



## Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais em progênies de três procedências de *Parkia platycephala*

Karina Alves da Silva<sup>1\*</sup>, Eloisa Nogueira da Silva<sup>1</sup>, Maria Isabella dos Santos Pereira<sup>1</sup>,  
Andressa Cristina de Andrade Reis<sup>1</sup>, Romário Bezerra e Silva<sup>1</sup>, Séfora Gil Gomes de Farias<sup>1</sup>

**RESUMO:** *Parkia platycephala* Benth., espécie arbórea, pertencente à família Fabaceae, endêmica do Brasil, que devido seus atributos, possui grande importância em programas de restauração florestal, entre outros usos. Objetivou-se avaliar a variabilidade genética existente entre e dentro de populações naturais de *P. platycephala* a partir de caracteres juvenis em teste de procedências e progênies. O teste foi instalado em campo em blocos casualizados, composto por três procedências, 45 progênies, 40 repetições e uma planta por parcela. As plantas foram avaliadas aos seis anos de idade, quanto ao crescimento em altura, diâmetro ao nível do solo e sobrevivência. Existe variabilidade genética entre e dentro das populações, sendo maior dentro. As estimativas de parâmetros genéticos apontam que a base genética do teste é favorável, possibilitando a obtenção de ganhos na seleção em programas de melhoramento genético e futura transformação do teste em um pomar de sementes com fins ambientais.

**Palavras-chave:** fava de bolota, conservação genética, variabilidade genética

## Estimation of genetic parameters for silvicultural traits in progenies from three provenances of *Parkia platycephala*

**ABSTRACT:** *Parkia platycephala* Benth., a tree species belonging to the Fabaceae family, endemic to Brazil, which, due to its attributes, is of great importance in forest restoration programs, among other uses. The objective was to evaluate the genetic variability existing between and within natural populations of *P. platycephala* based on juvenile characters in provenance and progeny tests. The test was installed in the field in randomized blocks, consisting of three provenances, 45 progenies, 40 replications and one plant per plot. The plants were evaluated at six years of age for growth in height, diameter at ground level and survival. There is genetic variability between and within populations, being greater within. Estimates of genetic parameters indicate that the genetic basis of the test is favorable, making it possible to obtain gains in selection in genetic improvement programs and future transformation of the test into a seed orchard for environmental purposes.

**Keywords:** acorn fava, genetic conservation, genetic variability

## INTRODUÇÃO

O cerrado é o segundo maior bioma do Brasil, com a maior parte da área desmatada concentrada na região do MATOPIBA (região formada pelos Estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) com 72,5% da área de supressão nativa em 2021 (AZEVEDO et al., 2022). Este cenário contribui para redução da diversidade genética e potencial adaptativo das populações arbóreas, tornando-as mais vulneráveis a eventos ambientais (VIEGAS et al., 2011; BATISTA et al., 2012).

Diante desse cenário, conhecer a variabilidade genética das populações naturais e traçar ações que possam contribuir para restauração florestal e conservação *ex situ* das espécies, especialmente daquelas mais ameaçadas (RIBEIRO, RODRIGUES, 2006), torna-se necessário diante do avanço dos problemas ambientais e suas consequências.

Dentre as espécies de ocorrência no Cerrado, encontra-se a *Parkia platycephala* Benth., conhecida

como fava-de-bolota ou faveira, pertencente à família Fabaceae, abrange áreas de transição entre Cerrado a Caatinga (BULHÃO, FIGUEIREDO, 2002). A faveira exerce papel fundamental em programas de restauração florestal, assumindo o papel de fixadora de nitrogênio, facilitando o desenvolvimento de outras espécies (CRUZ, QUEIROZ, 2019).

Em vista disso, objetivou-se avaliar a variabilidade genética existente entre e dentro de populações naturais de *P. platycephala*, a partir de caracteres juvenis em teste de procedências e progênies, visando gerar informação para indicação de áreas para coleta e uso de sementes com fins ambientais, conservação e pré-melhoramento genético da espécie.

## MATERIAIS E MÉTODOS

### Origem do material genético para implantação do teste de procedências e progênies

As sementes utilizadas para produção das mudas e implantação do teste de procedências e progênies foram coletadas de 45 árvores matrizes de *Parkia platycephala* de polinização livre, oriundas de três populações naturais em áreas de transição Cerrado-Caatinga, no sudoeste do Piauí, sendo elas: Eugenópolis (EG), São Gonçalo (SG) e Bom Jesus (BJ). Em cada população, foram amostradas 15 árvores matrizes, distanciadas entre si no mínimo 100 m, que apresentavam características fenotípicas superiores como: aspectos sadios; copa bem desenvolvida e boa produção de frutos.

### Implantação do teste de procedências e progênies

O teste de procedências e progênies foi implantado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurguéia, pertencente a Universidade Federal do Piauí, localizada em Alvorada do Gurguéia-PI, região sudoeste do Estado do Piauí. O experimento foi disposto em delineamento de blocos ao acaso, em espaçamento 3 x 3,5 m, com 45 tratamentos (matrizes), 40 repetições e uma planta por parcela, totalizando 1800 plantas.

### Mensuração dos caracteres silviculturais

As progênies de *P. platycephala* foram avaliadas aos seis anos de idade, mensurando-se os caracteres silviculturais de crescimento, altura total (ALT, m) e diâmetro ao nível do solo (DNS, cm), com o auxílio de uma vara graduada e fita métrica para obtenção da circunferência ao nível do solo, que posteriormente foi transformado para DNS. Além da avaliação da sobrevivência (%) para avaliação da adaptação das plantas ao local de plantio.

### Estimativa de parâmetros genéticos

As análises foram realizadas utilizando-se o método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada) (RESENDE, 2007), e um modelo estatístico adequado para meios-irmãos (ou polinização aberta em espécies alógamas), com uma observação por parcela. Foram calculadas correlações fenotípicas, genéticas e ambientais.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos valores das herdabilidades individual e da média das progênies aos seis anos de idade, variaram entre 0,07 a 0,28 e entre 0,27 a 0,60, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1 - Estimativa de parâmetros genéticos de progênies de *Parkia platycephala* Benth. aos seis anos. Em que: Altura total (Ht); diâmetro ao nível do solo (DNS); herdabilidade individual no sentido restrito ( $h_a^2$ ); herdabilidade da média de progênies ( $h_m^2$ ); coeficiente de variação genética aditiva individual ( $CV_{gi}$ ); coeficiente de variação genotípica entre progênies ( $CV_{gp}$ ); coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ); Coeficiente de variação relativa ( $CV_r$ ); acurácia ( $r_{aa}$ ).

Parâmetros Genéticos	Ht (m)	DNS (cm)	Sobrevivência (%)
$h_a^2$	0,20	0,28	0,07
$h_m^2$	0,52	0,60	0,27
$CV_{gi}$ (%)	8,57	14,39	17,89
$CV_{gp}$ (%)	4,28	7,19	8,94
$CV_e$ (%)	18,34	26,04	64,64
$CV_r$	0,23	0,27	0,13
$r_{aa}$	0,72	0,77	0,52

De acordo com Resende et al. (1995), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre 0,01 e 0,15 são consideradas baixas, entre 0,15 e 0,50 medianas e acima a 0,50 são consideradas altas, nesse caso, as estimativas de herdabilidade para as variáveis analisadas são consideradas medianas. Canuto et al. (2015) em seu estudo sobre variabilidade genética em procedências e progênies de *Dipteryx alata*, aos 21 meses, obtiveram valores próximos ( $h_a^2$ ) de 0,07 a 0,29) observados para a espécie em estudo.

Os ( $CV_{gi}$ ) das variáveis mensuradas foram: 8,57, 14,39 e 17,89%, para Ht, DNS e sobrevivência, respectivamente (Tabela 1), considerados altos, pois conforme Sebbenn et al. (1999) um coeficiente de variação genético maior que 7% é classificado como alto, logo tais valores podem ser utilizados como

indicativos de sucesso na seleção de materiais genéticos. Tais resultados apontam para uma maior variabilidade genética existente entre os indivíduos avaliados, sendo possível selecionar indivíduos de uma progênie devido à variabilidade genética, indicando o potencial do teste de procedências e progênies para a formação de um pomar de sementes no futuro (CANUTO et al., 2015).

Os valores dos  $CV_{gp}$ (%) variaram entre 4,28 a 8,94%, sendo menor para a altura com 4,28% (Tabela 1). Comparando os valores de  $CV_{gi}$ (%) e  $CV_{gp}$ (%) observa-se maior variação dentro das populações do que entre, o que pode ser justificado pelo fato da *P. platycephala* ser alógama, polinizada predominantemente por morcegos (quiropterofilia)

(CHAVES et al., 2020), favorecendo o fluxo gênico (via pólen) entre as populações).

Segundo Gomes (1985), valores de  $CV_e$  (%) dentro do intervalo  $10\% \geq \leq 20\%$  são considerados moderados, indicando uma boa precisão nas estimativas dos parâmetros genéticos. Assim os valores do coeficiente de variação ambiental obtidos aos seis anos de idade estão próximos aos indicados, com exceção da variável sobrevivência: 10,34% para Ht, 26,04% para DNS e 64,64% para sobrevivência (Tabela 1). É importante considerar que os caracteres avaliados sofrem forte influência do ambiente, o que pode contribuir para uma maior variação nos valores, uma vez que o experimento envolve plantas em fase juvenil, tornando-as suscetíveis às condições ambientais, isso pode ter impactado as estimativas do  $CV_e$  (%), conforme enfatizado por Canuto et al. (2015). Sendo assim, espera-se em idades mais avançadas que as estimativas desse coeficiente se estabilize.

Fonseca et al. (2010), relataram que o ( $CV_r$  %), serve como ferramenta para identificação da variabilidade genética de uma população, não sendo afetado diretamente pela média das características. Conforme Resende et al. (2002), valores de 0 a 0,25 são baixos; entre 0,25 a 0,5 intermediários; entre 0,5 a 0,75, altos e acima de 0,75 muito altos. Para Vencovski, Barriga (1992) quanto mais próximo de 1 for o coeficiente de variação relativa, maior será o ganho genético favorecido pela seleção. Os resultados obtidos para Ht, DNS e sobrevivência foram de: 0,23; 0,27; 0,13, respectivamente, evidenciando que os resultados obtidos apresentam baixa magnitude (Tabela 1).

A acurácia é utilizada para informar sobre a posição dos genótipos para fins de seleção. Conforme a classificação de Resende et al. (2002), os valores obtidos podem ser considerados altos para as variáveis, sobrevivência (0,52) e Ht (0,72) e muito alto para DNS (0,77) (Tabela 1). Ainda segundo os autores, estimativas de acurácia maiores que 50% ( $r_{aa}$ ) indicam boa precisão na seleção dos genótipos e ganhos genéticos. Assim, quanto maior for o valor da acurácia observado, maior será o ganho genético esperado com a seleção (RESENDE et al., 1995).

## CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética entre e dentro das procedências, sendo maior dentro. As estimativas dos parâmetros genéticos apontam que a base genética do teste de procedências e progênies é favorável, isso possibilita a obtenção de ganhos na seleção em programas de pré-melhoramento genético e na transformação do teste em um futuro pomar de sementes com fins ambientais.

## AGRADECIMENTOS

Agradecemos o apoio da FAPEPI - Edital 004-2022 - PIBIC.

## REFERÊNCIAS

AZEVEDO, T.; ROSA, M. R.; SHIMBO, J. Z.; OLIVEIRA, M. G.; V., A. P.; LAMA, C.; TEIXEIRA, L. M. S. **Relatório Anual do desmatamento no Brasil 2021**. São Paulo: Mapbiomas, 2022. 126 p.

BATISTA, C. M.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. A.; ZANATTO, A. C. S.; SANTOS, P. C.; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênies de *Handroanthus vellosi*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 71, p. 269-276, 2012.

BULHÃO, C. F.; FIGUEIREDO, P. S. Fenologia de leguminosas arbóreas em uma área de cerrado marginal no nordeste do Maranhão. **Brazilian Journal of Botany**, v. 25, p. 361-369, 2002.

CANUTO, S. O.; ZARUMA, D. U. G.; MORAES, M. A.; SILVA, A. M.; MORAES, M. L. T.; 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.

CRUZ, E. D.; QUEIROZ, R. J. B. **Germinação de sementes de espécies amazônicas: faveira-preta (*Parkia platycephala* Benth.)**. Belém: Embrapa, 2019. 8 p.

CHAVES, S. R.; DOS SANTOS, R. R.; SILVA, A. L. G. Reproductive biology of *Parkia platycephala* Benth (Leguminosae, Caesalpinioideae, clado mimosoide). **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 79442-79458, 2020.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D.; **Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto**. Editora UFV: Viçosa. 2010. 200p.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Nobel, 1985. 466 p.

RESENDE, M. D. V. de. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista árvore**, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

RESENDE, M. D. V. de. **Selegen-Reml/Blup**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

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

---

RIBEIRO, R. A.; RODRIGUES, F. M. Genética da conservação em espécies vegetais do cerrado. **Revista de Ciências Médicas e Biológicas**, v. 3, n. 5, p. 253-260, jan. 2006.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; DIO JUNIOR, O. J. di. Variação genética entre e dentro de populações de amendoim-*Pterogyne nitens*. **Scientia Forestalis**, n. 56, p. 29-40, 1999.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

VIEGAS, M. P.; SILVA, C. L. S. P.; MOREIRA, J. P.; CARDIN, L. T.; AZEVEDO, V. C. R.; CIAMPI, A. Y.; FREITAS, M. L. M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Diversidade genética e tamanho efetivo de duas populações de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All., sob conservação ex situ. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 35, n. 4, p. 769-779, ago. 2011.