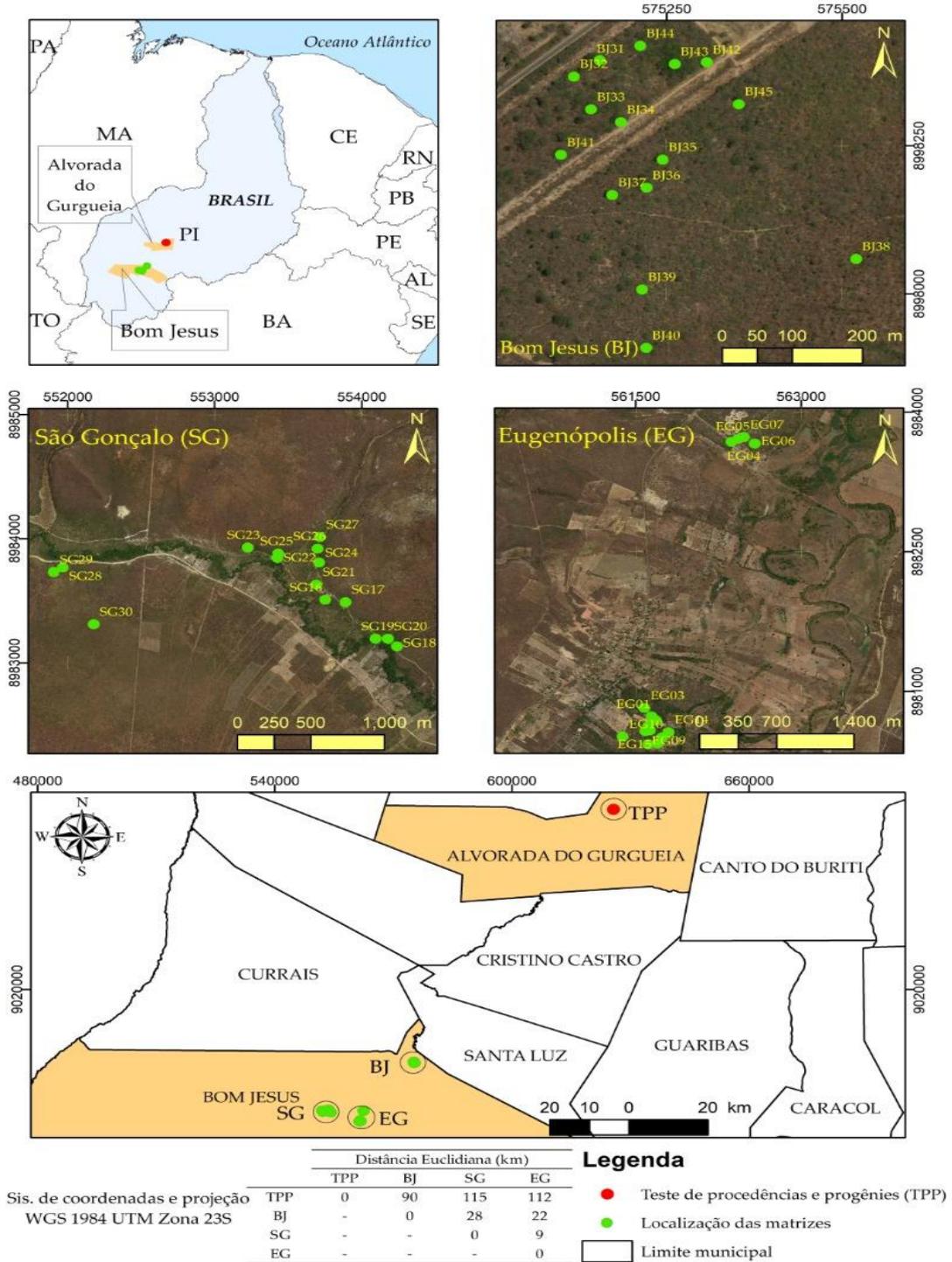
também permite verificar a porcentagem de contribuição relativa de cada caractere para a variabilidade genética dos genótipos avaliados (CRUZ; REGAZZI; 1997).

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Coleta de sementes, produção de mudas e descrição da área e delineamento experimental

A coleta das sementes de polinização aberta de *P. platycephala* utilizadas na produção das mudas foi realizada em três populações (Eugenópolis, São Gonçalo e Bom Jesus) localizadas em áreas de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do Estado do Piauí, e em 45 árvores matrizes (15 árvores matrizes/população). Foi considerada uma “boa matriz” apenas aqueles indivíduos que apresentaram comportamento dominante, caracteres fenotípicos superiores, ausência de patógenos, copa bem desenvolvida e boa produção de frutos. A distância mínima estabelecida entre as matrizes foi de 100 m, com produção de frutos em uma única safra. Todas as árvores matrizes utilizadas para a coleta de sementes foram identificadas e georreferenciadas (Figura 5).

**Figura 5- Localização das populações de *Parkia platycephala* utilizadas no teste de procedências e progênes instalados no mês de fevereiro de 2017, na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, Alvorada do Gurgueia, estado do Piauí, do teste de procedências e progênes, e distribuição espacial das 45 árvores matrizes amostradas nas áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do estado do Piauí.**

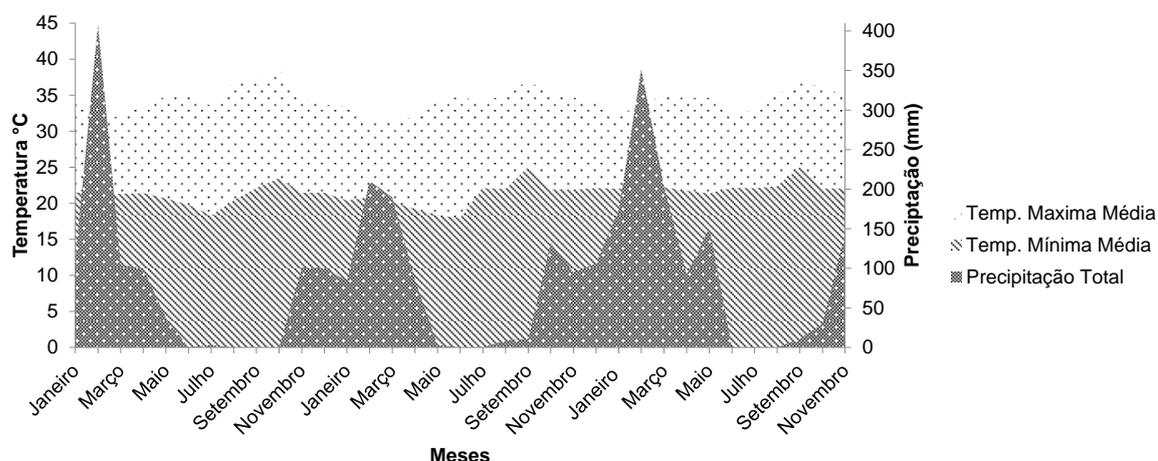


Após a seleção, identificação e georreferenciamento das árvores matrizes, foi realizada a coleta dos frutos por matriz. As sementes de *P. platycephala* foram coletadas no período de agosto a outubro do ano de 2015, em agosto foram coletados os frutos das matrizes localizadas em Eugenópolis, enquanto as de São Gonçalo e Bom Jesus só tiveram seus frutos coletados no início e no final do mês de outubro, respectivamente. Após a coleta, os frutos foram levados para o Laboratório de Ecofisiologia Florestal da Universidade Federal do Piauí, *Campus* Professora Cinobelina Elvas, onde foi realizado a limpeza, identificação dos frutos por árvore matriz, e armazenados sob condições adequadas até o período de produção das mudas. As mudas foram produzidas no Viveiro Florestal da mesma Universidade. O protocolo utilizado para produção das mudas foi elaborado com base em resultados de pesquisas em andamento, desenvolvidas por membros do referido laboratório (SANTOS NETO; DIAS, 2017). As mudas foram levadas a campo com seis meses de idade, cujos valores médios de altura e diâmetro do coleto foram de 28,5 cm e 6,43 mm, respectivamente.

O teste de procedências e progênes foi instalado em fevereiro de 2017, na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia (FEAG), pertencente à Universidade Federal do Piauí (UFPI), localizada no município de Alvorada do Gurgueia, região sudoeste do Estado do Piauí (8° 22' 23,34"S e 43° 51' 24,31"W). O clima da região onde o teste foi implantado é semi-árido quente, classificado como BSh pela classificação climática de Köppen-Geiger (KÖPPEN; GEIGER, 1928), com precipitação pluviométrica média entre 250 a 750 mm ano<sup>-1</sup>, distribuída entre os meses de novembro a abril e com temperaturas médias mínima de 27 °C e máxima de 36 °C (AGUIAR, 2004). A altitude é de 281 m, e o solo da área experimental foi classificado predominantemente como neossolo quartzarênico, com relevo plano.

Os dados climáticos apresentados na figura 6 correspondem as variações de chuva e temperaturas no período de janeiro de 2017 (ano de instalação do teste de procedência/progênie) a novembro de 2019 (data da avaliação utilizada para o estudo). Para a elaboração da figura 6, utilizou-se dados históricos disponíveis no Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa (BDMEP) do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET).

**Figura 6- Diagrama climático da região onde se encontra instalado o teste de procedência e progênies de *Parkia platycephala* Benth., Piauí, Brasil. Dados correspondente ao período de janeiro de 2017 a novembro de 2019. Fonte: (INMET, 2020) – Estações: 82975 e 82870 do Piauí – PI.**



Antes do plantio das mudas, foi realizado o preparo da área por meio de gradagem e controle de formigas cortadeiras (aplicação de isca formicida). As covas foram abertas obedecendo o espaçamento de plantio previamente definido (3 m x 3,5 m). O experimento foi disposto em delineamento de blocos casualizados, 13 repetições e uma planta por parcela, totalizando 585 plantas, com 45 progênies de *P. platycephala* oriundas de três procedências/populações (Tabela 1) (Figura 6).

**Tabela 1- Coordenadas geográficas e altitude média das três procedências de *Parkia platycephala* Benth., amostradas em áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga, região sudoeste do estado do Piauí, e utilizadas no teste de procedência e progênie instalado em Alvorada do Gurgueia, PI.**

Procedências	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude média (m)	Nº de árvores matrizes
Eugenópolis -PI	9°11'38"	44°25'49,2"	272	15 (EG1- EG15)
São Gonçalo- PI	9°11'32,4"	44°30'49,2"	297	15 (SG16- SG30)
Bom Jesus - PI	9° 41'00"	44°18'57,0"	262	15 (BJ31- BJ45)

### 3.2 Coleta de dados e caracteres avaliados

Para avaliar o crescimento e estabelecimento inicial das plantas em campo, foi realizado uma avaliação do experimento aos 34 meses. Nesta foram mensurados os caracteres silviculturais quantitativos como a altura (ALT, m), diâmetro ao nível do solo (DNS, mm) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB, mm). As mensurações foram realizadas com auxílio de uma trena graduada (ALT (m)) e um paquímetro digital (DNS e DAB (mm)), com precisão de duas casas decimais. Para avaliar a adaptação das plantas no local de implantação do teste, determinou-se também a taxa de sobrevivência.

### 3.3 Análises Estatísticas

#### 3.3.1 Modelos mistos ajustados e componentes de variâncias

Para análise dos caracteres, visando verificar a existência de variabilidade genética, estimou-se os componentes de variâncias e parâmetros genéticos utilizando o método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada). Para isto, em ambiente R (R CORE TEAM, 2018), ajustou-se dois modelos lineares mistos (Equações 1 e 2), usando o pacote estatístico *Sommer* (PAZARAN, 2016).

Para a utilização dos modelos lineares mistos ajustados, assumiu-se que as progênies avaliadas são progênies de polinização aberta e o grau de parentesco entre elas é de meios-irmãos. As análises foram realizadas adotando-se população como efeito aleatório, utilizando o modelo estatístico [1] (Equação 1), e como efeito fixo, com base no modelo estatístico [2] (Equação 2). Os dois modelos foram utilizados com os seguintes propósitos: o modelo [1], estimar a variância genética entre populações e, portanto, calcular o  $F_{ST}$  (diferenciação genética entre populações); enquanto o modelo [2] foi utilizado por permitir diferenciar estatisticamente as médias dos caracteres estudados entre populações e avaliar as variâncias genéticas dentro de cada população.

- Modelo 1

$$y = Xf + Za + Wb + Ts + e \quad (1),$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor fenotípico do caráter em análise,  $\mathbf{f}$  é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral),  $\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $\mathbf{b}$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios),  $\mathbf{s}$  é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios) e  $\mathbf{e}$  é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

-Modelo 2

$$y = Xf + Za + Wb + e \quad (2),$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor fenotípico do caráter,  $\mathbf{f}$  é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como fixos) somados à média geral,  $\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $\mathbf{b}$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios) e  $\mathbf{e}$  é o vetor de resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Vetores contendo os efeitos aleatórios do modelo 2 assumiram distribuição normal multivariada, centradas em zero com as seguintes estruturas de variância e covariância:  $Cov(a, a') = G_0 \otimes A$ ,  $e \sim DNI(0, I\sigma_e^2)$  e  $Cov(a, e') = 0$ , com DNI correspondente a distribuição normal independente. Sendo  $G_0$  uma matriz diagonal de ordem 3, com  $\sigma_{a1}^2$ ,  $\sigma_{a2}^2$  e  $\sigma_{a3}^2$  nas diagonais sendo as variâncias genéticas aditivas de cada uma das três populações, e covariâncias (valores fora da diagonal) iguais a zero;  $A$  é a matriz formada pelo denominador dos coeficientes aditivos de parentesco de ordem  $g \times g$ , sendo  $g$  o número total de indivíduos; e  $\otimes$  denota o produto de *Kronecker* entre matrizes.

A qualidade do ajuste dos modelos foi verificada usando o pacote *ImerTest* (KUZNETSOVA et al., 2017), pelo qual teve-se foi extraído e testado os efeitos aleatórios e fixos dos modelos, sendo suas respectivas significâncias verificadas pelo teste do Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) a 5% e 1% de probabilidade, utilizando o teste de razão de verossimilhança (LTR) (*Likelihood Test Ratio*). As funções utilizadas para testar os efeitos aleatórios e fixos dos modelos foram a “ranova” e “anova”, respectivamente.

Os componentes de variância dos modelos mistos ajustados foram obtidos usando o código “\$varcomp” do pacote *sommer*, sendo estes: variância genética

entre procedências ( $\sigma_{proc}^2$ ) (modelo 1), variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), variância entre blocos ( $\sigma_{bloc}^2$ ), variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ).

### 3.3.2 Estimativa de Parâmetros genéticos

Após obter as variâncias, estimou-se os coeficientes de herdabilidades e variação genética e ambiental. A herdabilidade individual no sentido restrito foi estimada de acordo com Lush (1936), e para obter os demais parâmetros utilizou-se as fórmulas propostas por Namkoong (1979). Para a estimativa de herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_r^2$ ) foi utilizada a equação (3), e a herdabilidade dentro de progênies ( $h_d^2$ ) a equação (4).

$$h_r^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2} \quad (3)$$

$$h_d^2 = \frac{0,75\sigma_a^2}{\sigma_e^2} \quad (4)$$

O desvio padrão da herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ) foi obtido usando a função “pin” do pacote *Sommer*.

Os coeficientes de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi(\%)}$ ), coeficientes de variação genotípica entre progênies ( $CV_{gp(\%)}$ ), e coeficiente de variação ambiental ( $CV_{e(\%)}$ ), foram estimados pelas equações (5), (6) e (7), respectivamente.

$$CV_{gi(\%)} = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{m} \cdot 100 \quad (5)$$

$$CV_{gp(\%)} = \frac{\sqrt{0,25 \sigma_a^2}}{m} \cdot 100 \quad (6)$$

$$CV_{e(\%)} = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{m} \cdot 100 \quad (7)$$

O coeficiente de variação relativo ( $\hat{b}$ ) foi estimado conforme a fórmula proposta por Vencovsky e BARRIGA (1992), como visto na equação (8).

$$\hat{b} = \frac{CV_{gp(\%)}}{CV_{e(\%)}} \quad (8)$$

Para estimar a acurácia da seleção das melhores de progênie ( $\hat{r}_{aa}$ ), utilizou-se a equação (9) (RESENDE, 2002).

$$\hat{r}_{aa} = \sqrt{h_m^2} \quad (9)$$

onde,  $h_m^2$  é a herdabilidade média de progênie, e foi estimada da seguinte forma:

$$h_m^2 = \frac{0,25\sigma_a^2}{0,25\sigma_a^2 + \sigma_e^2/nb},$$

onde  $b$  corresponde ao número de blocos e  $n$  ao número de indivíduos por parcela, .

As correlações genéticas ( $\hat{r}_g$ ) entre os caracteres avaliados foram estimadas a partir dos BLUP's de todos os indivíduos avaliados e as correlações fenotípicas ( $\hat{r}_f$ ) a partir dos dados fenotípicos. Assim como para as demais análises, as correlações também foram estimadas no programa R, utilizando o pacote *corrplot* (WEI; SIMKO, 2016), a partir da correlação de Pearson e a significância das correlações foram verificadas pelo teste  $t$ , usando a função "rcorr" do pacote *Hmisc* (FRANK; HARRELL JR, 2020).

Obteve-se os valores genéticos preditos (BLUP's) para caracteres altura, diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) usando a função "randef" do pacote estatístico *Sommer*.

A medida de diferenciação genética entre as populações ( $F_{ST}$ ) foi estimada conforme a fórmula proposta por Resende (2015), a usando equação (10), para a qual utilizou-se as variâncias entre e dentro de populações, sendo estas obtidas a partir do modelo misto ajustado [1] (equação 1).

$$F_{st} = \frac{\sigma_{pop}^2}{\sigma_{pop}^2 + 2\sigma_a^2} \quad (10)$$

onde,  $\sigma_{pop}^2$  corresponde a variância entre as populações estudadas e  $\sigma_a^2$ , a variância genética aditiva.

### 3.3.3 BLUP's, ganhos com a seleção e Tamanho efetivo populacional ( $N_e$ )

A seleção individual e das melhores famílias foram simuladas com base nos valores genéticos preditos (BLUP) estimados para os caracteres altura, diâmetro ao nível do solo e diâmetro abaixo da primeira bifurcação. Para obter os valores dos BLUP's foi utilizada a função "randef" do pacote *Sommer*. Após a obtenção dos valores de BLUP's, o *ranking* individual dos melhores indivíduos e famílias foi

realizado com o auxílio dos pacotes *plyr* (WICKHAM, 2011) e o *dplyr* (WICKHAM et al., 2019).

Para transformar um teste de procedências e progênies em um pomar de sementes, de acordo com Sebbenn et al. (2001), o manejo (desbaste) em baixas intensidades (proporção selecionada) asseguram um maior valor do tamanho efetivo da população do teste ( $N_e$ ). Sebbenn et al. (2007), também recomendam o desbaste em baixa intensidade, e segundo os autores, se realizada uma seleção dentro de procedências (populações) e progênies, a variabilidade genética existente no teste de procedências e progênies será retida, mantida e recombinada no período reprodutivo.

Tendo como base tais recomendações, e visando uma estratégia eficiente de seleção que atenda tanto os propósitos de um programa de conservação, como o de melhoramento genético para a espécie, foi simulado cenários com diferentes intensidades de seleção (proporção selecionada).

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), dentre os parâmetros genéticos utilizados, é um dos mais apropriado para se adotar como base na seleção artificial, pois altos valores de  $N_e$  asseguram a variabilidade genética existente (SEBBENN et al., 2001; AGUIAR et al., 2019). O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) do teste de procedências e progênies de *P. platycephala* foi estimado utilizando a fórmula proposta por Resende e Bertolucci (1995), pela equação (11).

$$N_e = \frac{(4N_f \bar{k}_f)}{\bar{k}_f + 3 + \left(\frac{\sigma_{k_f}^2}{\bar{k}_f}\right)} \quad (11)$$

onde,  $\bar{k}_f$  é o número médio de indivíduos selecionados por família;  $\sigma_{k_f}^2$  é a variância do número de indivíduos selecionados por família;  $N_f$  é o número de famílias selecionadas.

Como um dos objetivos é transformar o teste de procedências e progênies de *P. platycephala* em um pomar de sementes por mudas, visando tanto a conservação como o desenvolvimento de programas de melhoramento, adicionalmente, foi estimada a população mínima viável (PMV), ou seja, o número mínimo de indivíduos necessários para garantir a conservação genética a curto e longo prazo. De acordo com Nunney e Campbell (1993), para atender tais exigências, o tamanho efetivo populacional de referência ( $N_f$ ) necessário é de 150

e 1.500, respectivamente. A população mínima viável (PMV) foi estimada utilizando a equação 12, fórmula proposta por Nunney e Campbell (1993).

$$PMV = \frac{\hat{N}_{ef}}{\hat{N}_e/n} \quad (12)$$

onde,  $\hat{N}_{ef}$  corresponde ao tamanho efetivo populacional de referência (150 e 1.500),  $\hat{N}_e$  o tamanho efetivo populacional estimado e  $n$  o número de indivíduos da população.

Para a elaboração dos gráficos utilizou-se o pacote *ggplot2* (WICKHAM, 2016).

### 3.3.4 Dissimilaridade genética

Em ambiente R (R CORE TEAM, 2018), para avaliar a dissimilaridade genética entre as 45 progênies de *P. platycephala* foi utilizado o pacote estatístico *Vegan*, função "vegdist" (OKSANEN et al., 2018). As análises multivariadas foram realizadas a partir dos valores de BLUP's (RESENDE et al., 2014).

A medida de dissimilaridade utilizada foi a distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii'}^2$  e  $D^2$ ). Quando comparada a distância Euclidiana, o uso da distância de Mahalanobis tem uma vantagem, pois esta leva em consideração a correlação existente entre os caracteres avaliados sendo, portanto, obtida pela seguinte expressão (CRUZ; CARNEIRO, 2004):

$$D_{ii'}^2 = \delta_{ii'}' \Psi^{-1} \delta_{ii'} \quad (13)$$

em que,  $D_{ii'}^2$  é a distância generalizada de Mahalanobis entre os tratamentos  $i$  e  $i'$ ,  $\delta_{ii'}'$  é o vetor com dimensão de  $p$  variáveis, sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$  para os tratamentos  $i$  e  $i'$ ,  $Y_{ij}$  é a média do  $i$ -ésimo tratamento em relação a  $j$ -ésima variável,  $Y_{i'j}$  é a média do  $i'$ -ésimo tratamento em relação a  $j$ -ésima variável e  $\Psi^{-1}$  é a matriz inversa de variâncias e covariâncias residuais, cujos elementos da diagonal principal são os quadrados médios do resíduo (QMR) da análise de variância e os elementos fora dela são os produtos médios do resíduo (PMR) entre os pares de variáveis.

### 3.3.4.1 Método *Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA)

Após submeter os dados à análise multivariada, com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) foi realizado o agrupamento das progênies pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*). Esse método utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade dos genótipos, evitando assim caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados para a formação do dendrograma, o qual tem sua construção estabelecida pelos genótipos mais similares.

A distância entre um genótipo  $k$  e um grupo, formado pelos genótipos  $i$  e  $j$ , é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2} \quad (14)$$

em que,  $d_{(ij)k}$  é dada pela média do conjunto das distâncias dos pares de indivíduos ( $i$  e  $k$ ) e ( $j$  e  $k$ ).

A distância entre dois grupos formados pelos indivíduos ( $i$  e  $j$ ) e ( $k$  e  $l$ ), deu-se pela média do conjunto, onde os elementos são as distâncias obtidas entre os pares de genótipos ( $i$  e  $k$ ), ( $i$  e  $l$ ), ( $j$  e  $k$ ) e ( $j$  e  $l$ ):

$$d_{(ij)(kl)} = \text{média} \{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\} = \frac{d_{ik} + d_{il} + d_{jk} + d_{jl}}{4} \quad (15)$$

### 3.3.4.2 Método de Tocher

Após submeter os dados a análise multivariada, e com base na matriz de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) foi realizado o método de otimização de Tocher para o agrupamento das progênies (RAO, 1952).

O método, como apresentado acima, requer a obtenção da matriz de dissimilaridade. Sobre esta é identificado o par de indivíduos mais próximos. Estes formam o grupo inicial e, a partir de avaliações sucessivas, define-se a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o seguinte critério: a distância média dentro dos grupos deve ser menor que a distância média entre grupos (CRUZ et al., 2011).

Neste método, a inclusão de um indivíduo em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância intragrupo. A decisão de inclusão da progênie no grupo baseia-se na condição a seguir:

$$\frac{D_{(i,j)k}^2}{n} \leq \alpha, \text{ inclui-se a progênie no grupo;}$$

$$\frac{D_{(i,j)k}^2}{n} > \alpha, \text{ a progênie não é incluída no grupo.}$$

em que,  $D_{(i,j)k}^2 = D_{ik}^2 + D_{jk}^2$  é a distância do grupo (i, j) a progênie K; e n é o número de genótipos no grupo original (i, j) e  $\alpha$  o critério de agrupamento (é a maior dentre as menores distâncias envolvendo cada progênie).

Determinou-se os grupos por este método utilizando a função *tocher* do pacote estatístico *Biotools* (SILVA et al., 2017). Além disso, para validar os agrupamentos UPGMA e o de Tocher, e verificar se estes foram representativos, determinou-se o coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962).

### 3.3.4.3 Análise de Componentes Principais (PCA)

Além dos métodos de agrupamento UPGMA e Tocher, avaliou-se a divergência genética entre as progênies pela análise de dispersão dos escores. Os valores dos componentes principais e os autovalores foram obtidos usando os pacotes *FactoMineR* (LÊ et al., 2008) e *factorextra* (KASSAMBARA; MUNDT, 2020) funções “PCA” e “get\_eigenvalue” em ambiente R (R CORE TEAM, 2018). As contribuições percentuais de cada componente principal foram apresentadas nos eixos do gráfico de dispersão, onde o eixo horizontal corresponde ao componente principal 1 (CP1) e o eixo vertical ao componente principal (CP2).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Crescimento inicial e sobrevivência das progênies de *P. platycephala*

As progênies de *P. platycephala* apresentaram, aos 34 meses após o plantio, uma altura média de 3,11 m, variando de 3,01 a 3,20 m, sendo a maior altura apresentada pelas progênies da população de Bom Jesus (Tabela 2).

**Tabela 2- Características de desenvolvimento inicial, altura (m), diâmetro ao nível do solo (DNS (mm)), diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB(mm)) e sobrevivência de *Parkia platycephala* Benth., aos 34 meses em teste de procedência e progênies instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia (FEAG), Alvorada do Gurgueia, Piauí.**

Procedências	Altura (m)	DNS (mm)	DAB (mm)	Sobrevivência (%)
Eugenópolis	3,10	61,71	53,54	72,82
São Gonçalo	3,01	62,59	55,63	63,59
Bom Jesus	3,20	67,72	60,61	74,35
Média Geral	3,11	64,09	56,62	70,26

Para o diâmetro ao nível do solo (DNS) observa-se uma variação de 61,71 mm a 67,72 mm, com média geral de 64,09 mm. Ao observar os valores médios do diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) por procedência, observa-se estes variando de 53,54 mm a 60,61 mm, com média geral de 56,62 mm. Assim como para a altura, nota-se que a procedência de Bom Jesus apresentou as maiores médias para estes caracteres. O único trabalho encontrado para fins de comparação realizado com *P. platycephala*, cujo tamanho amostral foi 20 indivíduos, apresentou aos 4 anos de idade, valores inferiores de altura e diâmetro (2,0 m e 38,47 mm, respectivamente) aos observados para as progênies do teste de procedências e progênies (ALVES et al., 2016), de acordo com os autores, a taxa média de crescimento da espécie varia entre as épocas secas e chuvosas, sendo as maiores taxas de crescimento relativo caulinar verificadas no período chuvoso (média de 0,065 cm mês<sup>-1</sup>).

Podemos observar em campo, que na fase juvenil, a bifurcação é um caráter fenotípico bem comum apresentado pelas progênies do teste de procedências e progênies, contudo, somente após o acompanhamento do seu desenvolvimento em idades mais avançadas, será possível caracterizar a bifurcação como uma característica particular da espécie, ou se esta é devido a perda de dominância apical em função do ataque de formiga cortadeira ou outros insetos (não

identificados, apenas registros fotográficos) já verificados em interação com a espécie em campo, pois na fase de muda tal característica não foi identificada.

A taxa de sobrevivência das progênies no teste foi diferente entre as procedências/populações, na qual, as progênies da procedência Bom Jesus, além de apresentarem melhores crescimento em altura, DNS e DAB, também apresentaram maior taxa de sobrevivência (74,35%) (Tabela 2). Taxa de sobrevivência similar (80%) foi encontrado para a espécie em áreas de cerrado do estado de Tocantins por Alves et al. (2016), a taxa de mortalidade obtida pode estar relacionada com o estresse ambiental sofrido ainda no período de aclimação das mudas em campo nos primeiros meses após o plantio, como a escassez de chuvas e elevadas temperaturas (Figura 6).

De acordo com Corrêa e Cardoso (1998), a taxa de sobrevivência apresentada pela espécie é considerada média (61 a 80%). Trabalhando com 106 espécies florestais nativas de ocorrência em áreas de cerrado, Pilon e Durigan (2013) também obtiveram uma taxa de sobrevivência média de 70%. Fatores como a adaptabilidade ao ambiente, competitividade entre espécies e o desenvolvimento do sistema radicular no momento do plantio também podem ter contribuído para o aumento da taxa de mortalidade das progênies (CANUTO et al., 2015).

Outro fator que não pode ser descartado, uma vez que as populações estão localizadas em áreas antropizadas ou que em algum momento sofreram interferência antrópica, é o nível endogâmico das populações de origem do material genético, pois espécies florestais endogâmicas possuem maior dificuldade de se adaptar a condições ambientais extremas, o que resulta em baixo desempenho e mortalidade antes da fase estacionária de desenvolvimento (SOUZA, 2001).

A similaridade edafoclimática entre a população de origem do material genético (Bom Jesus) e o local onde foi implantado o teste de procedências e progênies, pode ter resultado em melhor adaptação das progênies ao ambiente. Ao comparar as distâncias médias entre as três populações onde as sementes foram coletadas e o local onde encontra-se o teste de procedência e progênie, a menor distância apresentada é entre a população de Bom Jesus e o teste (90 km) (Figura 5).

Materiais genéticos diferentes tendem a responder de forma diferente às condições ambientais nas quais são expostos (CRUZ et al., 2004), logo, o mais adaptado será aquele cujo local de origem são de regiões que apresentam

condições ambientais similares ao local onde o plantio será conduzido (MENEGATTI et al., 2016). Dado que, para a espécie em estudo ainda há escassez de estudos sobre seu crescimento e desenvolvimento, os resultados obtidos vêm contribuir também com esses estudos silviculturais, assim como trazer informações relevantes e essenciais que futuramente pode fundamentar informações sobre longevidade e taxa de crescimento da espécie de *P. platycephala*.

#### 4.2 Análise de Deviance, correlações e estimativa de parâmetros genéticos

Pela análise de Deviance observou-se efeito significativo de procedências para os caracteres diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) ( $p < 0,05$  e  $p \leq 0,01$ , respectivamente) e de bloco para os caracteres altura e DNS ( $p \leq 0,01$ ) nos dois modelos ajustados (Tabela 3).

**Tabela 3- Análise de Deviance, significância dos efeitos aleatórios e fixos dos modelos mistos ajustados, a partir dos caracteres altura (ALT), diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB), em teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth. aos 34 meses, em Alvorada do Gurguéia, Piauí., pelo teste da razão de verossimilhança (LTR) pela aproximação Qui-quadrado ( $\chi^2$ ).**

Pop como efeito aleatório	LRT ( $\chi^2$ )		
	ALT	DNS	DAB
Populações	1,55 <sup>ns</sup>	6,41*	7,87**
Progênies	0,25 <sup>ns</sup>	0,43 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>
Bloco	35,75***	17,08***	1,58 <sup>ns</sup>
Pop como efeito fixo			
Populações	2,96 <sup>ns</sup>	7,14**	7,11**
Progênies	0,24 <sup>ns</sup>	0,42 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>
Bloco	35,83***	17,10***	1,58 <sup>ns</sup>

Pop- Populações; Qui-quadrado tabelado-:3,84, 6,63 e 10,83 para os níveis de significância de 5%, 1% e 0,1%, respectivamente; códigos de significância: \*\*\*  $p < 0,001$ , \*\*  $p < 0,01$ , \*  $p < 0,05$ , "ns" não significativo.

As diferenças significativas observadas entre as médias fenotípicas das populações e blocos indicam existência de variabilidade genética entre e dentro de populações para os caracteres DNS e DAB, conseqüentemente, obtenção de ganhos ao selecionar progênies superiores, e adequação do delineamento experimental utilizado. Para a altura, não foi observado diferenças significativas pelo

teste de verossimilhança (LRT), logo, as três populações possuem médias fenotípicas similares entre si para este caráter.

Efeitos de progênies e populações não observados agora para o caractere altura podem ser verificados posteriormente, quando o teste for reavaliado em estágios mais avançados de desenvolvimento, quando os caracteres de crescimento (ALT, DNS e DAB), e outros (incluindo produtividade, teor de proteína do fruto e volume de madeira) tendem a minimizar o efeito ambiental e maximizar seu valor genético. Estudos contínuos realizados em *Balfourodendron riedelianum* Engl. (SEBBENN et al., 2007; KUBOTA et al., 2015; AGUIAR et al., 2019) demonstram que isso pode ocorrer, deste modo, ressalta-se a importância da realização de análises consecutivas em testes de procedência e progênie até a planta completar seu desenvolvimento. De acordo com Ettori et al. (2006), até que uma planta atinja o desenvolvimento completo no campo, a influência ambiental nas características de crescimento pode variar amplamente. Da mesma forma, Resende (2015) relata que os valores fenotípicos para plantas perenes são o resultado de condições ambientais variáveis e instabilidades ao longo do ciclo de vida.

Com base nos valores obtidos para  $F_{ST}$  ( $\leq 0,13$ ), a diferenciação genética entre as três populações estudadas varia de baixa (ALT,  $F_{ST}= 0,05$ ) a moderada (DNS e DAB,  $F_{ST}= 0,13$  e  $0,11$ , respectivamente) (Tabela 2).

**Tabela 4- Parâmetros genéticos e correlações genéticas (diagonal superior) e fenotípicas (diagonal inferior) dos caracteres avaliados em teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth, instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, em Alvorada do Gurgueia, Piauí.**

Populações assumida como efeito aleatório	ALT (cm)			DNS (mm)			DAB (mm)		
$\sigma_{proc}^2$	59,70			9,46			11,45		
$\sigma_a^2$	620,01			32,10			47,63		
$\sigma_{bloc}^2$	551,82			15,53			4,87		
$\sigma_e^2$	3040,29			154,55			221,04		
$\sigma_f^2$	4271,82			211,64			284,99		
$h_r^2$	0,14 ± 0,021			0,15 ± 0,021			0,17 ± 0,021		
$h_d^2$	0,15			0,16			0,16		
$CV_{gi\%}$	8,01			8,84			12,18		
$CV_{gp\%}$	4,00			4,42			6,09		
$CV_{e\%}$	17,75			19,40			26,25		
$\hat{b}$	0,22			0,23			0,23		
$\hat{r}_{aa}$	0,63			0,63			0,64		
$F_{st}$	0,05			0,13			0,11		
Média Geral	3,11			64,09			56,65		
Populações assumida como efeito fixo	POP1	POP2	POP3	POP1	POP2	POP3	POP1	POP2	POP3
$\sigma_a^2$	578,44	1244,99	28,13	0,002	69,42	74,67	5,26	92,75	84,35
$\sigma_{bloc}^2$		503,32			17,19			5,50	
$\sigma_e^2$		3075,03			142,81			211,69	
$\sigma_f^2$	4156,79	4823,34	3606,48	160,00	229,42	234,67	222,46	309,95	301,54
$h_r^2$	0,14± 0,099	0,26± 0,082	0,01± 0,121	0,00001± 0,133	0,30 ± 0,079	0,32± 0,074	0,02± 0,138	0,30± 0,084	0,28 ± 0,085
$h_d^2$	0,14	0,30	0,01	0,00001	0,36	0,39	0,02	0,33	0,30
$CV_{gi\%}$	7,74	11,36	1,71	0,07	13,00	13,48	4,05	17,00	16,21
$CV_{gp\%}$	3,87	5,68	0,85	0,03	6,50	6,74	2,02	8,50	8,10
$CV_{e\%}$	17,89	18,41	17,36	19,36	19,09	17,65	27,17	26,15	24,00
$\hat{b}$	0,22	0,32	0,01	0,02	0,35	0,36	0,08	0,33	0,31
$\hat{r}_{aa}$	0,61	0,75	0,17	0,01	0,78	0,79	0,27	0,77	0,75
Média	3, 10	3,01	3,19	61,71	62,59	67,72	53,54	55,63	60,61
Correlações									
Caracteres	ALT			DNS			DAB		
ALT	-			0,66**			0,49**		
DNS	0,64**			-			0,80**		
DAB	0,48**			0,78**			-		

ALT [altura total da planta (m)]; DNS [diâmetro ao nível do solo (mm)]; DAB [diâmetro abaixo da primeira bifurcação (mm)].  $\sigma_{proc}^2$  (variância entre procedências);  $\sigma_a^2$  (variância aditiva);  $\sigma_e^2$  (variância residual);  $\sigma_f^2$  (variância fenotípica);  $h_r^2$  (herdabilidade individual no sentido restrito);  $h_d^2$  (herdabilidade dentro de progênies);  $CV_{gi\%}$  (coeficiente de variação genética aditiva individual);  $CV_{gp\%}$  (Coeficiente de variação genotípica entre

progênies);  $CV_{e\%}$  (coeficiente de variação ambiental);  $r_{aa}$  (acurácia seletiva);  $\hat{b}$  (Coeficiente de variação relativo) e  $Q_{ST}$  (diferenciação genética quantitativa entre procedências).

Os valores de  $F_{ST}$  variam de 0 (ausência de diferença genética entre as populações) a 1 (ocorrência de fixação de alelos em diferentes populações) (GOIS et al., 2018). De acordo com Wright (1976), valores da estatística  $F_{ST}$  entre 0 e 0,05 implicam em pouca diferenciação genética entre populações, de 0,05 a 0,15 moderada, 0,15 a 0,25 alta e valores superiores a 0,25, em uma elevada diferenciação genética (Tabela 4).

Baixos níveis de diferenciação genética entre as populações já era esperado, tendo em vista que o fluxo gênico via pólen da espécie (longo), o que confirma a hipótese do trabalho. Espécies que apresentam fluxo gênico via pólen longo, e via sementes restrito, como a *P. platycephala* (autocórica), níveis moderados de diferenciação genética entre as populações e maior grau de parentesco dentro da população são resultados esperados (SEBBENN et al., 2011), logo, pelas estimativas de  $F_{ST}$  a hipótese levantada no trabalho é reconfirmada.

Fatores como distância geográfica, sistema reprodutivo, agentes polinizadores e mecanismos de dispersão das sementes podem explicar e ter contribuído para a baixa e moderada variabilidade genética observada entre as populações (HAMRICK, 1983). No caso da *P. platycephala*, sua polinização do tipo quiropterofilia (COSTA et al., 2011), pode ter favorecido o fluxo gênico entre as três populações, uma vez que o morcego, seu principal agente polinizador, é de voo longo, e pode alcançar raios de voos de até 18 km (GRIBEL et al., 1999), e ao observar as distâncias geográficas entre as populações (Figura 5), a maior distância é de 28 km (Bom Jesus e São Gonçalo). Contudo, é válido ressaltar que se trata apenas de inferências, que para sua confirmação é necessário realizar estudos mais avançados utilizando marcadores moleculares, por exemplo.

De acordo com Hamrick e Loveless (1989), esse comportamento é comum em populações de espécies arbóreas tropicais, onde o maior nível de variabilidade genética é detectado dentro e não entre as populações. Segundo os autores, os principais responsáveis pela semelhança genética observada entre as populações são os agentes polinizadores e dispersores das espécies, que preferencialmente são animais, e muitos deles são capazes de percorrer longas distâncias, e conseqüentemente favorecem o fluxo gênico entre as populações.

O sistema reprodutivo da espécie também foi um fator determinante na diferenciação genética entre populações, de acordo com Costa et al. (2011), *P. platycephala* é uma espécie alógama, e para favorecimento da reprodução cruzada ela ainda apresenta mecanismos de autoincompatibilidade. Conforme Kanowski e Boshier (1997), em espécies alógamas tende-se a apresentar esse comportamento, de altos níveis de diversidade genética dentro e relativamente baixos níveis de divergências entre populações.

A porcentagem de variação encontrada entre as populações de *P. platycephala* (5, 11 e 13%), estão de acordo com as porcentagens observadas para espécies alógamas. Conforme Hamrick e Godt (1989) espécies preferencialmente de reprodução cruzada apresentam uma variação genética entre populações de 10 a 20%. Tais resultados podem ser resultantes também de uma redução da heterozigiosidade devido à deriva genética que pode estar ocorrendo nessas populações em função da fragmentação.

Os componentes de variâncias obtidos, assim como os parâmetros genéticos estimados a partir dos dois modelos mistos ajustados indicam que há variabilidade genética entre e dentro de populações (Tabela 4). Nesta tabela, ao observar os resultados das variâncias genéticas aditivas ( $\sigma_a^2$ ) entre populações (Modelo 1) e para cada população (Modelo 2), verifica-se que há populações em que a variância aditiva ( $\sigma_a^2$ ) foi praticamente zerada, como a população de Eugénópolis (POP 1) para o caractere DNS ( $\sigma_a^2 = 2,0 \cdot 10^{-3}$ ). As populações que apresentaram baixas variâncias genéticas aditivas ( $\sigma_a^2$ ) (Tabela 4, modelo 2), foram responsáveis pela redução do valor médio da variância genética aditiva total ( $\sigma_a^2$ ) entre populações (Tabela 4, modelo 1). Para essas populações, os valores nulos de  $\sigma_a^2$  implicam em estimativas genéticas de baixa magnitude, e do ponto de vista do melhoramento florestal e conservação genética, altos valores de  $\sigma_a^2$  são fundamentais, pois correspondem à proporção herdável da variação genética pela próxima geração (FALCONER, 1989).

Para fins de melhoramento genético, uma boa estratégia de seleção é aquela que se baseia em indivíduos de fontes de melhor desempenho e com maior variabilidade genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) (CORNACINI et al., 2017), pois os ganhos genéticos são diretamente correlacionados com esta variabilidade ( $\sigma_a^2$ ) (RESENDE, 2015). Porém, como o teste analisado no presente estudo foi implementado visando

a conservação genética e programas futuros de melhoramento genético para a espécie, manter indivíduos com desempenho superior das três procedências pode evitar a redução da variabilidade genética do teste de procedência e progênie, como proposto por Cornacini et al.(2017) ao trabalhar com procedências e progênie de *Astronium fraxinifolium* Schott.

A precisão nas estimativas dos parâmetros genéticos e adequação do delineamento experimental utilizado são assegurados pelos baixos valores dos os coeficientes de variação ambiental ( $CV_{e(\%)}$ ) (PAGLIARINI et al., 2016) (Tabela 4). Para Pimentel-Gomes e Garcia (2002) valores de coeficientes de variação ambiental ( $CV_{e(\%)}$ ) entre 10 e 20% são baixos para experimento onde há competitividade entre plantas. Pela classificação de Mora e Arriagada (2016), os coeficientes obtidos vão de moderado (diâmetro ao nível do solo) a alto (altura e diâmetro abaixo da primeira bifurcação)

A taxa de mortalidade das plantas (29,74%) (Tabela 2) pode ter contribuído para o aumento dos valores de  $CV_{e(\%)}$ . Fatores como a escassez e irregularidade das chuvas no primeiro ano de plantio (Figura 6), ataques de ponteiros das plantas por insetos e formigas cortadeiras, mesmo com o monitoramento e controle na fase inicial, também foram identificados, e como consequência tem-se a perda de crescimento apical e favorecimento de ramificações laterais (bifurcações), influenciando diretamente nos valores absolutos dos caracteres de altura, DNS e DAB, e suas respectivas estimativas de parâmetros genéticos.

O coeficiente de herdabilidade expressa o quanto da proporção da variação fenotípica encontrada é de origem genética, quanto mais próximo de um for esse valor, maior é o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o genético (WRIGHT, 1976; FALCONER, 1987; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; PIRES et al., 2011). As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito e herdabilidade dentro de progênie ( $h_r^2$  e  $h_d^2$ , respectivamente) variaram de 0,14 a 0,17, quando analisou-se de forma conjunta as três populações, e de 0,00 a 0,39 quando estimada separadamente cada população (Tabela 4).

Melhores estimativas de herdabilidade foram obtidas quando as populações foram avaliadas separadamente, cujos maiores valores de herdabilidades ( $h_r^2$  e  $h_d^2$ ) foram obtidos para o caractere diâmetro ao nível do solo (DNS) (0,32 e 0,39, respectivamente) ao avaliar as progênie da população de Bom Jesus (POP 3),

como visto, maiores valores de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) resultaram em maiores estimativas de herdabilidade (Tabela 4). Os valores de herdabilidade observados variaram de baixos ( $h^2 < 0,15$ ) a medianos ( $0,15 < h^2 < 0,50$ ) (RESENDE, 2002).

Pelos valores de herdabilidades ( $h^2 \leq 0,4$ ), pode-se dizer que os caracteres avaliados não apresentam alto controle genético (PIRES et al., 2011), no entanto, tais resultados já são esperados para caracteres desta natureza, uma vez que são do tipo poligênicos, ou seja, controlado por vários genes, portanto, sofrem alta influência do ambiente (FALCONER; MACKAY, 1996). As herdabilidades obtidas são coerentes com herdabilidades observadas para outras espécies florestais nativas, Canuto et al. (2015) ao avaliarem progênies de *Dipteryx alata* Vog., aos 21 meses obtiveram valores de herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ) igual a 0,20. De acordo com Resende (2002), para caracteres quantitativos, valores baixos de herdabilidades são bem comuns.

Estimativas  $h_r^2$  e  $h_a^2$  similares entre si, são frequentes para espécies florestais (SEBBENN; ETTORI, 2001). Os valores de herdabilidade podem variar de acordo com a população estudada, o caractere avaliado, método de estimação, diversidade da população, tamanho amostral, nível endogâmico, precisão na condução do experimento, coleta de dados, espécie, a idade de avaliação e condições do ambiente (ZOBEL; TALBERT, 1984; RESENDE, 2002).

Os valores dos coeficientes de variação genético individual ( $CV_{gi(\%)}$ ) e de progênies ( $CV_{gp(\%)}$ ) variaram de 0,07 a 17% e 0,03 a 8,50 %, respectivamente (Tabela 4), sendo os maiores valores observados para o DAB ( $CV_{gi(\%)}=17\%$  e  $CV_{gp(\%)}= 8,50\%$ ). Valores acima de 7% são considerados altos (SEBBENN et al., 1998), e quanto maior for esse valor, maior é a variabilidade genética entre as progênies avaliadas (FERREIRA et al., 2016). Logo, os resultados observados indicam o potencial do teste de procedências e progênies para formação de um pomar de sementes futuramente em virtude da variabilidade genética presente.

A baixa predominância do valor genético sobre os caracteres avaliados ainda é verificada no teste de procedências e progênies, pelos valores do coeficiente  $\hat{b}$  (menores que 0,36). Valores de  $\hat{b}$  abaixo de 1, indicam que a seleção artificial das progênies nesta idade pode não ser favorável (VENCOSKY; BARRIGA, 1992;

YOKOMIZO; FARIAS NETO, 2003), dado que a influência ambiental ainda é bem perceptível na variação observada entre as progênes.

De acordo com Etori et al. (2006), até uma planta atingir desenvolvimento completo em campo pode ocorrer influência ambiental na manifestação dos caracteres de crescimento. Como não há estudos sobre o crescimento da espécie da *P. platycephala*, a espécie pode ainda não ter alcançado a sua fase estacionária de desenvolvimento, logo as estimativas de parâmetros genéticos do teste se procedências e progênes ainda podem apresentar variações em seus valores.

Apesar de tratar-se de um teste juvenil (34 meses), a eficácia da seleção fenotípica das melhores progênes de *P. platycephala* e o ganho genético a ser obtido a partir da seleção, para os caracteres avaliados, são assegurados pelos bons valores de acurácia ( $\hat{r}_{gg}=0,63$  e  $0,64$ ) (RESENDE, 2002) (Tabela 4). Quanto maior for o valor da acurácia observado, maior será o ganho genético esperado com a seleção (RESENDE et al., 1995).

Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres avaliados são essenciais na definição do caractere a ser utilizado para seleção, uma vez que, a seleção de um dado caractere para a condução de um programa de melhoramento implicará em ganhos indiretos do caractere a ele correlacionado (SANT'ANA et al., 2013). As correlações genéticas (diagonal superior) e fenotípicas (diagonal inferior) foram positivas e significativas a 1% de probabilidade pelo teste *t* para todos os caracteres, com maiores valores observados para as correlações genéticas (Tabela 4). Conforme a classificação de Calvo (2004), estas variaram de moderadas (0,40 a 0,69) a forte (0,70 a 0,89). A moderada e forte correlação genética positiva observada para os caracteres quantitativos avaliados, possivelmente, pode ser devido às causas de pleiotropia entre os genes responsáveis por esses caracteres (FALCONER, 1981, RESENDE, 2015).

Visando um futuro programa de melhoramento genético para *P. platycephala*, e levando em consideração o uso múltiplo da espécie, para a obtenção de ganhos em volume, uma boa estratégia de seleção seria com base no diâmetro ao nível do solo (DNS), tendo em vista que este caractere apresentou bons valores de herdabilidades, coeficientes de variação genética, acurácia e correlações genéticas e fenotípicas com a altura. As altas correlações fenotípicas e genotípicas observadas entre os caracteres diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) (0,80 e 0,78, respectivamente) podem ser

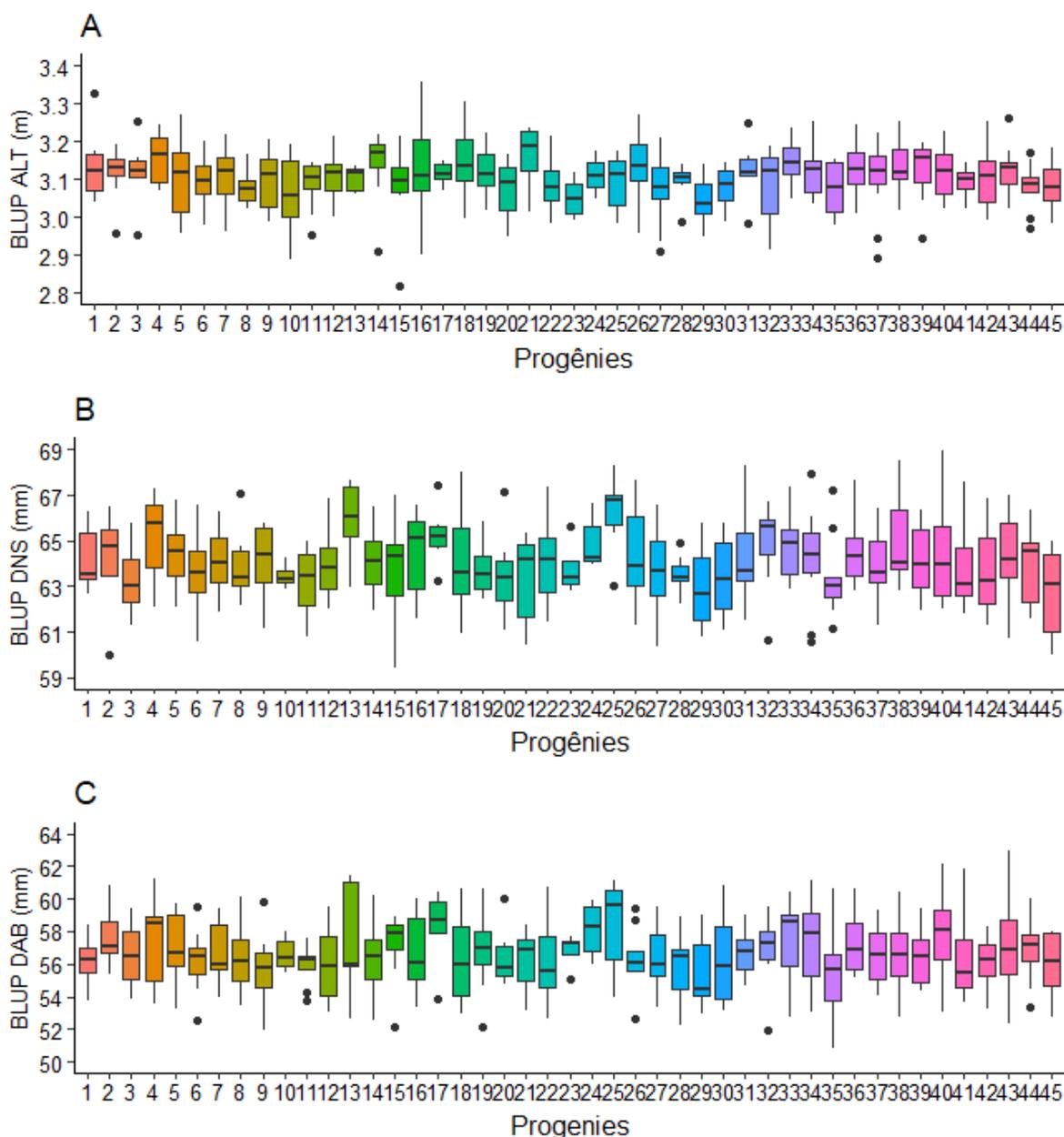
desfavorecidas com a seleção de progênies que apresentam médias fenotípicas superiores para altura e diâmetro ao nível do solo (DNS).

Em avaliações futuras, a mensuração das variáveis altura da bifurcação, volume e, incremento médio anual (IMA) deve ser realizadas e levadas em consideração para a escolha da melhor estratégia de seleção a ser utilizada para obtenção de maiores ganhos genéticos, pois indivíduos com ausência de bifurcações, bons valores de DAP e tronco mais retilíneo são características fenotípicas relevantes quando se visa o uso da espécie para fins madeireiros.

#### **4.3 BLUP's, ganho esperado com a seleção e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ )**

Como a variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) dos caracteres avaliados para algumas populações foram muito baixas quando estimadas usando o modelo misto ajustado assumindo população como efeito fixo (Tabela 4), a predição dos valores genéticos dos indivíduos a partir dos BLUP's (melhor predição linear não-viesada) para os caracteres foi estimada apenas para o modelo [1] (Figura 7), tendo em vista que a inviabilidade de seleção nessas populações cuja valores de variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) praticamente zeraram. Ao observar a figura 7, nota-se que as novas médias fenotípicas preditas a partir do BLUP para 411 indivíduos presentes no teste de procedências e progênie de *P. platycephala* variaram de 2,82 a 3,36 m para a altura, 59,42 a 68,98 mm para o diâmetro ao nível do solo e 50,84 a 63,00 mm para o diâmetro abaixo da primeira bifurcação.

**Figura 7- Médias fenotípicas previstas de 411 indivíduos com base nos valores genéticos (BLUP's) para os caracteres altura (A), diâmetro ao nível do solo (DNS) (B) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) (C) em teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala* Benth. aos 34 meses, instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, Alvorada do Gurgueia, Piauí.**



Com base nos valores genéticos preditos, além do BLUP individual (Figura 7), obteve-se também o BLUP das famílias, e com base neste, identificou-se as famílias do teste de procedências e progênes de *P. platycephala* que apresentaram os melhores valores médios de BLUP's para altura, diâmetro ao nível do solo e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (Tabela 5).

**Tabela 5- BLUP das 21 melhores famílias de *Parkia platycephala* Benth. presentes no teste de procedências e progênes para altura (ALT), diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB), instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, em Alvorada do Gurgueia, Piauí.**

N°	ALT			DNS			DAB		
	Família	Pop	BLUP	Família	Pop	BLUP	Família	Pop	BLUP
1	21	2	5,35	25	2	2,14	25	2	1,69
2	4	1	4,80	13	1	1,75	17	2	1,59
3	18	2	4,26	17	2	1,14	24	2	1,45
4	14	1	3,82	4	1	1,09	40	2	1,17
5	33	3	3,67	38	3	0,94	2	1	1,04
6	1	1	2,77	24	2	0,79	13	1	0,75
7	26	2	2,73	32	3	0,72	4	1	0,72
8	38	3	2,67	33	3	0,64	33	3	0,67
9	36	3	2,28	36	3	0,55	36	3	0,60
10	16	2	1,88	2	1	0,39	34	3	0,52
11	31	3	1,79	16	2	0,35	15	1	0,42
12	43	3	1,71	40	3	0,31	43	3	0,35
13	19	2	1,70	26	2	0,28	44	3	0,29
14	39	3	1,66	31	3	0,27	5	1	0,27
15	3	1	1,45	5	1	0,25	19	2	0,23
16	34	3	1,30	43	3	0,25	32	3	0,19
17	2	1	1,29	34	3	0,19	23	2	0,15
18	40	3	1,09	18	2	0,14	16	2	0,13
19	17	2	0,86	1	1	0,09	7	1	0,12
20	24	2	0,58	9	1	0,07	31	2	0,08
21	7	1	0,03	7	1	0,03	38	1	0,06

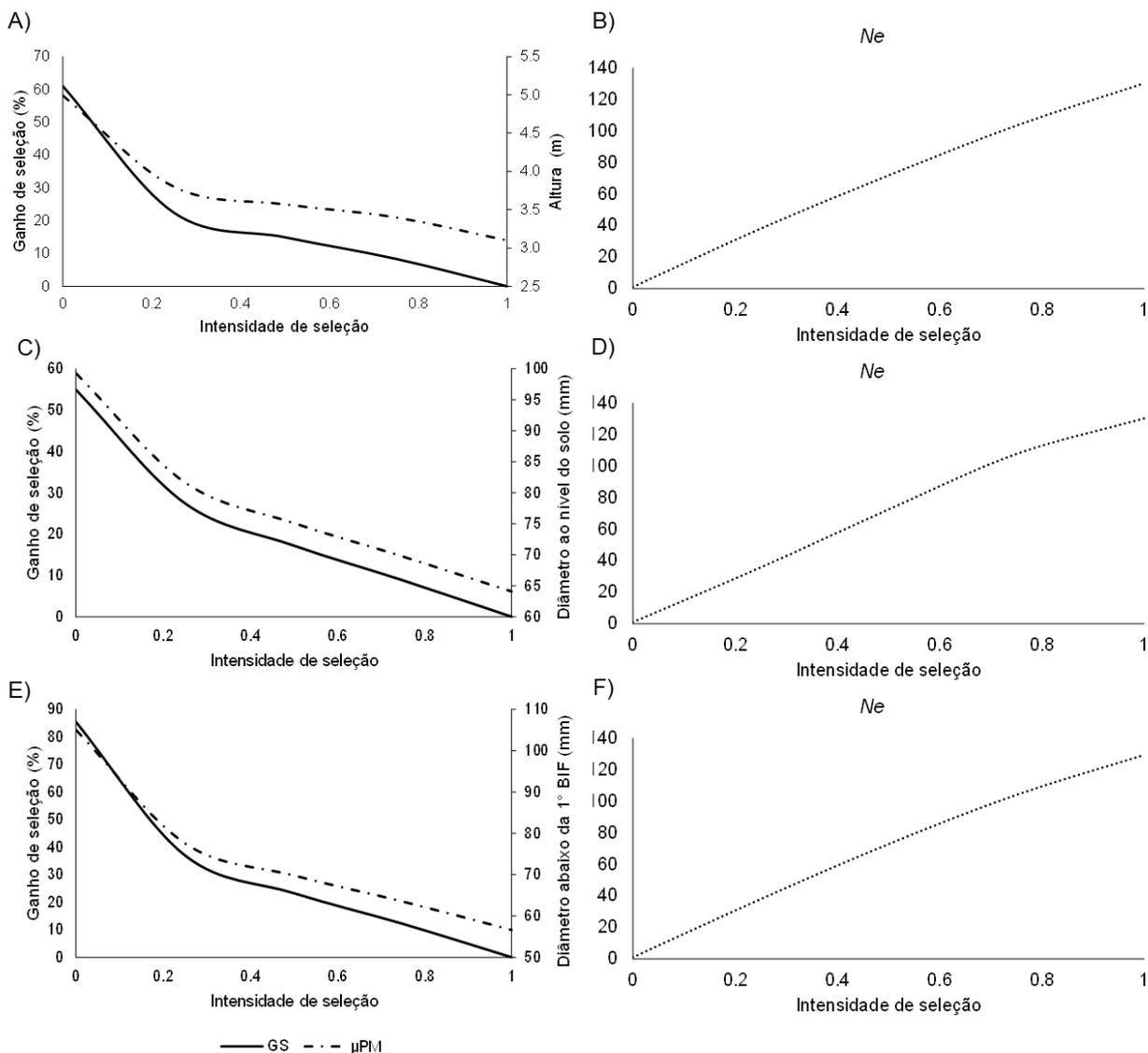
N°- Número de progênes superiores selecionadas

Das 21 famílias identificadas, as progênes EG01, EG02, EG04, EG07, SG16, SG17, SG18, SG24, SG26, BJ31, BJ33, BJ36, BJ38, BJ40 e BJ43 apresentaram bons valores genéticos para altura e diâmetro ao nível do solo. Logo, a utilização dessas progênes no programa de melhoramento tende a promover ganhos genéticos satisfatórios para ambos caracteres (Tabela 5). E, no que se refere a estes caracteres, ganhos genéticos são assegurados pela significativa correlação genética existente entre eles, bons valores de herdabilidade e acurácia na seleção.

Com base nos valores genéticos preditos (BLUP's), estimou-se para todos os caracteres avaliados, possíveis ganhos genéticos com a seleção (GS), nova média fenotípica melhorada ( $\mu_{PM}$ ) e o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) ao

selecionar diferentes proporções de indivíduos da população total do teste de procedências e progênes de *P. platycephala* (Figura 8).

**Figura 8- Estimativas de ganhos (GS), média fenotípica melhorada ( $\mu$ PM) e tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) calculadas em resposta a diferentes intensidades de seleção sob a população total do teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala* Benth., instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, em Alvorada do Gurgueia, Piauí.**



O ganho genético foi bem parecido para os caracteres avaliados (Figura 8), sendo este reduzido conforme a intensidade de seleção aplicada sobre a população total do teste de procedência e progênes aumenta, resultando em ganho nulo se 100% dos indivíduos *P. platycephala* do teste forem selecionados. Maiores ganho genéticos serão obtidos ao aplicar intensidades de seleção entre 10 a 20% para

todos os caracteres avaliados, contudo, o baixo valor para o tamanho efetivo populacional ( $N_e = 19$  a  $30$ ) comprometerá a variabilidade genética das próximas gerações. Segundo Resende e Mauro (2003), ao aplicar intensidades restritivas de seleção sobre uma população original, taxas de fixação e perda de alelos por geração em  $1/4N_e$  podem estar sendo favorecidas, e como consequência, a variabilidade existente reduzirá em  $1/(2N_e)$  a cada geração.

Ao analisar os cenários correspondentes a intensidades de seleção entre 30 e 60% (0,30 a 0,60, respectivamente) da população total, nota-se que tais estratégias implicarão em ganhos de 20 a 30% para a altura, 13 a 25% para o diâmetro ao nível do solo (DNS) e 19 a 33% para o diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB), e os valores de tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) identificados para essa faixa de seleção variaram de 48 a 90 (Figura 8). Ao selecionarmos 50 e 70% dos indivíduos da população total do teste, os ganhos previstos são de 14,93 e 8,36% para a altura, 17,20 e 8,81% para o diâmetro ao nível do solo, e 13,17 e 6,88%, respectivamente. O tamanho efetivo populacional retido na população selecionada ao aplicar tais intensidades de seleção são de 71,73 e 100,33 para a altura, 72,43 e 107,61 para o diâmetro ao nível do solo, e 72,80 e 104,02 para o diâmetro abaixo da primeira bifurcação, respectivamente. Para a conservação *ex situ*, de acordo com Frankel e Soulé (1981), um  $N_e = 50$  já é necessário para minimizar os efeitos endogâmicos. No entanto, para esse tamanho efetivo populacional, alelos com frequências abaixo de 6% não ficarão retidos na população (SOUSA et al., 2015).

Para atender tamanhos efetivos populacionais ( $N_e$ ) maiores como 50 e 100, a melhor estratégia de seleção a ser utilizada corresponde em aplicar intensidades de seleção de no mínimo 0,38 e 0,72, ou seja, selecionar no mínimo 38% e 72% dos indivíduos de *P. platycephala* do teste de procedências e progênies, respectivamente (Figura 8). Como notado os valores oscilam conforme a intensidade de seleção, logo, a melhor estratégia de seleção a ser realizada será aquela com base da análise conjunta, ou seja, levando em consideração tanto o ganho genético a ser obtido quanto o tamanho efetivo populacional, desta forma, severas complicações genéticas nas próximas gerações como a redução do *fitness* das progênies devido à deriva genética, acasalamento consanguíneo e aumento de endogamia, e conseqüentemente redução da variabilidade genética observada na população base podem ser evitadas. Segundo Aguiar et al. (2019), visando a

conservação genética, seleções para garantir a variabilidade genética, devem deter na população selecionada o mais alto valor possível do tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ). Sebbenn et al. (2007) também ressaltam que para tais finalidades baixas intensidades de manejo (desbaste) são estratégias eficientes, e ainda asseguram a variabilidade genética, pois não acarretará a redução drástica do tamanho efetivo da população.

O tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) estimado para o teste de procedências e progênies de *P. platycephala* foi de 130. Valores de  $N_e$  menores do que o tamanho amostral pode ser um indicativo de parentesco entre as progênies avaliadas (VENCOVSKY, 1987; TAMBARUSSI, 2014). O valor de  $N_e$  estimado foi próximo ao tamanho efetivo populacional de referência ( $N_{ef}=150$ ) necessário para garantir a conservação genética a curto prazo. A população mínima viável (PMV) necessária para assegurar a variabilidade genética a curto e longo prazo, ou seja, o número de indivíduos necessários para obter valores de  $N_{ef}$  de 150 e 1.500, seria de 474 e 4.736 indivíduos, respectivamente. Conforme Caballero (1994), o  $N_e$  é uma estimativa chave para genética quantitativa e processo evolutivo porque trata-se um indicativo da taxa de variação genética e endogamia de uma população.

Assim, estratégias de conservação e melhoramento devem ser realizadas visando a manutenção e aumento da variabilidade genética observada, entre elas podemos citar o enriquecimento do teste com progênies oriundas de outras procedências e desbastes de indivíduos com características fenotípicas inferiores.

#### **4.4 Distâncias genéticas, agrupamentos e análise de componentes principais**

Além de informações relacionadas à existência de variabilidade genética entre indivíduos, conhecer o grau de divergência genética entre eles é essencial, seja para manutenção quanto para o aumento da variabilidade genética detectada (SOUZA, 2001). De acordo com o autor, tais informações servem de base para o delineamento de estratégias reprodutivas, evitando assim o cruzamento entre indivíduos geneticamente similares.

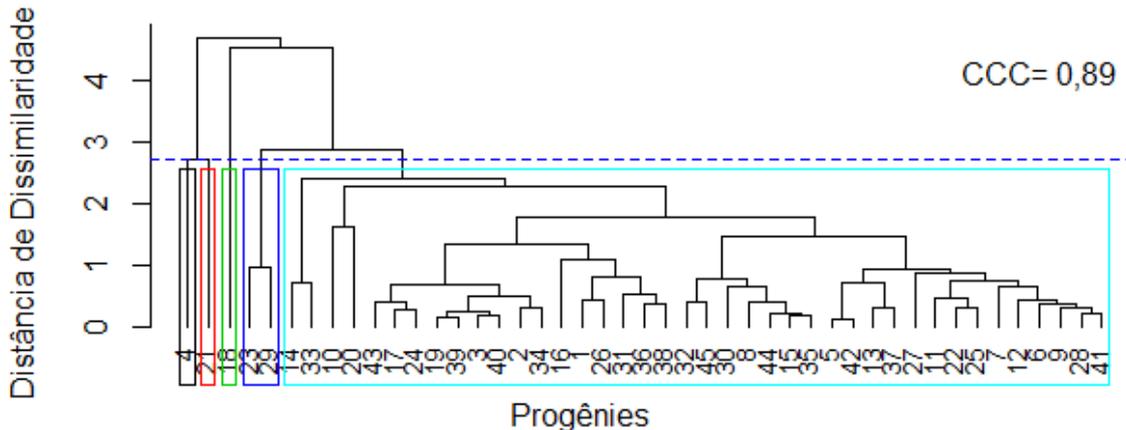
A possibilidade de parentesco entre as progênies foi evidenciada também pelas distâncias genéticas e pelos agrupamentos (Tocher, UPGMA e componentes principais) analisados, como visto posteriormente. As progênies de *P. platycephala*

agruparam-se de acordo com suas similaridades genéticas, o que significa dizer que, progênies de um mesmo grupo, independentemente do método de agrupamento utilizado, apresentam similaridade genéticas entre si para os caracteres altura, diâmetro ao nível do solo e diâmetro abaixo da primeira bifurcação.

#### 4.4.1 Agrupamento pelo método UPGMA

Assim como para as estimativas de variâncias e parâmetros genéticos, a formação de diferentes grupos pelo método UPGMA indica existência de variabilidade genética entre 45 progênies de *P. platycephala* do teste de procedências e progênies (Figura 9).

**Figura 9- Dendrograma obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) para agrupamento de 45 progênies de *Parkia platycephala* Benth., em teste de procedências e progênies aos 34 meses Alvorada do Gurgueia, Piauí.**



O coeficiente de correlação cofenético (CCC) do método UPGMA baseado na distância generalizada de Mahalanobis foi de 0,89. Este valor indica uma boa representatividade entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma (ROHLF, 1970; CRUZ et al., 2004). Quanto menor for o valor de CCC, maior é a distorção verificada entre as distâncias de dissimilaridade genética apresentada pelo dendrograma e matriz de dissimilaridade genética original obtida ao utilizar o método UPGMA (SOKAL; ROHLF, 1962).

Pelo dendrograma, observa-se que as progênies de acordo com suas dissimilaridades se dividiram em cinco grupos, sendo a maior e menor distância genética estimada apresentada pelas progênies EG05 e BJ42 (0,10) e SG18 e SG21 (7,29), respectivamente (Figura 9). Logo, nota-se que a menor distância foi obtida para progênies de populações diferentes (Eugenópolis e Bom Jesus), distanciadas entre si 19,5 km, enquanto a maior distância genética foi obtida para progênies da mesma população, distanciadas entre si 741 m. Assim como no referido estudo, Flávio (2010) ao trabalhar com a espécie de *Guazuma ulmifolia* Lam., também observou o mesmo comportamento, e conforme o autor, estes resultados podem ser indicativos de um baixo grau de parentesco entre progênies coletadas de árvores matrizes próximas geograficamente.

Levando em consideração o fluxo gênico via pólen (longo), tais resultados podem ser encontrados, assim como a formação de grupos com progênies das três populações, pois as estimativas de  $F_{st}$  já mostraram que para as populações estudadas, tem-se uma maior variação dentro e não entre as populações. As progênies de *P. platycephala* mais divergentes geneticamente, conforme o método de agrupamento UPGMA, são as progênies 4, 14, 18, 21, 23, 29 e 33. Com base no BLUP (Tabela 5), com exceção das progênies 23 e 29, as demais progênies apresentaram bons valores genéticos, portanto, são fortes candidatas para serem utilizadas em estratégias de cruzamentos, e principalmente se este for realizado visando ganho genéticos para a próxima geração.

Para fins de conservação e formação de população base para o melhoramento genético, não é desejável alto grau de parentesco entre as progênies de *P. platycephala*, pois cruzamentos entre plantas aparentadas tende a favorecer a depressão por endogamia e conseqüentemente redução da variabilidade genética (SOUZA, 2001; TAMBARUSSI et al., 2017). Dessa forma, para que a variabilidade genética detectada no teste possa ser mantida, ou até mesmo aumentada, o manejo correto implicará no delineamento de cruzamentos entre progênies divergentes, ou seja, entre as progênies que pertencem a grupos diferentes (SOUZA, 2001; ARRIEL et al., 2004), e de preferência utilizar nos cruzamentos progênies que favoreça o ganho genético, como as progênies apresentadas na tabela 5.

#### 4.4.2 Agrupamento pelo método de Tocher

O agrupamento das progênies utilizando o método de Tocher, tabela 6, foi coerente com o observado para o método UPGMA, contudo, este método foi menos rigoroso quando comparado o UPGMA.

**Tabela 6- Agrupamento das 45 progênies de *Parkia platycephala* Benth., segundo o método de otimização de Tocher aos 34 meses, com base nos valores genéticos preditos (BLUP's) dos caracteres quantitativos altura, diâmetro ao nível do solo e diâmetro abaixo da primeira bifurcação em teste de procedências e progênies, instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, em Alvorada do Gurgueia, Piauí. (Coeficiente de Correlação Cofenético = 0,80).**

Grupos	Progênies											Total	Procedências	
I	1	2	3	5	6	7	8	9	10	11				
	12	13	14	15	16	17	19	20					Eugenópolis	
	22	23	24	25	26	27	28	30	31		41		São Gonçalo	
	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41			Bom Jesus	
				42	43	44	45							
II					4	21						2	Eugenópolis	
													São Gonçalo	
III							18					1	São Gonçalo	
IV							29					1	São Gonçalo	

Com base neste método, as progênies de *P. platycephala*, de acordo com suas similaridades dividiram-se em quatro grupos, sendo o grupo I formado pela maioria das progênies (91%), o II pelas progênies 4 e 21, o III pela progênie 18 e IV pela progênie 29. O critério de inclusão de novas progênies no grupo foi de  $\alpha=2,71$ , sendo o grupo um iniciado pelo par de progênies mais similares (EG5 e BJ42,  $D^2=0,10$ ) (Tabela 6).

Quando comparado ao agrupamento UPGMA, o método de Tocher apresentou poder de discriminação similar de divergência genética entre as progênies avaliadas, cujo coeficiente de correlação cofenético obtido foi de 0,80, e pelo valor observado, verifica-se que o método de Tocher utilizado, assim como o UPGMA, também foi um método adequado (CRUZ et al., 2012).

Com exceção dos grupos III e IV, que contém apenas uma progênie, nenhum dos demais grupos foi formado exclusivamente por progênies de uma mesma população (Tabela 6), tal comportamento caracteriza a baixa e moderada diferenciação genética ocorrente entre as populações ( $0,05 \leq F_{st} \leq 0,13$ ), como verificado nas estimativas de parâmetros genéticos (Tabela 4) e no agrupamento UPGMA (Figura 9). Resultados similares foram encontrados por Costa et al. (2016), ao trabalharem com procedências e progênies de *Casearia grandiflora* Cambess. e utilizarem o método de Tocher. Conforme Missio et al. (2007), o agrupamento de Tocher é bastante indicado para estudos com esta finalidade, pois quando comparado ao método UPGMA, o método proporciona maior facilidade na interpretação dos resultados, sendo, portanto, o mais indicado quando se trabalha com grandes números de progênies.

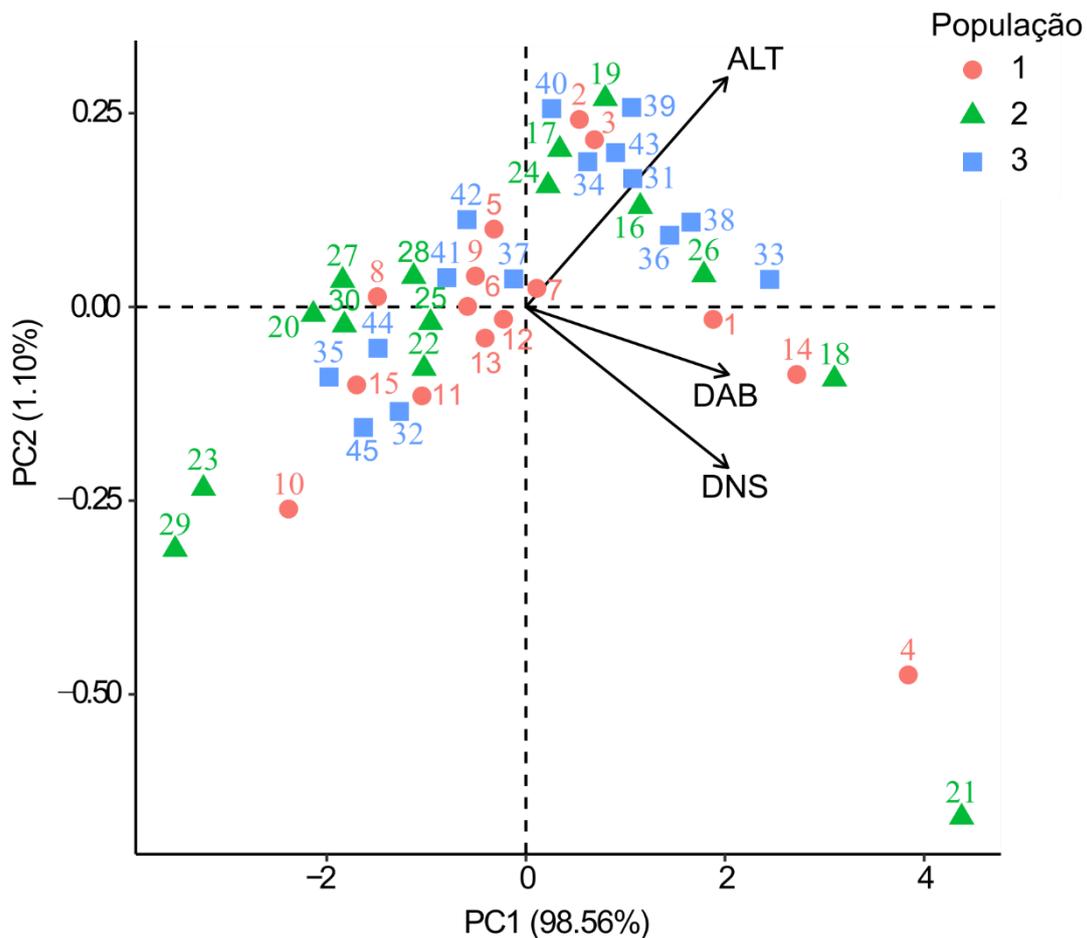
A utilização conjunta dos métodos de Tocher e UPGMA, além de complementar os resultados, e auxiliar na melhor diferenciação dos grupos formados (RAMALHO et al., 2016), também impedem inferências errôneas quanto a alocação das progênies dentro de um dado subgrupo (ARRIEL et al., 2006).

Visando maximizar a variabilidade genética do teste de procedências e progênies de *P. platycephala*, assim como minimizar efeitos endogâmicos na população originada e risco de deriva genética, o delineamento estratégico de combinação reprodutiva com base no *rancking* das melhores progênies (Tabela 5) e nas análises de agrupamento (UPGMA e Tocher) é a forma mais eficaz e eficiente para a se obter indivíduos superiores com alto vigor, e conseqüente maior sucesso no programa de conservação e melhoramento genético da *P. platycephala* (SOUZA, 2001). Em concordância, Rao et al. (1981) afirmam que o cruzamento entre indivíduos mais divergentes contribui para o alto efeito heterótico e maior variabilidade genética nas próximas gerações.

#### 4.4.3 Análise de Componentes Principais (PCA)

Após detectar a existência de variabilidade entre as progênes de *P. platycephala* pelas estimativas de parâmetros genéticos e agrupamentos UPGMA e Tocher, a análise de componentes principais foi realizada para facilitar a identificação das progênes superiores para cada caractere. Pela análise de componentes principais verificou-se que os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) explicaram 99,66% da variabilidade existente entre BLUP's da altura, DNS e DAB.

**Figura 10- Dispersão gráfica dos escores de 45 progênes de *Parkia platycephala* Benth., estimadas a partir do BLUP dos caracteres quantitativos altura (ALT) e diâmetro ao nível do solo (DNS) e diâmetro abaixo da primeira bifurcação (DAB) em teste de procedências e progênes, aos 34 meses, instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurgueia, em Alvorada do Gurgueia, Piauí.**



Ao analisar a figura e o agrupamento entre as progênies, nota-se uma correspondência com os agrupamentos UPGMA e Tocher (Figura 9 e Tabela 6). As progênies à direita do gráfico são aquelas que se destacam por apresentar os melhores valores genéticos (BLUP) para altura, DNS e DAB (Figura 10), o que corresponde ao ranqueamento apresentado na tabela 5.

As progênies 4, 10, 14, 18, 21, 23, 29 e 33 por estarem mais isoladas no gráfico de dispersão, pode-se inferir que, com base neste método de agrupamento, estas foram as progênies mais dissimilares geneticamente das demais, essa dissimilaridade genética também é confirmada pelos agrupamentos UPGMA e Tocher (Figura 9 e Tabela 6, respectivamente). A causa da dissimilaridade genética das progênies 10, 20, 23 e 29 em relação as demais estar relacionada com o desempenho inferior dessas progênies em campo, o que resultou em valores genéticos preditos negativos, e ao realizar o ranqueamento das melhores famílias (Tabela 5), estas nem apareceram.

Quanto mais próximas estão as progênies no plano cartesiano, mais similares elas são. Para fins de melhoramento o cruzamento entre progênies próximas reduzirá chances de obtenção de progresso com a seleção artificial (VENCOVSKY et al., 2007). Como as espécies alógamas já tendem a apresentar uma elevada depressão por endogamia (SOUZA, 2001; AGUIAR et al., 2020), o cruzamento entre progênies similares favorecerá a ocorrência de efeito endogâmico na população segregante, o que é preocupante, pois a população do teste de procedências e progênies de *P. platycephala* já apresentou indicativos de endogamia.

O cruzamento será eficiente se envolver progênies de diferentes grupos, o que pode evitar cruzamento entre indivíduos fenotipicamente aparentados, e com bons valores genéticos (Figura 9 e 10 e Tabela 6).

Em geral os resultados apresentaram boa dissimilaridade genética entre as 45 progênies avaliadas, boas estimativas de parâmetros genéticos e boas perspectivas de ganhos se realizada uma estratégia de seleção correta. Deste modo, pode-se dizer que o teste apresenta potencial para ser transformado em um pomar de sementes com alta qualidade genética, podendo, portanto, ser explorado tanto para fins ambientais, como econômicos visando a utilização da espécie em empreendimentos florestais como plantios comerciais, sistemas silvopastoris e indústria madeireira.

De acordo com Costa et al. (2005), a análise do desenvolvimento inicial de progênies de espécies florestais nativas estimula a instalação de um programa de melhoramento genético, buscando maximizar os ganhos genéticos dos caracteres de interesse. Para a espécie em estudo, e para fins de melhoramento genético, pode-se posteriormente explorar o teste visando obter ganhos genéticos relacionados aos teores proteicos dos frutos, produtividade, incremento em volume, qualidade da madeira e fuste, já que, a espécie além de potencial ecológico, também tem seu valor econômico.

## 5 RECOMENDAÇÕES GENÉTICAS PARA TRABALHOS COM A ESPÉCIE *Parkia platycephala* Benth.

1. Os caracteres avaliados apresentam controle genético variando de baixo a moderado (0,0 – 0,39), comportamento esperado para caracteres quantitativos de natureza poligênica, tendo em vista sua alta influência ambiental.

2. Há maior variabilidade genética dentro que entre as populações de *P. platycephala*, logo, ganhos de seleção serão obtidos se a seleção for realizada entre e dentro de populações.

3. Os caracteres altura e diâmetro ao nível do solo (DNS) apresentam boa correlação genética e fenotípica, logo, ganhos genéticos em DNS resultarão em ganhos indiretos em altura.

4. O diâmetro ao nível do solo é o caráter avaliado mais indicado para a seleção das progênies, pois apresentou boas estimativas de variâncias herdabilidades e correlações genéticas e fenotípicas.

5. As progênies 1, 2, 4, 7, 14, 18, 16, 17, 24, 26, 31, 33, 34, 36, 38, 40 e 43 apresentaram valores genéticos superiores, elegendo as como progênies promissoras a seleção.

6. O teste de procedências e progênies de *P. platycephala* assegura a conservação da espécie a curto prazo.

7. Intensidades de seleção abaixo de 38%, apesar de favorecer elevados ganhos genéticos, não são recomendadas para ser aplicada na população do teste de procedências e progênies de *P. platycephala*, pois acarretará perdas severas de variabilidade genética ( $N_e < 50$ ).

8. O desbaste de até 25% dos indivíduos inferiores, neste primeiro momento, não compromete a variabilidade genética necessária à conservação, desenvolvimento de programas de melhoramento e futura transformação do teste em pomar de mudas (PSM), e reduz a chance de cruzamento entre indivíduos fenotipicamente relacionados.

9. Por fim, sugerimos que o teste seja continuamente monitorado e avaliado conforme as árvores envelhecem para garantir decisões operacionais mais precisas.



## REFERÊNCIAS

- AGUIAR, B.I.; FREITAS, M.L.M.; ZANNATO, A.S.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, M. L. T.; AMBROSANO, M. N.; PEREIRA, L. C. S. M.; GANDARA, F. B.; KAGEYAMA, P. Y.; ALEXANDRE M. SEBBENN. The effects of pollen dispersal and mating pattern on inbreeding depression and hybrid vigor in *Balfourodendron riedelianum* (Engl.) Engl. (Rutaceae). **Conservation Genetics**, v. 21, n. 2, p. 305–317, 2020.
- AGUIAR. B.I.; FREITAS. M.L.M.; TAVARES. Y.R.; TAMBARUSSI. E.V.; ZANATTO. B.; GANDARA. F.B.; PALUDETTO. J.G.Z.; SILVA. D.Y.B.O.; SILVA. J.R.; MORAES. M.L.T.; LONGUI. E.L.; ZANATA. M.; SEBBENN. A.M. Genetic control of silvicultural traits in *Balfourodendron riedelianum* (ENGL.) ENGL.. **Silvae Genetica**, v.68, n.1, p.73 - 78, 2019.
- AGUIAR. R. B.; GOMES. J. R. C. **Projeto cadastro de fontes de abastecimento de água subterrânea**: diagnóstico do município de Manoel Emídio. Estado do Piauí. Fortaleza: Serviço Geológico do Brasil, 2004. 19 p. Disponível em: [http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16076/Rel\\_ManoelEmidio.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16076/Rel_ManoelEmidio.pdf?sequence=1). Acesso em: 13 nov., 2019.
- ALBUQUERQUE. P. D.; MENDONÇA. J. A. C. Anthophoridae (*Hymenoptera; Apoidea*) e flora associada em uma formação de cerrado no município de Barreirinhas. MA. Brasil. **Acta Amazonica**, v. 26, n. 112, p. 45-54, 1996.
- ALVES, L. R.; OLIVEIRA, R. J. D.; COIMBRA, R. R.; FERREIRA, W. D. M. Crescimento inicial de *Parkia platycephala* (Benth.) e *Enterolobium timbouva* (Mart.) sob condições de campo numa área de Cerrado. **Revista Ceres**, v. 63, n. 2, p. 154-164, 2016.
- ALVES. A. A.; SALES. R. O.; NEIVA. J. N.; MEDEIROS. A. N.; BRAGA. A. P.; AZEVEDO. A. R. Degradabilidade ruminal in situ de vagens de faveira (*Parkia platycephala* Benth.) em diferentes tamanhos de partículas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 4, p. 1045-1051, 2007.
- ARAÚJO, D.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; ZANATA, M.; MORAIS, E.; MORAES, M. L. T. D.; FREITAS, M. L. M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Astronium graveolens* JACQ. (ANACARDIACEAE). **Cerne**, v. 20, n. 1, p. 61-68, 2014.
- ARAÚJO, M. J.; MIRANDA, H. H.; MARQUES, C. A. T.; BATISTA, I. L.; CARVALHO, F. J. V.; JÁCOME, D. L. S.; EDVAN, R. L.; SILVA, T. P. D.; BEZERRA, L. R.; LIMA, A. G. V. O.; OLIVEIRA, R. L. Effect of replacing ground corn with *Parkia platycephala* pod meal on the performance of lactating Anglo-Nubian goats. **Animal Feed Science and Technology**, v. 258, p. 114313. 2019.
- ARRIEL, E. F.; PAULA, R. C.; BAKKE, O. A.; ARRIEL, N. H. C. Divergência Genética em *Cnidocolus phyllacanthus* (Mart.) Pax. et K. Hoffm. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 8, n. 2-3, p.813-822, 2004.

ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim. usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 5, p.801-809, 2006.

BARROSO, A. G.; SANO, E. E.; FREITAS, D. M. Identificação de desmatamentos no cerrado utilizando técnicas de diferença de imagens e índice de queimada por diferença normalizada. **Revista Brasileira de Cartografia**, v. 69, n. 7, p. 1397-1409, 2017.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWING, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BERTONHA, L. J.; FREITAS, M. L. M.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Selection of *Myracrodruon urundeuva* progenies based on phenological traits and growth for reconstitution of legal reserve areas. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 109, p. 95–104, 2016.

BEZERRA, R. D. S.; CARVALHO, A. A.; CHAVES, M.H. Fenóis totais e atividade antioxidante de extratos de folhas de *Parkia platycephala* Benth. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Química. 32.. 2009. Fortaleza. **Anais** [...]. Fortaleza: ... Fortaleza: Sociedade Brasileira de Química. 2009. p. 1. Disponível em: <http://sec.s bq.org.br/cdrom/32ra/resumos/T0803-1.pdf>. Acesso em: 15 nov. 2018.

BOLFE, E. L.; VICTÓRIA, D. C.; CONTINI, E.; SILVA, C. B.; ARAUJO, L. S.; GOMES, D. Matopiba em crescimento agrícola: aspectos territoriais e socioeconômicos. **Revista de Política Agrícola**, n. 4, v. 1, p. 38-62, 2016.

BOLSON, S. H. O cerrado nas metas brasileiras do acordo de paris: a omissão do estado brasileiro com o desmatamento na cumeieira da América do Sul. **Revista de Direito Ambiental e Socioambientalismo**, v. 4, n. 1, p. 112-131, 2018.

BRASIL. **Decreto-lei nº 8.972. de 23 de janeiro de 2017**. Dispões sobre Política Nacional para Recuperação da Vegetação Nativa. Brasília. DF. 2020b. Disponível em: [http://www.planalto.gov.br/ccivil\\_03/\\_ato2015-2018/2017/decreto/D8972.htm](http://www.planalto.gov.br/ccivil_03/_ato2015-2018/2017/decreto/D8972.htm). Acessado em: 15 mar. 2020.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Acordo de Paris**. Brasília. DF. 2020a. Disponível em: <https://www.mma.gov.br/clima/convencao-das-nacoes-unidas/acordo-de-paris>. Acessado em: 15 mar. 2020.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Biodiversidade Brasileira**. Brasília. DF. 2020d. Disponível em: <https://www.mma.gov.br/biodiversidade/biodiversidade-brasileira>. Acesso em: 29 jan. 2020.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Brasil sediará 3ª Reunião do Desafio de Bonn.** Brasília. DF. 2020a. Disponível em: <https://www.mma.gov.br/informma/item/14641-noticia-acom-2018-03-2867.html>. Acessado em: 15 mar. 2020.

BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **O Bioma Cerrado.** Brasília. DF. 2020. Disponível em: <https://www.mma.gov.br/biomas/cerrado.html>. Acesso em: 15 de mar. 2020c.

BULHÃO, C. F.; FIGUEIREDO, P. S. Fenologia de leguminosas arbóreas em uma área de cerrado marginal no nordeste do Maranhão. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 25, n. 3, p. 361-369, 2002.

BUSSAB, W. O.; MIAZAK, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos.** São Paulo: Associação Brasileira de Estatística, 1990.

BUSTAMANTE. Mercedes. Política de clima negligencia o Cerrado – mais uma vez Plano entregue à ONU não menciona o segundo maior bioma do país. Observatório do Clima on-line. Edição de 24. nov. 2015. Disponível em: <http://www.observatoriodoclima.eco.br>. Acesso em: 10 mai. 2020.

CABALLERO, A. Desenvolvimentos na previsão do tamanho efetivo da população. **Hereditariade**, v. 73, n. 6, p. 657-679, 1994.

CABRAL, E. S. **Desempenho de três espécies arbóreas nativas de cerrado introduzidas em uma área antropizada no município de Porto Nacional. Tocantins.** 2017. Dissertação (Mestrado em Ecologia de Ecótonos) - Ecologia de Ecótonos da Universidade Federal do Tocantins, Porto Nacional, 2017.

CALVO, M. C. M. **Estatística descritiva.** Florianópolis: UFSC - Centro de Ciências da Saúde, 2004.

CANUTO, D. S. D. O.; ZARUMA, D. U. G.; MORAES, M. A. D.; SILVA, A. M. D.; MORAES, M. L. T. D.; FREITAS, M. L. M. Caracterização genética de um teste de progênies de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 42, n. 4, p. 641-648, 2015.

CARDOSO. C. R.; SILVA. D. Y. B. O.; FARIAS. S. G. G.; SANTOS. G. N. L.; MATOS. D. C. P. Biometria de frutos e sementes de diferentes árvores matrizes de *Parkia platycephala* Benth. In: CONGRESSO BRASILEIRO FLORESTAL DO CERRADO. 3., 2017, Goiânia. **Anais** [...] Goiânia: Universidade Federal do Goiás, 2017.

CORNACINI, M. R.; SILVA, J. R.; LUZ, K. C.; CAMBUIM, J.; SANTOS, W. D.; MORAES, M. L. T.; AGUIAR, A. V. Desbaste seletivo em teste de procedências e progênies de *Astronium fraxinifolium* Schott com base na variabilidade genética. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 115, p. 581-591, 2017.

CORRÊA, R. S.; CARDOSO, E. S. Espécies testadas na revegetação de áreas degradadas. *In: CORRÊA, R. S.; MELO FILHO, B. (Eds.) Ecologia e recuperação de áreas degradadas no Cerrado*. Brasília: Paralelo, 1998. p. 101-116.

COSTA, F. O.; CHAVES, S. R.; SANTOS, R. R.; SILVA, A. L. G. Biologia reprodutiva de *Parkia platycephala* Benth. (Fabaceae - Mimosoideae). *In: CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA BOTÂNICA E DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL*, 62., 2011. Fortaleza. **Anais** [...] Fortaleza: UECE. 2011.

COSTA, M. F.; LOPES, A. C. D. A.; GOMES, R. L. F.; ARAÚJO, A. S. F. D.; ZUCCHI, M. I.; PINHEIRO, J. B.; VALENTE, S. E. D. S. Caracterização e divergência genética de populações de *Casearia grandiflora* no Cerrado piauiense. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387-396, 2016.

COSTA, R. B. D.; RESENDE, M. D. V. D.; GONÇALVES, P. D. S.; CHICHORRO, J. F.; ROA, R. A. R. Variabilidade genética e seleção para caracteres de crescimento da seringueira. **Bragantia**, v. 67, n. 2, p. 299-305, 2008.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; CONTINI, A. Z.; REGO, F. L. H.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Avaliação genética dentro de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), na região de Caarapó, MS, pelo procedimento REML/BLUP. **Ciência Florestal**, v. 15, n. 15, p. 371-376, 2005.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Viçosa, MG: Suprema, 2011.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, 1997.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1. 4ª edição. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOSKY, R. Estudos sobre a divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, v. 41, n.234, p. 183-194, 1994.

DIAS, L. A. S. D.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e conseqüências para o melhoramento florestal. **Agrotropica**, v. 3, n. 3, p. 119-127, 1991.

ETTORI, L. C.; FIGLIOLIA, M. B.; SATO, A. S. Conservação *ex situ* dos recursos genéticos de espécies florestais nativas: situação atual no Instituto Florestal. *In*: HIGA, A. R.; DUQUE SILVA, L. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006. p. 203-225

FADY, B.; COTTRELL, J.; ACKZELL, L.; ALÍA, R.; MUYS, B.; PRADA, A.; GONZÁLEZ-MARTÍNEZ, S. C. Forests and global change: what can genetics contribute to the major forest management and policy challenges of the twenty-first century?. **Regional Environmental Change**, v. 16, n. 4, p. 927-939, 2016.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman, 1981.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987.

FALCONER, D. S. **Introduction to Quantitative Genetics**. 3. ed. Longman Scientific and Technical. New York, 1989.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996.

FAO. Global Forest Resources Assessment. Rome, 2015. Disponível em: <http://www.fao.org/3/a-i4793e.pdf>. Acesso em: 13 nov. 2018.

FERNANDES, P. A.; PÊSSOA, V. L. S. O cerrado e suas atividades impactantes: uma leitura sobre o garimpo, a mineração e a agricultura mecanizada. **Revista Eletrônica de Geografia**, v. 3, n. 7, p. 19-37, 2011.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília: EMBRAPA-CERNAGEN, 1996.

FERREIRA, R. T.; VIANA, A. P.; SILVA, F. H. L.; SANTOS, E. A.; SANTOS, J. O. Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 38, n. 1, p. 158-166, 2016.

FISHER, M.; VAN KLEUNEM, M.; SCHMIDT, B. Genetic allele effects on performance, plasticity, and developmental stability in a clonal plant. **Ecology Letter**, v. 3, n.1, p. 530-539, 2000.

FLÁVIO, J. J. P. **Divergência genética entre árvores matrizes de *Guazuma ulmifolia* Lam.** 2010. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2010.

FRANK; HARRELL, JR., with contributions from Charles Dupont and many others. . Hmisc: Harrell Miscellaneous. R package version 4.4-0, 2020. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=Hmisc>. Acesso em: 20 mai. 2020.

FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. S. **Conservation and evolution**. Cambridge: Cambridge University Press, 1981.

FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M. A. Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms. **Revista Instituto Florestal**, v. 20, n. 2, p. 165-173, 2008.

FUCHS, E.J.; LOBO, J.A.; QUESADA, M. Effects of forest fragmentation and flowering phenology on the reproductive success and mating patterns of the tropical dry forest tree *Pachira quinata*. **Conservation Biology**, v. 17, n.1, p.149-57, 2003.

GERBER, D. **Variabilidade genética para caracteres juvenis de procedências e progênes de *Araucaria angustifolia* (Bertol.)**: subsídio para formação de pomares de sementes. 2017. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Florestal), Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, 2017.

GOIS, I. B.; FERREIRA, R. A.; SILVA-MANN, R. Variabilidade Genética em Populações Naturais de *Cassia grandis* L. f. **Floresta e Ambiente**, v. 25, n. 4. p. e20160309, 2018.

GOMES, G. S.; SILVA, G. S.; SILVA, D. L. S.; ARAUJO, M. F. V.; OLIVEIRA, R. R.; GASPAR, J. C.; MARTINS, P. R. P.; OLIVEIRA, R. F.; CONCEIÇÃO, G. M. Leguminosae: Biodiversity and Taxonomy for the Northeast Region of Brazil. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science (IJAERS)**, v. 6, n. 6, p. 95- 110, 2019.

GRIBEL, R.; GIBBS, P.; QUEIRÓZ, A. L. Flowering phenology and pollination biology of *Ceiba pentandra* (Bombaceaea) in Central Amazon. **Journal of Tropical Ecology**, n. 15, p. 247-263, 1999.

HAMRICK, J. L. The distribution of genetic variation within and among natural plant populations. *In*: SHONEWALD-COX, C. M.; CHAMBERS, S.M.; MACBIDE, B.; THOMAS, W.L. (Eds.). **Genetics and conservation: a reference for managing wild animal and plant population**. Menlo Park: Benjamin/Cummings, 1983. p.335-348.

HAMRICK, J. L.; GODT, M. J. W. Allozyme diversity in plant species. *In*: BROWN, A.H.D.; CLEGG, M.T.; KAHLER, A.L.; WEIR, B.S. (Eds.). **Plant Population Genetics. Breeding. and Genetic Resources**. Massachusetts, Sinauer, 1989. p.43-63.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. The genetic structure of tropical tree populations: associations with reproductive biology. *In*: BOCK, J. H.; INHART, Y. B. (Eds.). **The Evolutionary Ecology of Plants**. Westview Press, Boulder, 1989. p. 129-146.

HATTEMER, H. H. Measuring genetic variation. *In*: MULLER-STARCK, G.; ZIEHE, M. (Eds.). **Genetic variation in European populations of Forest trees**. Sauerländeres Veerlag, Frankfurt am Main, 1991. p. 2-19.

HOLSINGER, K. E.; GOTTLIEB, L.D. Conservation of rare and endangered plants: principles and prospects. *In*: FALK, D. A; HOLSINGER, K. E. (Eds.). **Genetics and Conservation of Rare Plants**. Oxford Univ, Press, New York, 1991. p. 195-223.

HONGYU, K.; SANDANIELO, V. L. M.; OLIVEIRA JUNIOR, G. J. Análise de componentes principais: resumo teórico. aplicação e interpretação. **Engineering and Science**, v. 5, n. 1, p. 83-90, 2016.

HOPKINS, H. C. Floral biology and pollination ecology of the neotropical species of *Parkia*. **Journal of Ecology**, v. 72, p. 1-23, 1984.

HUMPHREYS, M. O. A genetic approach to the multivariate differentiation of perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) populations. **Heredity**, v. 66, n. 3, p. 437-443, 1991.

IWANO, M.; TAKAYAMA, S. Self/non-self discrimination in angiosperm self-incompatibility. **Current opinion in plant biology**, v. 15, n. 1, p. 78-83, 2012.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied Multivariate Statistical Analysis**. New Jersey. USA: Englewood Cliffs, 1992.

KAGEYAMA, P. Y. Conservação “*in situ*” de recursos genéticos de plantas. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, n. 35, p. 7-37, 1987.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética entre procedências de *Pinus oocarpa* Schiede na região de Agudos. SP. 1977.** Dissertação (Mestrado em Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

KAGEYAMA, P. Y.; DIAS, I. S. Aplicação da genética em espécies florestais nativas. *In*: **Congresso nacional sobre essências nativas**. 5.. 1982. Campos do Jordão. **Anais...** Campos do Jordão, 1982. p. 782-791.

KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M.; RIBAS, L. A.; GANDARA, F. B.; CASTELLEN, M.; PERECIM, M. B.; VENKOVSKY, R. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**, v. 64, p. 93-107, 2003.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (HILL) MAIDEN. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, n. 24, p. 9-26, 1983.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F. B.; SOUZA, L. M. I. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica do Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, v. 12, n. 32, p. 65-70, 1998.

KANOWSKI, P.; BOSHIER, D. Conserving genetic resources of trees *in situ*. *In*: MAXTED, N.; FORD-LLOYD, B. V.; HAWKES, J. G. (Eds.). **Plant genetic conservation: the *on situ* approach**. Chapman and Hall, London, UK, 1997. p. 207-219.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. Package 'factoextra.' Extract and visualize the results of multivariate data analyses, 2020. Disponível em: <http://www.sthda.com/english/rpkgs/factoextra>. Acesso em: 20 jan. 2020.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. "**Klimate der Erde**. Gotha: Verlag Justus Perthes", Wall-map 150cmx200cm. 1928.

KUBOTA, T. Y. K.; MORAES, M. A.; SILVA, E. C. B.; PUPIN, S.; AGUIAR, A. V.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A. R.; SEBBENN, A. M. Genetic variability of silvicultural traits in opened-pollinated progenies of *Balfourodendron riedelianum* (Engler). **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 106, p. 407-415, 2015.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. "lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models." **Journal of Statistical Software**, v. 82, n. 13, p.1-26, 2017.

LÊ, S.; JOSSE, J.; HUSSON, F. FactoMineR: An R Package for Multivariate Analysis. **Journal of Statistical Software**, v. 25, n. 1, p.1-18. 2008.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 4. ed. São Paulo: Instituto Plantarum, 2013.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological Determinants of Genetic Structure In Plant Populations. **Annual Review of Ecology And Systematics**, v. 15, p. 65-95, 1984.

LUSH, J. L. Genetic aspects of the Danish system of progeny-testing swine. **Iowa Agriculture and Home Economics Experiment Station Research Bulletin**, v. 18, n. 204, p. 1, 1936.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; SANTOS, C. E. M.; SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MARIANTE, A. S.; SAMPAIO, M. J. A. INAGLES, M. C. V. **Informe nacional sobre a situação dos recursos fitogenéticos para a alimentação e a agricultura do Brasil**. Brasília, DF: Embrapa, 2008.

MASTELIN, S. M.; LIMA, I. L.; ZANON, B. R.; LONGUI, E. L.; FLORSHEIM, S. M. B. Densidade básica e dimensões celulares da madeira de *Balfourodendron riedelianum* em função da procedência e variação radial. **Instituto Florestal**, v. 23, n. 2, p. 217-230, 2010. (Série Registros. 42).

MENCK, A.L.M.; ODA, S.; KAGEYAMA, P.Y. Variação genética em progenies de arvores de pomar de sementes por mudas de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na regioao de MirimSP. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, n. 33, p. 5-15, 1986.

MENEGATTI, R. D.; MANTOVANI, A.; NAVROSKI, M. C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial em progênies de bracatinga. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 87, p. 235-243, 2016.

MISSIO, R. F.; MORAES, M. L. T.; DIAS, L. A. S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, n. 73, p. 27-36, 2007.

MORA, F.; ARRIAGADA, O. A classification proposal for coefficients of variation in Eucalyptus experiments involving survival, growth and wood quality variables. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p.263-267, 2016.

NAMKOONG, G. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, v. 22, p. 2-12, 1966.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington, D.C: Forest Service, 1979.

NASCIMENTO, H. E. M.; LAURENCE, W. F. Efeitos de área e de borda sobre a estrutura florestal em fragmentos de terra-firme após 13-17 anos de isolamento. **Acta Amazônica**, v. 36, n. 2, p. 183-192, 2006.

NEWMAN, D.; PILSON, D. Maior probabilidade de extinção devido à diminuição do tamanho da população genética efetiva: populações experimentais de *Clarkia pulchella*. **Evolution**, v. 2, n. 51, p. 354-362, 1997.

NUNNEY, L.; CAMPBELL, K. A. Assessing minimum viable population size: demography meets population genetics. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 8, n. 7, p. 234-239, 1993.

OKSANEN, J.; BLANCHET, F. G.; FRIENDLY, M.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MCGLINN, D.; MINCHIN, P. R.; O'HARA, R. B.; SIMPSON, G. L.; SOLYMOS, P.; HENRY, M.; STEVENS, H.; SZOECS, E.; WAGNER, H. The vegan Package - Community Ecology Package. R package Version 2.5-2. 295p.. 2018. Disponível em: <https://cran.r-project.org>, <https://github.com/vegandevs/vegan>. Acesso em: 08 de março. 2019.

OLIVEIRA, L. C. **Filogenia de *Parkia* R.BR. (Leguminosae: Mimosoideae) baseada em sequências de DNA de cloroplasto**. 2015. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas/Botânica) - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, 2015.

OLIVEIRA, R. D. S.; GOMES, M.; ARAUJO NETO, R. B.; MARTINS, F.; LIMA, P. D. C. Avaliação da similaridade genética entre os acessos de *Parkia platycephala* por meio de marcadores ISSR. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS NATURAIS DO SEMIÁRIDO. 3., 2017. Fortaleza. Manejo de bacias hidrográficas em regiões semiáridas: potencialização da produção de água: **Anais [...]**. Fortaleza: Universidade Federal do Ceará, 2017.

OTSUBO, H. B. C.; MORAES, M. L. T. DE; MORAES, M. A. ; JOSÉ NETO, M.; FREITAS, M. L. M.; COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do Bolsão Sul-Mato-Grossense. **Cerne**, v. 21, n. 4, p. 535-544, 2015.

PAGLIARINI, M. K.; KONRAD, E. C. G.; SILVA, F. C.; SILVA, M. S. C.; MOREIRA, J. P.; SATO, A. S.; MACHADO, J. A. R.; FREITAS, M. L. M.; AGUIAR, A. V.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação genética em caracteres de crescimento em progênies de *Dipteryx alata* Vog. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 112, p. 925-935, 2016.

PAZARAN, G. C. Genome-Assisted Prediction of Quantitative Traits Using the R Package sommer. **PLoS one**, v. 11, n. 6, p. e0156744, 2016.

PILON, N. A. L.; DURIGAN, G. Critérios para indicação de espécies prioritárias para a restauração da vegetação de cerrado. **Scientia Forestalis**, v. 41, n. 99, p. 389-399, 2013.

PILON, N. A. L.; UDULUTSCH, R. G.; DURIGAN, G. Padrões fenológicos de 111 espécies de Cerrado em condições de cultivo. **Hoehnea**, v. 42, n. 3, p. 425-443, 2015.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**. Piracicaba: Fealq, 2002.

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética florestal**. Viçosa: Arka, 2011.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna. Áustria: R Foundation for Statistical Computing. 2018. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 20 ago. 2018.

RAJORA, O. M.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. **Euphytica**, v. 118, n. 2, p. 197-212, 2001.

RAMALHO, A. B.; ROSSI, A. A. B.; DARDENGO, J. F. E.; ZORTÉA, K. É. M.; TIAGO, A. V.; MARTINS, K. C. Diversidade genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Floresta**, v. 46, n. 2, p. 207-214, 2016.

RAO, N. K. S.; SWAMY, R. D.; CHACO, E. K. Differentiation of plantlets in hybrid embryo callus of pineapple. **Scientia Horticultura**, v.15, p. 235-238, 1981.

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

RESENDE, M. D. V.; MAURO, R. de A. Genética de populações e conservação de animais silvestres. *In*: COSTA, B.C. **Fragmentação florestal e alternativas de desenvolvimento rural na região Centro-Oeste**. Campo Grande: UCDB, p. 75-112, 2003.

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência.** Viçosa: Suprema, 2014.

RESENDE, M. D. V.; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. *In: IUFRO Conference on Eucalyptus Plantations: Improving Fibre Yield and Quality, 1995, Hobart, Australia. Proceedings papers...*Sandy Bay: CRCTHF, 1995. p.167-170.

RESENDE, I. L. M.; SANTOS, F. P.; CHAVES, L. J.; NASCIMENTO, J. L. Estrutura etária de populações de *Mauritia flexuosa* L. f. (Arecaceae) de veredas da região central de Goiás, Brasil. **Revista Árvore**, v. 36, n. 1, p.103-112, 2012.

RESENDE, M. D. V. Correções nas expressões do progresso genético com seleção em função da amostragem finita dentro de famílias de populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim Pesquisa Florestal**, n. 22/23, p. 61-77, 1991.

RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa e de populações.** Viçosa, MG: Suprema, 2015.

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

RESENDE, M. D. V.; STURION, J. A.; CARVALHO, A. P.; SIMEÃO, R. M.; FERNADES, J. S. C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênies, indivíduos e clones.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. (Embrapa Florestas. Circular Técnica. 43).

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

ROCHA, M.G.B.; PIRES, I.E.; ROCHA, R.B.; XAVIER, A.; CRUZ, C.D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 3, n. 6, p. 977-987, 2007.

ROCHA, R. B.; ROCHA, M. G. B.; ROCHA, D.; TORRES, D.; NOVAES, R. M. L. Teste de procedência e progênies de Angico Vermelho (*Anadenanthera peregrina* (L.) Speg) visando o estabelecimento de pomar de sementes. **MG. BIOTA**, v. 2, n. 4, 2009.

RODRIGUES, E. B. **Variabilidade genética populacional em variedades botânicas de *Hancornia speciosa* Gomes. (Apocynaceae): estratégias para conservação no cerrado.** 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

ROHLF, F. J. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Zoology**, v.19, n.1, p.58-82, 1970.

SANT'ANA, V. Z.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T. D.; ZANATA, M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, M. A. D.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos em progênies de polinização aberta de *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong em Luiz Antonio, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 40, n. 3, p. 515-520, 2013.

SANTOS NETO, J.; DIAS, B. A. S. Crescimento e qualidade de mudas de diferentes progênies de *Parkia platycephala* Benth. In: Seminário de Iniciação Científica-UFPI, 26., 2017. Teresina. **Anais** [...]. Teresina: UFPI, 2017. p. 1-3. Disponível em: [https://sis.ufpi.br/26sic/documentos/resumos/modalidade/agrarias/CA\\_JOSE%20OS%20SANTOS%20NETO.pdf](https://sis.ufpi.br/26sic/documentos/resumos/modalidade/agrarias/CA_JOSE%20OS%20SANTOS%20NETO.pdf). Acesso em: 21 jun. 2020.

SANTOS, J. C.; LISBOA, G. S.; FRANÇA, L. C. J.; STEPKA, T. F.; SILVA, J. B. L.; MIRANDA, D. L. C.; CERQUEIRA, C. L. Relação entre variáveis meteorológicas e o uso e ocupação do solo no Sudoeste do Piauí, Brasil. **Revista Nativa**, v. 5, n. 6, p. 414-420, 2017.

SANTOS-FILHO, F. S.; SOARES, C. J. D. R. S.; SILVA, A. C. R.; QUEIROZ, Y. D. S.; SOUSA HONÓRIO, S.; SILVA, F. F. Síndromes de polinização e de dispersão das espécies lenhosas nos parques ambientais em Teresina, Piauí, Brasil. **Revista Equador**, v. 5, n. 3, p. 360-374, 2016. Edição Especial 2.

SEBBENN, A. M.; CARVALHO, A.; FREITAS, M.; CARVALHO, A. C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, S. M. B.; GAINO, A. P. S. C.; SILVA, J. M.; JOLIVET, C.; MORAES, M. L. T. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, v. 106, p.134-145, 2011.

SEBBENN, A. M.; ZANATTO, A. C. S.; ETTORI, L. C.; DIO JUNIOR, O. J. D. *Ex situ* genetic conservation of tree species at the São Paulo Forest Institute, Brazil. **Forest Genetic Resources**, v. 29, p. 27-33, 2001.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Seleção dentro de progênies de polinização aberta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae). visando à produção de sementes para recuperação ambiental. **Revista do Instituto Florestal**, v. 21, p. 27-37, 2009.

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

SEBBENN, A. M. Sistemas de reprodução em espécies tropicais e suas implicações para a seleção de árvores matrizes para reflorestamentos ambientais. In: HIGA, A.R.; SILVA, L.D. (Eds.). **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. FUPEF do Paraná, Curitiba, 2006. p. 93-138.

SEBBENN, A. M.; ETTORI, L. C. Conservação genética *ex situ* de *Esenbeckia leiocarpa*, *Myracrodruon urundeuva* e *Peltophorum dubium* em teste de progênes misto. **Revista Instituto Florestal**, v.13, n. 2, p. 201-211, 2001.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E.; MORAES, M. A. Conservação *ex situ* e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Revista Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 101-112, 2007.

SHIMIZU, J. Y.; KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênes de essências florestais**. Curitiba: EMBRAPA – URPFC, 1982.

SILVA, A. R.; MALAFAIA, G.; MENEZES, I. P. P. biotools: an R function to predict spatial gene diversity via an individual-based approach. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. gmr16029655, 2017.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênes de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SILVA, S. M. M.; MARTINS, K.; MESQUITA, A. G. G.; WADT, L. H. O. Parâmetros genéticos para a conservação de *Hymenaea courbaril* L. na Amazônia sulocidental. **Ciência Florestal**, v. 24, n. 1, p. 87-95, 2014.

SIQUEIRA, A. C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação dos recursos genéticos *ex situ* do cumaru (*Dipteryx alata*) Vog.- Leguminosae. **Revista do Instituto Florestal**, v. 5, n. 2, p. 231-243, 1993.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, p.30-40, 1962.

SOUSA, V. A.; AGUIAR, V. A.; MOURA, F. N.; MORAES, A. M.; MORAES, T. L. M.; SEBBENN, M. A. Fluxo gênico e estrutura genética espacial intrapopulacional e suas implicações para a coleta de sementes de espécies arbóreas tropicais. In: PIÑA-RODRIGUES, F.C.M.; FIGLIOLLO, M.B.; SILVA, A. **Sementes Tropicais Florestais: da ecologia à produção**. 2015. Londrina. Pr: ABRATES, 2015. p.128-152.

SOUZA JR., C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

SOUZA, L. M. F. I.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. Sistema de reprodução em população natural de *Chorisia speciosa* A. St.-Hil.(Bombacaceae). **Revista Brasileira de Botânica**, v. 26, n. 1, p. 113-21, 2003.

TAMBARUSSI, E. V. **Contemporary gene flow, mating system, and spatial genetic structure in a Jequitibá-rosa (*Cariniana legalis* Mart. Kuntze) fragmented population by microsatellite markers**. 2014. Tese (Doutorado em Recursos

Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.

TAMBARUSSI, E. V.; BOSHIER, D.; VENCOVSKY, R.; FREITAS, M. L. M.; SEBBENN, A. M. Inbreeding depression from selfing and mating between relatives in the Neotropical tree *Cariniana legalis* Mart. Kuntze. **Conserv Genet**, v. 18, p. 225–234, 2017.

TLIMAN, D.; MAY, R. M; LEHMAN, C. L.; NOWAK, M. A. Habitat destruction and the extinction debt. **Nature**, v. 371, n. 1, p. 65-66, 1994.

VAVILOV, N. I. Centres of origin of cultivated plants. **Bulletin of Applied Botany, of Genetics, and Plantbreeding**, v.16, n. 2, p. 248, 1926.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. *In*: KERR, W. C. (Coord.) **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramento, 1969. p. 17-37.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alogamas. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais-IPEF**, v. 35, p. 79-84, 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

VENCOVSKY, R.; NASS, L. L.; CORDEIRO, C. M. T. Amostragem em recursos genéticos vegetais. *In*: NASS, L. L. **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília. DF: Embrapa Cenargen, 2007. p.233-280.

VENCOVSKY, R.; PEREIRA, M.; CRISÓSTOMO, J. R.; FERREIRA, M. A. J. F. Genética e melhoramento em populações mistas. *In*: NASS, L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação, MT, 2001. p. 231-282.

VICINI, L.; SOUZA, A. M. **Análise multivariada da teoria à prática**. UFSM. Santa Maria. RS: 2005.

WEI, T.; SIMKO, V. Corrplot: Visualization of a correlation matrix. R package version 0.77. 2016. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=corrplot>>.

WICKHAM, H. The Split-Apply-Combine Strategy for Data Analysis. **Journal of Statistical Software**, v. 40, n. 1, p.1– 29, 2011.

WICKHAM, H.; FRANÇOIS, R.; HENRY, L.; MÜLLER, K. dplyr: A Grammar of Data Manipulation. 2019. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=dplyr> . Acesso em: 22 jan. 2020.

WICKHAM, H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. **Springer-Verlag New York**. 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-0-387-98141-3>. Acesso em: 15 fev. 2020.

WRIGHT, J.W. **Introduction to forest genetics**. New York: Academic, 1976.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 38, n. 1, p. 67-72, 2003.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T.; OLIVEIRA, M. Ganho esperado na seleção de progênies de polinização aberta de *Euterpe oleracea* para produção de frutos. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 109, p. 241-248, 2016.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 10, n.11, p.413-418, 1996.

ZARUMA, D. U. G.; CANUTO, D.; PUPIN, S.; CAMBUIM, J.; SILVA A.; MORI, E. S.; SEBBENN, A. L.; MORAES, M. L. T. Genetic variability in the provenance and progeny *Dipteryx alata* vogel for conservation genetics and seed production purposes. **Scientia Forestalis**, v. 43, n.107, p. 609-615, 2015.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984.