



RAUL REIS ASSUNÇÃO

**CRESCIMENTO INICIAL E DIVERSIDADE GENÉTICA EM
PROGÊNIES DE *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau
(BIGNONIACEAE)**

**LAVRAS - MG
2022**

RAUL REIS ASSUNÇÃO

**CRESCIMENTO INICIAL E DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE
Zeyheria tuberculosa (Vell.) Bureau (BIGNONIACEAE)**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em Silvicultura e Genética Florestal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Lucas Amaral de Melo
Orientador

Prof. Dra. Dulcinéia de Carvalho
Coorientadora

Dr. Adelson Lemes da Silva Júnior
Coorientador

**LAVRAS - MG
2022**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Assunção, Raul Reis.

Crescimento inicial e diversidade genética em progênies de *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau (Bignoniaceae) / Raul Reis Assunção. - 2022.

84 p. : il.

Orientador(a): Lucas Amaral de Melo.

Coorientador(a): Dulcinéia de Carvalho, Adelson Lemes da Silva Júnior.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Melhoramento genético florestal. 2. Diversidade genética. 3. Seleção precoce. I. de Melo, Lucas Amaral. II. Carvalho, Dulcinéia de. III. Silva Júnior, Adelson Lemes da. IV. Título.

RAUL REIS ASSUNÇÃO

**CRESCIMENTO INICIAL E DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE
Zeyheria tuberculosa (Vell.) Bureau (BIGNONIACEAE)**

**INITIAL GROWTH AND GENETIC DIVERSITY IN *Zeyheria tuberculosa* (Vell.)
Bureau (BIGNONIACEAE) PROGENIES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, área de concentração em Silvicultura e Genética Florestal, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 25 de fevereiro de 2022.

Prof. Dr. Lucas Amaral de Melo - UFLA
Prof. Dr. Adelson Lemes da Silva Júnior - UFLA
Dra. Viviane Maria Barazetti - UFLA
Prof. Dr. Enéas Ricardo Konzen - UFRGS

Prof. Dr. Lucas Amaral de Melo
Orientador
Prof. Dra. Dulcinéia de Carvalho – UFLA
Coorientadora
Dr. Adelson Lemes da Silva Júnior - UFLA
Coorientador

**LAVRAS - MG
2022**

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), à Escola de Ciências Agrárias de Lavras (ESAL) e ao Programa de Pós-graduação em Engenharia Florestal (PPGEF) pela oportunidade concedida para realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, assim como à Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e ao Serviço Florestal Brasileiro (SFB) pelo fomento à pesquisa.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, em Estatística e Experimentação Agropecuária e em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos valiosos ensinamentos transmitidos.

Ao professor Dr. Lucas Amaral de Melo pela orientação, competência e confiança, fundamentais para a realização deste trabalho e para meu crescimento profissional.

À professora Dra. Dulcinéia de Carvalho e ao professor Dr. Adelson Lemes da Silva Júnior, pela coorientação, disposição e entusiasmo em ajudar, pela amizade e por me conduzirem nas análises moleculares, de grande valia para a realização deste trabalho.

Ao professor Dr. Evandro Novaes e à Dra. Viviane Maria Barazetti, pela revisão científica, comentários e sugestões apresentadas em minha defesa de qualificação.

Ao professor Dr. Enéas Ricardo Konzen e ao professor Dr. Érick Martins Nieri, por se disporem a participar como membro na banca examinadora.

Aos colegas mais experientes, cientistas, professores e autores de obras científicas, que com seus esforços e dedicação, contribuíram para ampliação do conhecimento científico e conscientização sobre a forma de lidar com os recursos florestais.

Aos colegas e amigos pós graduandos, principalmente ao Me. Rodolfo Soares de Almeida, pelos conhecimentos repassados dentro e fora da disciplina de Melhoramento Florestal e ao Me. Anatoly Queiroz, pela participação nas atividades de campo.

Aos colegas e amigos da Iniciação Científica e aos técnicos do Departamento de Ciências Florestais da UFLA, pela preciosa ajuda na condução dos experimentos.

Aos meus familiares e amigos, especialmente aos meus pais Ramon Reis Assunção e Maria Aparecida Silva Assunção e à minha companheira Isis Gonçalves Viana Machado, pelo afeto, convivência diária, apoio e companheirismo durante esse tempo de dedicação às obrigações do mestrado.

“Somos os guardiões da Terra em muitos aspectos, e os humanos devem fazer parte daquilo que guardamos. Não somos jovens criaturas ativas; somos, de certo modo, como uma escola de filósofos benevolentes com pureza inumana e um grande desejo de servir à humanidade. As árvores são vitais para o homem e para a vida nesse planeta, e alguns de nós estão ansiosos por experimentar esse contato com alguns humanos antes que outros destruam o que temos construído.”

(Dorothy Maclean)

RESUMO

Apesar da ampla biodiversidade no Brasil, ainda é extremamente reduzido o número de espécies florestais nativas utilizadas em programas de melhoramento genético e de silvicultura. Por possuírem elevado valor econômico no mercado madeireiro, a exploração de espécies nativas em florestas naturais continua sendo mais usual que os plantios comerciais, reduzindo o número de indivíduos e a base genética das essências nativas. Dentre as espécies com elevado potencial para domesticação, destaca-se *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo), uma espécie da família Bignoniaceae, nativa dos biomas Mata Atlântica e Cerrado, classificada como vulnerável à extinção e que apresenta como características rápido crescimento, crescimento monopodial, boa forma de fuste, facilidade de produção de mudas e madeira de qualidade nobre. Visando contribuir para o melhoramento genético da espécie, o presente trabalho tem como objetivo estimar parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento inicial e quantificar a diversidade e estrutura genética em progênies de *Zeyheria tuberculosa*, como subsídio para seleção precoce e formação de pomar de sementes por mudas (PSM). O experimento, com 71 progênies, foi instalado no município de Ijaci-MG, em delineamento de blocos ao acaso, com 15 repetições, totalizando 1065 parcelas de planta única. Aos 15 e aos 21 meses de idade, foram coletados dados de altura (ALT), diâmetro à altura do solo (DAS) e sobrevivência (SOB%). Para cada uma das variáveis, foram estimados componentes de variância e valores genéticos pelo procedimento REML/BLUP, que maximiza os ganhos, além de considerar o parentesco entre os indivíduos. Para tanto, adotou-se o modelo 19 do *software* SELEGEN, aplicado para avaliação de progênies de polinização aberta. Com base na primeira avaliação, aos 15 meses, foram selecionados 96 indivíduos (12 famílias, com 8 indivíduos em cada) de maiores valores genéticos, que foram submetidos à análise molecular via marcadores ISSR. O valor de diversidade apresentados pelo índice de Nei (H^*) foi de 0,35 e pelo índice de Shannon (I^*) foi de 0,52, o que é considerado de intermediária à alta diversidade genética. Os dados obtidos indicaram grande diferenciação genética entre as progênies ($\Phi_{st} = 0,1991$), além disso, acusaram maior variação genética dentro (80,1%) do que entre (19,9%) progênies. Já com base na segunda avaliação, aos 21 meses, foram estimados componentes de variância e de média entre as progênies. As progênies diferiram para os caracteres de ALT e DAS, sendo que, a média geral para ALT foi de 1,64 m (de 0,64 a 3,38 m), enquanto para o DAS, a média geral foi de 3,79 cm (de 1,97 a 6,05 cm). O percentual de mortalidade foi de 52% e os coeficientes de variação residual ($CVe\%$), foram de 59,41% para ALT e 36,22% para DAS, indicando elevada interferência ambiental. Os valores de herdabilidade individual (h^2a) foram classificados como moderada magnitude para ALT (0,16) e DAS (0,46) e a acurácia de seleção foi maior para DAS (0,81) do que para ALT (0,62). Ao final, foram selecionados com base no DAS, três indivíduos com maiores valores genotípicos dentro de 41 famílias de efeitos genéticos positivos, resultando em ganhos genéticos superiores a 0,55 cm. O tamanho efetivo populacional (N_e) correspondente à seleção dos 121 indivíduos, foi de 122,54. As progênies analisadas nesse estudo revelam enorme potencial de comporem um PSM, tanto pelos satisfatórios valores preditos para ganho genético, quanto por apresentarem elevados valores de diversidade genética e de N_e , o que minimiza os riscos de depressão por endogamia ou perda de vigor.

Palavras-chave: Ipê-felpudo. Melhoramento Genético Florestal. Seleção Precoce. Diversidade Genética. Pomar de Sementes.

ABSTRACT

Despite the wide Brazilian biodiversity, the number of native forest species used in genetic breeding and forestry programs is still scarce. Even though its economic value for the timber market is recognized, their exploration in natural forests, mostly illegally, continues to be more common than commercial plantations, reducing the number of individuals and their genetic basis in natural biomes. Among numbers of species with high potential for domestication, *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo) stands out as a Bignoniaceae family species, native from the Atlantic Forest and Cerrado biomes, classified as vulnerable to extinction and which presents a series of favorable characteristics for domestication, such as: fast growth, monopodial growth, good stem shape, easy seedling production and wood of noble quality. With the purpose of contributing to its genetic breeding, the present work aims to estimate genetic parameters for initial growth's characters and to quantify the genetic diversity and structure in *Zeyheria tuberculosa* progenies, as a subsidy for early selection and seedling seed orchards formation. The experiment contains 71 progenies and was installed in the municipality of Ijaci-MG, in a randomized block design, with 15 replications, resulting in 1065 single-plant plots in total. At 15 and 21 months old, data on height (ALT), diameter at ground height (DAS) and survival (SOB%) were collected. For each of the variables, variance components and breeding values were estimated using the REML/BLUP procedure, which maximizes gains and considers the kinship between individuals. For that, the model 19 of SELEGEN software was adopted, which is applied to the evaluation of open pollinated progenies. Based on the first evaluation, at 15 months old, 96 individuals (12 families, with 8 individuals in each) with higher predicted genetic values were selected, which underwent molecular analysis via ISSR markers. The diversity values presented by the Nei index (H^*) was 0.35 and by the Shannon index (I^*) was 0.52, which is considered from intermediate to high genetic diversity. Results indicated great genetic differentiation between progenies ($\Phi_{st} = 0.1991$), in addition, the percentage of genetic variation was greater within (80.1%) than between (19.9%) progenies. Subsequently, based on the second evaluation, at 21 months old, variance and mean components between the progenies were estimated. The progenies showed a statistically significant difference for the characteristics of ALT and DAS, and the general average for ALT was 1.64 m (from 0.64 to 3.38 m), while for DAS, the general average was 3.79 cm (from 1.97 to 6.05 cm). The mortality percentage was 52% and the residual coefficients of variation ($CVe\%$) were 59.41% for ALT and 36.22% for DAS, indicating high environmental influence. Individual heritability values (h^2a) were classified as moderate magnitude for ALT (0.16) and DAS (0.46) and the selection accuracy was higher for DAS (0.81) than for ALT (0.62). In the end, three individuals with higher genotypic values within 41 families of positive genetic effects were selected based on the DAS, resulting in genetic gains greater than 0.55 cm. The effective population size (N_e) corresponding to the selection of 121 individuals was 122.54. The progenies analyzed in this study reveal enormous potential to compose a seedling seed orchard, both because of the satisfactory predicted values for genetic gain, and because they present high values of genetic diversity and N_e , which minimizes the risks of inbreeding depression or vigor losses.

Key words: Ipê-felpudo. Forest Genetic Breeding. Early Selection. Genetic Diversity. Seedling Seed Orchard.

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL.....	10
1	INTRODUÇÃO.....	11
2	OBJETIVOS E HIPÓTESE.....	14
2.1	Objetivo Geral.....	14
2.2	Hipótese.....	14
2.3	Objetivos específicos.....	14
3	REFERENCIAL TEÓRICO.....	15
3.1	Melhoramento genético florestal.....	15
3.2	Melhoramento genético de espécies florestais nativas.....	16
3.3	Teste de progênies e diversidade genética.....	17
3.4	Marcadores moleculares ISSR.....	18
3.5	Seleção via REML/BLUP.....	19
3.6	Pomar de sementes.....	20
3.7	<i>Zeyheria tuberculosa</i> (ipê-felpudo).....	21
3.7.1	Aspectos gerais.....	21
3.7.2	Ecologia, clima, solos e conservação.....	22
3.7.3	Silvicultura e propagação.....	23
3.7.4	Produtividade.....	24
3.7.5	Madeira e utilização.....	25
	REFERÊNCIAS.....	26
	CAPÍTULO 2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CRESCIMENTO INICIAL EM PROGÊNIES DE <i>Zeyheria tuberculosa</i> (Vell.) Bureau (BIGNONEACEAE)	32
1	INTRODUÇÃO.....	35
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	37
2.1	Área de estudo.....	37
2.2	Material genético.....	38
2.3	Tratos silviculturais.....	40
2.4	Mensuração florestal e análises estatísticas.....	40
2.5	Seleção precoce.....	41
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42

3.1	Características de crescimento inicial.....	42
3.2	Estimativas dos parâmetros genéticos.....	43
3.3	Seleção precoce para formação de pomar de sementes por mudas.....	46
4	CONCLUSÕES.....	52
	REFERÊNCIAS.....	53
	CAPÍTULO 3 DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Zeyheria</i> <i>tuberculosa</i> (Vell.) Bureau (BIGNONEACEAE)	56
1	INTRODUÇÃO.....	59
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	61
2.1	Área de estudo.....	61
2.2	Material genético.....	62
2.3	Tratos silviculturais.....	62
2.4	Mensuração florestal e seleção dos indivíduos para as análises moleculares.....	63
2.5	Extração de DNA.....	64
2.6	Amplificações ISSR.....	64
2.7	Análises estatísticas.....	65
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	68
3.1	Progênies selecionadas para análise molecular.....	68
3.2	Análise descritiva dos primers ISSR.....	69
3.3	Diversidade genética.....	71
3.4	Estrutura genética.....	72
4	CONCLUSÕES.....	78
	REFERÊNCIAS.....	79
	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	83

CAPÍTULO 1

INTRODUÇÃO GERAL

1 INTRODUÇÃO

Dentro de uma perspectiva ecológica, a restauração florestal deve priorizar a inclusão de espécies florestais nativas. Apesar da ampla biodiversidade no Brasil, ainda é extremamente reduzido o número de espécies nativas utilizadas em programas de melhoramento genético e de manejo (PIRES et al., 2011). A maior parte do esforço de pesquisa no país, nos últimos 50 anos, concentrou-se na adaptação de culturas florestais exóticas, que fez do Brasil grande potência no mercado florestal mundial.

A silvicultura brasileira utiliza quase exclusivamente dois gêneros florestais, sendo ambos exóticos: *Pinus* spp. e *Eucalyptus* spp., que juntos correspondem a 9,17 milhões de ha (96%) de florestas plantadas no Brasil (IBÁ, 2021). Por outro lado, o plantio de espécies arbóreas nativas, representado, principalmente, pela seringueira (230 mil ha), paricá (90 mil ha) e araucária (11 mil ha) ocupa menos de 3,5% em área de florestas nacionais plantadas (IBÁ, 2019). O potencial qualitativo latente das espécies nativas para a indústria madeireira é enorme, sendo que o elevado número de espécies arbóreas representa um expressivo acervo para a silvicultura brasileira. Após o banimento da extração de madeira de florestas primárias na Mata Atlântica, por decreto na década de 1990, quase toda a madeira legal advinda de floresta nativa é proveniente da Floresta Amazônica, sendo essa uma prática insustentável (PIOTTO et al., 2018), que diminui significativamente a oferta desse bem, enquanto a demanda segue aumentando (SOHNGEN; TIAN, 2016).

A constante exploração florestal irregular, desde séculos passados, causou elevada fragmentação das paisagens nos biomas nacionais, alterando os padrões de fluxo gênico e diminuindo o tamanho efetivo (N_e) das populações que, conseqüentemente, aumentou a deriva genética e o cruzamento entre indivíduos aparentados, o que conduz à ameaça de extinção local de diversas populações nativas (EL-KASSABY et al., 2019; GHAZOUL, 2005). Nesse sentido, estratégias de conservação genética e melhoramento devem ser elaboradas, visando a combinação de indivíduos contrastantes e aumento da variabilidade genética dessas espécies. Para iniciar programas de conservação e melhoramento genético, um dos primeiros passos é a criação de bancos de germoplasma, como são os testes de procedências e progênies, que, geralmente, possuem representativa variabilidade genética de determinada espécie. Além disso, a recombinação de material genético superior, visando a produção de híbridos de melhor qualidade genética também tem sido de grande importância para a ampliação da base genética (EL-KASSABY et al., 2019).

A domesticação e o plantio das espécies selvagens têm um papel importante na promoção de paisagens sustentáveis nos trópicos, pois além de suprir a demanda por madeira de alto valor comercial, ainda possibilita maior oferta de serviços ambientais, tais como a manutenção da biodiversidade e a recuperação de áreas degradadas (LAMB, 2014). Nesse sentido, buscar materiais genéticos que sejam mais produtivos e de fácil adaptação às condições de um determinado ambiente é papel do conservacionista e melhorista florestal, sendo de fundamental importância para a perpetuação das espécies florestais. Além disso, nos próximos anos, deve haver um incremento na demanda por sementes florestais com qualidade genética, devido às obrigações com a restauração ecológica e cumprimento da legislação ambiental (BRASIL, 2012).

Os trabalhos visando o conhecimento da variabilidade genética nas espécies arbóreas nativas estão apenas começando, isso indica que há muito a ser feito para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético das mesmas (PIRES et al., 2011). Também é importante conhecer os níveis de endogamia e tamanho efetivo dentro de progênies de polinização aberta, uma vez que esses parâmetros genéticos permitem estimar o tamanho de amostra necessário para obtenção de programas de melhoramento mais robustos (FERES et al., 2012). Para suprir essa demanda a baixo custo, recomenda-se a implantação de pomares de sementes por mudas (PSM), que podem ser estabelecidos a partir de testes de progênies (HIGA; SILVA, 2006), e permitem a estimativa de parâmetros genéticos, como variação genética, herdabilidades e acurácia.

Dentre as espécies com elevado potencial para programas de melhoramento, destaca-se o ipê-felpudo. *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau é uma árvore da família Bignoniaceae que ocorre principalmente na região sudeste, com registros no nordeste brasileiro (LOHMANN, 2015). É uma árvore semidecídua, com 6 a 35 m de altura e 30 a 90 cm de DAP, na idade adulta (LOHMANN; PIRANI, 1996). Possui tronco reto, cilíndrico e fuste com mais de dois terços da altura total da árvore e reúne uma série de características favoráveis à domesticação, como: rápido crescimento (1 a 2 m de altura por ano), grande porte, crescimento monopodial acentuado, boa desrama natural, boa competitividade e rusticidade, alta plasticidade, fácil propagação, altos índices de rebrota e reconhecido valor madeireiro. Seus valores de incremento médio anual (IMA), são compatíveis aos valores de crescimento de algumas espécies de eucalipto em testes de espécies e procedências (DRUMOND; OLIVEIRA; CARVALHO, 1998).

Portanto, o melhoramento das populações dessa espécie deve selecionar os indivíduos quanto a características de qualidade da madeira, incremento volumétrico, fuste retilíneo, menor ocorrência de bifurcações e outras características que facilitem os tratamentos silviculturais, como resistência a pragas e doenças. Informações sobre a espécie ainda são incipientes, havendo grandes lacunas do conhecimento sobre seu sistema reprodutivo, mecanismos de controle da polinização, fenologia, técnicas silviculturais apropriadas e métodos de propagação vegetativa, indicando que muito ainda há de ser feito para o seu melhoramento. O foco inicial deve ser dado ao conhecimento da estrutura genética, do tamanho efetivo populacional e da variação genética entre e dentro de populações.

2 OBJETIVOS E HIPÓTESE

2.1 Objetivo Geral

Este trabalho objetiva estimar parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento inicial e quantificar a diversidade e estrutura genética em progênies de *Zeyheria tuberculosa*, como subsídio para seleção precoce e formação de pomar de sementes por mudas (PSM).

2.2 Hipótese

Parte-se da hipótese de que por meio da seleção precoce baseada em valores genotípicos preditos, será viável a formação de pomar de sementes por mudas, com obtenção de ganhos genéticos e manutenção da diversidade genética.

2.3 Objetivos específicos

- a) avaliar o desempenho das progênies, por meio dos caracteres: altura (ALT), diâmetro à altura do solo (DAS) e sobrevivência (SOB%);
- b) estimar os parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial;
- c) selecionar os indivíduos com características genéticas superiores;
- d) quantificar a diversidade e estrutura genética entre e dentro das progênies;
- e) avaliar o potencial da população estabelecida em ser utilizada como PSM.

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Melhoramento genético florestal

O melhoramento genético de plantas é considerado uma das atividades mais antigas realizadas pelo homem (HALLAUER, 2011). Esta atividade se baseia na seleção e recombinação de material superior e divergente e busca selecionar os genótipos mais produtivos e de fácil adaptação às condições de um determinado ambiente, com maior tolerância a estresses bióticos e abióticos (HE et al., 2012; MARTINS et al., 2005), sem com isso comprometer a base genética da população, garantindo, assim, ganhos genéticos em longo prazo (GAPARE, 2014).

Contudo, o melhoramento necessariamente provoca um afinamento da base genética da população (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006), ou seja, ocorre a fixação e deriva de alguns alelos na população melhorada. Por isso, deve-se partir de altos níveis de diversidade genética para que se obtenha sucesso na manutenção do potencial evolutivo das populações no longo prazo (FREITAS et al., 2009). Por outro lado, os sucessivos ciclos de seleção e recombinação provocam quebras de blocos gênicos que são capazes de ampliar a variabilidade genética da população alvo. Deste modo, uma população melhorada será constituída por vários genótipos e apresentará maior estabilidade fenotípica (ALMEIDA, 2011).

De acordo com Zobel e Talbert (1994), o melhoramento florestal deve: a) determinar as espécies, ou populações dentro de uma espécie, que possam ser usadas em uma área; b) determinar as causas, a quantidade e a natureza da variabilidade dentro das espécies; c) produzir árvores que reúnam as combinações de características desejadas; d) produzir materiais melhorados para fins de reflorestamento; e e) desenvolver e manter uma população base suficientemente adequada (com alta variabilidade genética) para garantir o ganho genético e o desempenho das próximas gerações.

Todo programa de melhoramento genético necessita ter suas estratégias bem definidas, planejadas em curto, médio e longo prazo, conseguindo assim árvores melhoradas quanto à produtividade volumétrica de madeira, à forma de fuste, à resistência a doenças e condições ambientais diversas, às qualidades desejáveis de madeira para seus diferentes usos (ODA et al., 2007). Para tanto, é de essencial importância o conhecimento do produto final de interesse, do germoplasma disponível, dos fatores ambientais que interferem na expressão fenotípica e de metodologias de seleção e melhoramento, destacando-se o emprego eficiente das técnicas de

genética quantitativa (RESENDE, 2002). Uma das estratégias amplamente utilizada no melhoramento de espécies florestais se baseia na geração de híbridos superiores, em que a população híbrida apresenta heterose positiva, ou seja, cuja média de produção supera a média dos genitores e também do melhor genitor, quanto às características de interesse (FONSECA et al., 2010).

3.2 Melhoramento genético de espécies florestais nativas

A seleção massal ou fenotípica dos indivíduos superiores, ainda é a estratégia mais utilizada para compor os plantios comerciais e populações base para programas de melhoramento de espécies florestais nativas. Segundo Oliveira e Farias Neto (2008), essa estratégia apresenta resultados satisfatórios no início dos programas de domesticação de espécies florestais alógamas, dando suporte para estudos de variabilidade genética e estabelecimento de estratégias de melhoramento.

A maioria das espécies nativas possui alta variabilidade e, portanto, chances de ganhos com a seleção dentro de programas de melhoramento. De acordo com Dias e Kageyama (1991), grande parte da variação genética em espécies tropicais está contida dentro de populações, sendo, portanto, indicado coleta e manejo de material propagativo em reduzido número de populações, com grande número de representantes. Devido à baixa disponibilidade de sementes e mudas dessas espécies, destaca-se a importância de produção de sementes e propágulos com alto padrão de qualidade física, fisiológica e genética, em quantidade suficiente para atender a demanda das novas leis ambientais nacionais, que regulamentam o reflorestamento das áreas irregulares de preservação e reserva legal.

Ressalta-se também, a importância de se conhecer a biologia reprodutiva, fenologia, biologia floral e métodos de propagação dessas espécies, para que se possa viabilizar a produção de sementes e propágulos em maiores escalas, assim como desenvolver estudos de técnicas silviculturais apropriadas para cada espécie. Estes estudos também servirão de base para o entendimento sobre a estrutura genética das populações, tamanho efetivo populacional (N_e) e variação genética entre e dentro de populações (PIRES et al., 2011).

Alguns casos de sucesso com espécies florestais nativas são relatados na literatura, como por exemplo, para a *Hevea brasiliensis* (seringueira), onde se obteve consideráveis ganhos na produção de borracha seca (ARANTES et al., 2010); *Ilex paraguariensis* (erva-mate), com ganhos genéticos para a produção de massa foliar (STURION; STUEPP; WENDLING, 2017);

Schizolobium parahyba (paricá), selecionada para características de crescimento, forma de fuste, desrama natural e trabalhabilidade da madeira (ROCHA et al., 2009); dentre outras espécies ainda em estágio inicial de estudo, como *Jatropha curcas* (pinhão manso) (JUHASZ et al., 2010) e *Acrocomia aculeata* (macaúba) (MANFIO et al., 2011).

Apesar de incipientes, os resultados bem sucedidos no melhoramento destas espécies mostram possibilidades promissoras para a silvicultura de várias outras espécies nativas madeireiras e não madeireiras. Portanto, há de se incentivar os estudos que levem ao conhecimento das espécies nativas, assim como programas de melhoramento genético para fornecimento de materiais adequados para plantios tanto de recuperação de áreas, quanto para plantios comerciais.

3.3 Teste de progênes e diversidade genética

A maneira mais eficaz de aumentar o tamanho das populações nativas e conservar as árvores ameaçadas é plantar mudas obtidas de sementes colhidas na natureza em bancos de conservação genética *ex situ* (FALK; HOLSINGER, 1991), segundo estratégias adequadas de amostragem da diversidade genética das populações naturais, de forma a evitar o aumento da endogamia (YANG et al., 2018). A conservação *ex situ* é uma forma de conservação que, também, é a base para futuras seleções e visa reter ampla variabilidade genética de uma espécie em locais fora do seu habitat natural, como é o caso dos testes de procedências e progênes (SEBBENN, 2003). Esses testes representam uma oportunidade para explorar o potencial genético de espécies, procedências, populações ou genótipos (ŠIJACIĆ-NIKOLIĆ; MILOVANOVIĆ; NONIĆ, 2014).

Os testes de progênes consistem em plantios sistematizados, em que cada árvore mantém sua referência de origem, em termos de população e genitor. Estes testes devem possuir repetições suficientes para se estimar os parâmetros genéticos, como os coeficientes de variação genética, as herdabilidades, a acurácia seletiva e os ganhos de seleção, permitindo a conservação e melhoramento desse material genético (CANUTO et al., 2015). Podem, também, viabilizar a formação de pomares de sementes por mudas, após a seleção dos indivíduos com melhores desempenhos para características de interesse para silvicultura e produção madeireira e não madeireira. Em experimentos genéticos florestais, os testes de polinização aberta são os mais utilizados para estimar parâmetros genéticos. A vantagem que tem em relação aos testes

de polinização controlada, são os baixos custos além de atenderem aos objetivos de determinação da capacidade geral de combinação (SHIMIZU; KAGEYAMA; HIGA, 1982)

Contudo, é necessário manter alto tamanho efetivo populacional (N_e), para que a população mantenha suas características genéticas ao longo das gerações de melhoramento (SEBBENN, 2003; WILLI et al., 2007), sendo imprescindível elaborar estratégias adequadas de coleta de sementes (EL-KASSABY et al., 2019). Vencovsky (1986) afirma que para a manutenção de altos níveis de N_e , a coleta de germoplasma deve abranger o maior número de matrizes e não o maior número de indivíduos por matrizes. Além disso, esta deve ser realizada com controle genético feminino, ou seja, cada matriz contribuirá com o mesmo número de sementes. Valores de N_e entre 30 e 60 são adequados para o alcance do teto seletivo e minimizam os efeitos de endogamia a curto prazo (JAMIESON; ALLENDORF, 2012; LEONARDECZ NETO; VENCOVSKY; SEBBENN, 2003).

3.4 Marcadores moleculares ISSR

Os marcadores moleculares são empregados como forma complementar de detecção de variações genéticas, com a vantagem de serem identificados diretamente no genoma, aumentando o poder da análise genética das plantas (CAIXETA et al., 2009). Por definição, se referem a qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA, que pode corresponder a regiões expressas ou não do genoma (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998). Geralmente, os marcadores moleculares são utilizados em estudos de diversidade genética, melhoramento assistido, mapeamento genético, *fingerprinting*, reconhecimento e isolamento de genes, caracterização e identificação de variações genéticas (BORÉM; CAIXETA, 2009).

Os marcadores moleculares podem ser classificados em dois grandes grupos, sendo: a) marcadores dominantes: RAPD, AFLP, ISSR e em alguns casos os marcadores SCARs; e b) marcadores codominantes: RFLP, VNTR, SSR e SNP (MARCELINO et al., 2007). Os marcadores dominantes não distinguem entre o genótipo homozigoto dominante (AA) do heterozigoto (Aa), sendo o genótipo homozigoto recessivo (aa) identificado pela ausência de banda. Já os marcadores codominantes fazem a discriminação entre as duas ou mais formas genotípicas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011; MARCELINO et al., 2007).

Entre as classes de marcadores moleculares disponíveis, os marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) possuem caráter dominante, não necessitam de informação prévia da

sequência de DNA, analisam um grande número de locos, são universais e com baixo custo de desenvolvimento (NG; TAN, 2015). Por serem marcadores dominantes são menos informativos que os marcadores codominantes. No entanto, diferentemente dos marcadores codominantes, podem ser utilizados em diversas espécies, mesmo sem haver o conhecimento prévio de suas sequências genômicas.

Os ISSR são regiões genômicas de 100 a 3.000 pb, amplificadas via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) flanqueadas por sequências microssatélites, onde primers contendo sequências simples repetidas se anelam (FALEIRO, 2007). Assim como o próprio nome diz, os marcadores ISSR anelam-se dentro das repetições e amplificam as regiões genômicas entre os microssatélites (GUIMARÃES et al., 2009).

Marcadores ISSR têm sido empregados em estudos genéticos de populações florestais (WILLIAMS et al., 1990), para a caracterização da diversidade genética (BRANDÃO et al., 2015; SALIMATH et al., 1995; SILVA JÚNIOR et al., 2017; TEIXEIRA et al., 2020), dentre diversos outros usos. A utilização dos marcadores ISSR exerce a vantagem sobre outros marcadores moleculares, superando, por exemplo, os problemas do elevado custo do AFLP, baixa reprodutibilidade do RAPD e a limitação dos SSRs por serem específicos à espécie destinada (IDREES; IRSHAD, 2014).

3.5 Seleção via REML/BLUP

A seleção atua no sentido de promover a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção, conduzindo à alteração na média genotípica da população, na direção desejada. Para isso, deve-se cumprir com duas etapas básicas: 1) predição do valor genético, ou genotípico, dos indivíduos; e 2) a decisão sobre a melhor forma de utilização dos indivíduos com os maiores valores genéticos preditos, seja para uso em plantios comerciais ou para realização de novos cruzamentos (PIRES et al., 2011).

Segundo Resende (1999), a seleção é, provavelmente, o tema de maior relevância no melhoramento de espécies perenes, sendo caracterizado pelos seguintes critérios: a) objetivo do melhoramento; b) critérios de seleção; c) avaliação genética; d) predição de valores genéticos; e) unidade de seleção; f) unidade de recombinação; g) métodos de seleção; h) população melhorada; e i) sistema de seleção para mais de uma característica. A seleção envolvendo vários caracteres pode ser conduzida, basicamente por três vias de seleção: a) seleção em tandem, não recomendada para espécies perenes de ciclo longo; b) seleção com base nos níveis

independentes de eliminação, que, aumenta as chances de ocorrer deriva genética para níveis mais rigorosos de seleção; e c) índice de seleção, sendo esse o método mais eficiente, que proporciona ganhos simultâneos para todas as características consideradas e, ainda, evita perda de variabilidade genética (PIRES et al., 2011).

Um dos principais obstáculos na prática do melhoramento genético de espécies florestais é o tempo necessário para completar um ciclo de seleção e recombinação de indivíduos para características quantitativas e que se expressam somente em idades mais avançadas, e a dificuldade em selecionar de uma forma eficiente a ponto de indivíduo (QUOIRIN; VIEIRA, 1995). Nesse sentido, é interessante realizar a seleção precoce, em que os caracteres são avaliados em idades prévias à rotação (RESENDE, 1995). A seleção precoce pode diminuir o tempo requerido para avaliação e seleção, maximizando os ganhos genéticos por unidade de tempo (REZENDE et al., 1994). No entanto, deve-se ter atenção, pois nem sempre a avaliação em idade precoce representa adequadamente os resultados em idade de corte.

Dentre os métodos disponíveis para estimação de valores genéticos, o BLUP (melhor predição linear não viesada) propicia o maior ganho genético possível em um ciclo de seleção, sendo, na pior das hipóteses, igual aos outros métodos. Esse método ajusta os dados para os efeitos ambientais e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção (RESENDE, 2002). Para aplicação do BLUP são necessárias estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos.

O melhor procedimento para estimação desses componentes de variância é o REML (máxima verossimilhança residual ou restrita), sendo superior ao método ANOVA (análise de variância) em situações de dados desbalanceados. Portanto, o procedimento ótimo de avaliação genética é o REML/BLUP, o qual também é denominado uma metodologia de modelos mistos (PIRES et al., 2011; RESENDE, 2007).

3.6 Pomar de sementes

Após a seleção dos indivíduos superiores em um teste de progênies, por meio do desbaste dos indivíduos indesejados, as matrizes selecionadas passam a se caracterizar como um pomar de sementes. Nesse caso, as sementes produzidas serão frutos de cruzamentos dos melhores indivíduos das melhores famílias (HIGA; SHIMIZU, 1981).

Por definição, pomar de sementes são uma plantação clonal ou por mudas, de árvores selecionadas geneticamente e isoladas da polinização de fontes externas geneticamente inferiores (ZOBEL et al., 1958). Para que se tenha êxito em programas de reflorestamento com espécies nativas, seja para conservação ou para produção florestal, é primordial que se tenha acesso a sementes de qualidade genética superiores.

Para a criação de um pomar de sementes, é importante considerar o objetivo de uso das sementes, seja para produção de madeira, para reflorestamento, ou ainda para conservação da espécie, obtendo assim, a melhor qualidade possível das sementes após alto grau de seleção (HOPPE et al., 2004). Em todos os casos, destaca-se a importância de conservar o potencial evolutivo das populações, sendo, portanto, essencial que se mantenha ampla a base genética nos pomares (SEBBENN, 2002).

3.7 *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo)

3.7.1 Aspectos gerais

Zeyheria tuberculosa (Vell.) Bureau é uma árvore da família Bignoniaceae, conhecida como ipê-felpudo, ipê-tabaco, ipê-cabeludo, ipê-cascudo, ipê-combuca, bolsa-de-pastor, bucho-de-boi, ipê-preto e marfim. Ocorre principalmente na região Sudeste, com registros, também, no Nordeste e Centro-Oeste do Brasil (Figura 1.1) (LOHMANN, 2015) e na Bolívia (KILLEAN; GARCIA; BECK, 1993).

É uma árvore semidecídua, com 6 a 35 m de altura e 30 a 90 cm de DAP, na idade adulta (LOHMANN; PIRANI, 1996). Possui tronco reto, cilíndrico e fuste com mais de dois terços da altura total da árvore. Casca cinza clara com espessura de até 5 cm, profundamente sulcada e muito fissurada, formando longas cristas longitudinais. Sua pilosidade reveste toda a planta, dando origem ao nome popular ipê-felpudo. A espécie floresce entre os meses de outubro a janeiro, sendo que os frutos amadurecem entre os meses de maio a junho, em Minas Gerais (LOPES; FERREIRA; BRANDÃO, 1996). É uma planta hermafrodita, polinizada por abelhas (SOUZA et al., 2017) e entra em estágio reprodutivo a partir de três anos de idade (VIANA, 1982).

A espécie reúne uma série de características favoráveis à domesticação, como: rápido crescimento (1 a 2 m de altura por ano), grande porte, crescimento monopodial acentuado, boa desrama natural, boa competitividade e rusticidade, alta plasticidade, fácil propagação seminal, altos índices de rebrota e reconhecido valor madeireiro. Além disso, segundo Jesus e Garcia

(1992), a espécie é pouco exigente quanto à nutrição e à fertilidade do solo e possui baixa incidência de pragas e doenças, formando naturalmente populações homogêneas numerosas. Apesar do seu potencial promissor, em algumas áreas de ocorrência natural, populações de *Z. tuberculosa* são ameaçadas de extinção devido ao extrativismo predatório (LUZ; FERREIRA, 1985).

Figura 1.1 – Mapa de ocorrência natural de *Zeyheria tuberculosa* no território brasileiro.



Fonte: CARVALHO (2005).

3.7.2 Ecologia, clima, solos e conservação

A espécie *Z. tuberculosa* é classificada como pioneira (SILVA; SOARES, 2002) a secundária inicial (JESUS, 1997). Apesar de surgir nas fases iniciais da sucessão ecológica, ocupa o estrato dominante do dossel, tanto em florestas pluviais, quanto em florestas estacionais semidecíduais e possui alta longevidade. Prefere os topos de morro, encostas íngremes, matas secas, bordas de mata de galeria, capoeiras e pastagens, evitando fundos de vales e baixadas úmidas (LUZ; FERREIRA, 1985). Além disso, está adaptada a diferentes tipos climáticos, como tropical seco no interior, úmido no litoral, frio ao sul, prolongadas estiagens em topos de serras e até geadas (LUZ; FERREIRA, 1985). Em suas áreas de ocorrência, a pluviosidade

média anual varia de 850 mm, na Bahia, a 1.700 mm, no Rio de Janeiro. Já a temperatura média anual, varia de 17,7°C, em Teresópolis – RJ, a 24,2°C em Vitória – ES (CARVALHO, 2005). Os tipos climáticos (Köppen) dessas regiões são: tropical quente (Am e Aw), mesotrópico úmido (Cwa) e subtropical de altitude (Cwb e Cfa) (ALVARES et al., 2013).

Quanto ao tipo de solo, a espécie é pouco exigente, com resultados satisfatórios de crescimento em solo de baixa fertilidade química e com textura franco-arenosa (JESUS; GARCIA, 1992), preferindo, no entanto, solo fértil, profundo, bem drenado e com textura franca a argilosa. É encontrada em latos solos, solos podzolizados e cambissolos, inclusive em solos rasos e afloramentos rochosos originários de granitos, gnaisses, filitos, quartzitos e calcários (LUZ; FERREIRA, 1985).

A conservação genética da espécie é justificável devido à exploração irracional num passado recente. A espécie encontra-se como vulnerável na lista de plantas ameaçadas de extinção (IUCN, 2022) e participa de programas de conservação *in situ* e *ex-situ* no estado de São Paulo (VIANA, 1982). Estudos de melhoramento genético estão sendo realizados pela Embrapa Florestas no Espírito Santo, Paraná e Minas Gerais (CARVALHO, 2005), sendo ainda incipientes e com elevada demanda para potencializar resultados de crescimento e qualidade da madeira em futuros plantios para fins comerciais.

3.7.3 Silvicultura e propagação

Ipê-felpudo possui sementes ortodoxas, que mantém a viabilidade inicial durante 18 meses, quando armazenadas em câmara fria e seca. Recomenda-se a semeadura direta em sacos de polietileno ou tubetes grandes. Possui raízes pivotantes profundas e poder germinativo de até 90%. As mudas atingem desenvolvimento suficiente para plantio em campo com quatro meses após a semeadura. A espécie também se propaga por estacas de ramos e raízes (CARVALHO, 2005).

É considerada uma espécie heliófila, adaptando-se bem a uma faixa ampla de sombreamentos, desde condições de pleno sol até 82% de sombra, preferindo, no entanto, sombreamentos de até 42%. (ENGEL; POGGIANI, 1990). Quando jovem não tolera frio extremo. Apresenta crescimento monopodial acentuado, principalmente na fase juvenil, quando as folhas fazem o papel de copa, sem ocorrer emissão de ramos laterais. Possui boa desrama natural, formando fustes retilíneos com mais de dois terços da altura total da árvore, mesmo a

pleno sol, mas não dispensa as desramas artificiais (LUZ; FERREIRA, 1985; ROLIM et al., 2018).

Pode ser plantada em plantios puros ou mistos, a pleno sol, com sombreamento parcial, ou como tutora de espécies secundárias e clímax. É também viável em plantios agroflorestais, como arborização de culturas agrícolas ou pastagens (BAGGIO; CARPANEZZI, 1988). Em Minas Gerais, a espécie é recomendada para o sombreamento em pastagens (LOPES; FERREIRA; BRANDÃO, 1996). Ducatti (2019), sugere que plantios puros adensados, ou em consórcio entre espécies que apresentam arquitetura similar, podem favorecer o crescimento inicial em altura, e ainda contribuir para a formação de fustes mais retilíneos, com menos bifurcação, características que são essenciais para produção de madeira para serraria. Porém, quando sombreada em consórcios, seu fuste tende a entortar em busca de luminosidade (ROLIM et al., 2018).

Há relatos de plantios experimentais com elevado número de falhas pós-plantio (de 6,3% a 30,5%) para *Z. tuberculosa*, (CARVALHO, 2003; MENDONÇA et al., 2017), o que demonstra o quanto as práticas silviculturais adequadas são fundamentais para o desempenho da espécie, mesmo sendo considerada espécie rústica e invasora de áreas degradadas (VIANA, 1982). Os autores também destacam a elevada frequência de fustes retilíneos em plantios avaliados nos municípios de Sooretama e Linhares, ES.

A elevada variação de crescimento entre os indivíduos é esperada para essências nativas, que de maneira geral, ainda não passaram por programas de melhoramento genético. Isso indica a importância da escolha por plantios mais adensados, para posterior seleção via desbastes. Além do mais, o investimento em programas de melhoramento genético é um passo prioritário para ampliar a homogeneidade dos plantios e obter ganho de produtividade (DUCATTI, 2019).

3.7.4 Produtividade

O crescimento do ipê-felpudo varia de moderado a rápido, apresentando alta variabilidade. Em Linhares – ES, os modelos mostram uma tendência de crescimento até 35 anos, quando o volume foi estimado em $240 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1}$ para $523 \text{ árvores} \cdot \text{ha}^{-1}$, com DAP médio de 27,9 cm e uma altura do fuste de 10,7 m. O incremento médio anual (IMA) em volume nessa idade é estimado em $6,8 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1} \cdot \text{ano}^{-1}$, o IMA em diâmetro de $0,80 \text{ cm} \cdot \text{ano}^{-1}$ (ROLIM et al., 2018). Mendonça et al. (2017) demonstraram que a espécie atingiu 18,4 cm de DAP e volume estimado de $104 \text{ m}^3 \cdot \text{ha}^{-1}$ para $523 \text{ árvores} \cdot \text{ha}^{-1}$ aos 21 anos de idade. Estima-se que com tratos

silviculturais adequados, solos de boa fertilidade e precipitação média de 1600 mm, a espécie possa alcançar 30 cm de DAP, entre 25 e 30 anos (ROLIM al., 2018). Os valores são compatíveis aos valores de crescimento de algumas espécies de eucalipto em testes de espécies e procedências (DRUMOND; OLIVEIRA; CARVALHO, 1998).

3.7.5 Madeira e utilização

Além do uso paisagístico e para recuperação e conservação da flora nativa, o ipê-felpudo possui como principal produto a madeira serrada e roliça. A espécie é indicada para uso imobiliário, na construção de estrutura de casas e telhados, pisos e paredes de tábuas; obras externas, como pontes; e atividades agropecuárias, tais como cercas, mourões, postes, currais, paióis, cabos de ferramenta e implementos agrícolas, principalmente em pequenas propriedades rurais. Possui, também, alto poder calorífico, sendo útil para lenha e carvão (LUZ; FERREIRA, 1985).

Sua madeira é dura e moderadamente densa (0,75 a 0,80 g.cm⁻³) (MAINIERI, 1970), com cerne castanho-amarelado e alburno espeço de coloração bege claro. A superfície da madeira é irregular, lustrosa, lisa ao tato, grã direita, cheiro imperceptíveis, gosto ligeiramente amargo. Possui boa estabilidade, sem tendência a empenamentos. Demonstrou boa trabalhabilidade em testes de aplainamento, furação, lixamento e rasgo lateral (ROLIM et al., 2018). Sua durabilidade natural é alta, resistente e flexível. Portanto, programas de melhoramento da espécie devem visar ganhos genéticos em características como, crescimento vegetativo, retidão, desrama natural, resistência a pragas e doenças, assim como densidade e trabalhabilidade da madeira.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, E. V. **Avaliação da variabilidade genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* (Fr. All) na baixada cuiabana**. 2011. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) – Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, 2011. 49 f.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2013.
- ARANTES, F. C. et al. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45: p.1419–1424, 2010. 10.1590/S0100-204X2010001200012.
- BAGGIO, A. J.; CARPANEZZI, O. B. Alguns sistemas de arborização de pastagens. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 17, p. 47-60, 1988.
- BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Editora Jard, 2009. p. 11-101.
- BRANDÃO, M. M. et al. Genetic diversity of neotropical tree *Myrcia splendens* (Myrtaceae) in a fragment-corridor system in the Atlantic rainforest. **Flora**, v. 216, p. 35-41, 2015.
- BRASIL. **Decreto nº 7.830**, de 17 de outubro de 2012. Dispõe sobre o Sistema de Cadastro Ambiental Rural, o Cadastro Ambiental Rural, estabelece normas de caráter geral aos Programas de Regularização Ambiental, de que trata a Lei n o 12.651, de 25 de maio de 2012, e dá outras providências. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília, out. 2012.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento Genético de Plantas**: princípios e procedimentos. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006. 319 p.
- CAIXETA, E. T. et al. Tipos de Marcadores Moleculares. *In*: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Orgs.). **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora Jard, 2009. p. 11-101.
- CANUTO, D. S. O. et al. 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.
- CARVALHO, P. E. R. **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 1039, 2003.
- CARVALHO, P. E. R. **Ipê felpudo**. Circular técnica, EMBRAPA. Colombo, PR, 2005.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011.
- DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Variação genética em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Agrotrópica**, v.3, n.3, p.119-127, 1991.

DRUMOND, M. A.; OLIVEIRA, V. R.; CARVALHO, O. M. Comportamento silvicultural de espécies e procedências de *Eucalyptus* na região dos Tabuleiros Costeiros do Estado do Sergipe. **Revista Árvore**, v. 22, n. 1, p. 137-142, 1998.

DUCATTI, M. **Desempenho silvicultural de espécies nativas em plantações florestais no interior do estado de São Paulo**. 2019. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – UNESP, Botucatu, 2019. 86 f.

EL-KASSABY, Y. A. et al. Concept for gene conservation strategy for the endangered Chinese yellowhorn, *Xanthoceras sorbifolium*, based on simulation of pairwise kinship coefficients. **Forest Ecology and Management**, v. 432, p. 976-982, 2019.

ENGEL, V. L; POGGIANI, F. Influência do sombreamento sobre o crescimento de mudas de algumas nativas e suas implicações ecológicas e silviculturais. **Revista IPEF**, n. 43/44, p. 1-10, 1990.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007.

FALK, D. A.; HOLSINGER, K. E. **Genetics and Conservation of Rare Plants**. Oxford: Oxford University Press, 1991.

FERES, J. M. et al. Mating system parameters at hierarchical levels of fruits, individuals and populations in the Brazilian insect- pollinated tropical tree, *Tabebuia roseo - alba* (Bignoniaceae). **Conservation Genetics**, v. 13, n. 2, p. 393-405, 2012.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introducción al uso de marcadores moleculares em el analisis genético**. Brasília: Embrapa - Cenargen, 1998.

FONSECA, S. M. et al. **Manual prática de melhoramento genético do eucalipto**. Viçosa: UFV, 2010. 200 p.

FREITAS, R. D. et al. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, v.33, n. 2, p. 255-263, 2009. 10.1590/S0100-67622009000200007

GAPARE, W. J. Merging applied gene conservation activities with advanced generation breeding initiatives: a case study of *Pinus radiata* D. Don. **New forests**, 2014, v. 45, n. 3, p. 311-331. 10.1007/s11056-013-9398-0.

GHAZOUL, J. Pollen and seed dispersal among dispersed plants. **Biological Reviews**, v.80, n. 3, p. 413-443, 2005.

GUIMARÃES, C. T. et al. Marcadores moleculares no melhoramento. *In*: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Orgs.). **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora Jard, 2009. p. 129-175.

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 197-206, 2011. 10.1590/S1984-70332011000300001

HE, X., et al. Quantitative genetics of cold hardiness and growth in Eucalyptus as estimated from *E. urophylla* × *E. tereticornis* hybrids. **New forests**, v. 43: p. 383-394, 2012. 10.1007/s11056-011-9287-3

HIGA, A. R.; SHIMIZU, J. Y. Produção de sementes melhoradas de essências florestais. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 3, n. 3, p. 19-25, 1981.

HIGA, A. R., SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. 1. ed. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006.

HOPPE, J. M. et al. **Produção de Sementes e Mudanças Florestais**. Caderno Didático 1, p. 388, 2004.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES – IBÁ. **Relatório**. Brasília, 2019, p.78.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES – IBÁ. **Relatório anual IBÁ**. Brasília, 2021, p. 178.

IDREES, M.; IRSHAD, M. Molecular markers in plants for analysis of genetic diversity: a review. **European Academic Research**, v. 2, n. 1, p. 1513-1540, 2014.

IUCN – International Union for Conservation of Nature. World Conservation Monitoring Centre. 2002. *Zeyheria tuberculosa*. **The IUCN Red List of Threatened Species 1998: e.T32976A9739669**.

JAMIESON, I. G.; ALLENDORF, F. W. How does the 50/500 rule apply to MVPs?. **Trends in Ecology and Evolution**, v.27, p. 578-584, 2012. doi: 10.1016/j.tree.2012.07.001.

JESUS, R. M.; GARCIA, A. Teste de espaçamento com *Zeyhera tuberculosa* (Vell.) Bur.: crescimento aos 48 meses de idade. **Revista do Instituto Florestal**, v. 4, p. 719-724, 1992.

JESUS, R. M. **Restauração florestal na mata atlântica**. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS, 3, 1997, Ouro Preto. Do substrato ao solo: trabalhos voluntários. Viçosa: UFV, 1997. p. 554-557.

JUHASZ, A. C. et al. Parâmetros genéticos e ganho com a seleção para populações de pinhão manso (*Jatropha curcas* L.). **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 61, p. 25-35, 2010. 10.4336/2010.pfb.30.61.25

KILLEAN, T. J.; GARCIA, E. E.; BECK, S. G. **Guia de Árvores de Bolívia**. St. Louis: Missouri Botanical Garden, 1993.

LAMB, D. **Large scale forest restoration**. 1. ed. Routledge: The Earthscan Forest Library, 2014.

LEONARDECZ NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para competição entre plantas em teste de progênies e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, v.63, p. 136-149, 2003.

- LOHMANN, L. G. **Bignoniaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2015. Disponível em:
<<http://floradobrasil2015.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB112305>>.
- LOHMANN, L. G.; PIRANI, J. R. Tecomeae (Bignoniaceae) da cadeia do Espinhaço, Minas Gerais e Bahia, Brasil. **Acta Botânica Brasileira**, v. 10, n. 1, p. 103-138, 1996.
- LOPES, B. C.; FERREIRA, M. B. D.; BRANDÃO, M. Sombreamento em pastagens: espécies recomendadas para as diversas regiões do Estado de Minas Gerais. **Daphne**, v. 6, n. 4, p. 7-15, 1996.
- LUZ, H. F.; FERREIRA, M. Ipê-felpudo (*Zeyhera tuberculosa* (Vell) Bur.): essência nativa pioneira com grande potencial silvicultural. **IPEF**, n. 31, p. 13-21, 1985.
- MAINIERI, C. **Madeiras brasileiras: características gerais, zonas de maior ocorrência, dados botânicos e usos**. São Paulo: Instituto Florestal, 1970.
- MANFIO, C. E. et al. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativa de parâmetros genéticos e diversidade. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2011.
- MARCELINO, F. C. et al. Ferramentas biotecnológicas aplicadas à cultura da soja. **Circular Técnico 47**, Londrina: Embrapa soja, 2007. p. 6.
- MARTINS, I. S. et al. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Cerne**, v. 11, p. 16-24, 2005.
- MENDONÇA, G. C. D. et al. Avaliação silvicultural de dez espécies nativas da Mata Atlântica. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 1, p. 277-290, 2017.
- NG, W. L.; TAN, S. G. Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Markers. **ASM Science Journal**, v. 9, p. 30-39, 2015.
- ODA, S. et al. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. **Biotecnologia Florestal**. Viçosa: UFV, 2007. p. 51-71.
- OLIVEIRA, M. S. P., FARIAS NETO, J. T. Seleção massal em açazeiros para a produção de frutos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 49: p. 145-156, 2008.
- PIOTTO, D. et al. Sistemas silviculturais com espécies nativas na mata atlântica: panorama, oportunidades e desafios. In: ROLIM, S. G; PIOTTO, D. **Silvicultura e tecnologia de espécies da mata atlântica**. Belo Horizonte: Rona, 2018, p.9-19.
- PIRES, I. E. et al. **Genética Florestal**, 1. ed., Viçosa, MG: Editora Arka, 2011.
- QUOIRIN, M.; VIEIRA, R. C. Rhizogenesis and nodule formation from callus of *Eucalyptus grandis*, and *E. grandis* x *urophylla*. **Arquivos de Biologia e Tecnologia**, v. 38, n. 3, p. 793-798, 1995.

RESENDE, M. D. V. 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. Melhoramento de essências florestais. *In*: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p. 589-648.

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

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

REZENDE, G. D. S. P. et al. Eficiência da seleção precoce na recomendação de clones de eucalipto avaliados no norte do Espírito Santo e sul da Bahia. **Cerne**, v. 1, n. 1, p. 45-50, 1994.

ROCHA, R. B. et al. Avaliação genética de procedências de bandarra (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita/Melhor predição linear não viciada). **Scientia Forestalis**, v. 37, n. 84, p. 351-358, 2009.

ROLIM, G. R. et al. Modelos biométricos para plantios silviculturais com múltiplas espécies na Mata Atlântica do nordeste do Espírito Santo. *In*: ROLIM, S. G.; PIOTTO, D. **Silvicultura e tecnologia de espécies da mata atlântica**. Belo Horizonte: Rona, p. 9-19, 2018.

SALIMATH, S. S. et al. Assessment of genome origins and genetic diversity in the genus *Eleusine* with DNA markers. **Genome**, v. 38, p. 757-763, 1995.

SEBBENN, A. M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n. 2, p. 115-132, 2002.

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

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

ŠIJAČIĆ-NIKOLIĆ, M.; MILOVANOVIĆ, J.; NONIĆ, M. Conservation of Forest Genetic Resources. *In*: AHUJA, M. R.; RAMAWAT, K.G. (Orgs.). **Biotechnology and Biodiversity**. Cham: Springer International Publishing, 2014. p. 103-128.

SILVA JÚNIOR, A. L. et al. Genetic diversity of *Schizolobium parahyba* var. *amazonicum* (Huber ex. Ducke) Barneby, in a forest area in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-11, 2017.

SILVA, L. A.; SOARES, J. J. Levantamento fitossociológico em um fragmento de floresta estacional semidecídua, no Município de São Carlos, SP. **Acta Botanica Brasilica**, v. 16, n. 2, p. 205-216, 2002.

SOHNGEN, B.; TIAN, X. Global climate change impacts on forests and markets. **Forest Policy and Economics**, v.72, p.18-26, 2016. <https://doi.org/10.1016/j.forpol.2016.06.011>

SOUZA, C. V. et al. Floral biology, nectar secretion pattern and fruit set of a threatened Bignoniaceae tree from Brazilian tropical forest. **Flora**, v. 227, p. 46-55, 2017.

STURION, J. A.; STUEPP, C. A.; WENDLING, I. Genetic parameters estimates and visual selection for leaves production in *Ilex paraguariensis*. **Bragantia**, v. 76, n. 4, p. 492-500, 2017. 10.1590/1678-4499.2016.419.

TEIXEIRA, G. C. et al. Genetic diversity analysis of two *Eucalyptus* species using ISSR markers. **Ciência Florestal**, v. 30, n. 1, p. 270-278, 2020.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnológicos: boletim de pesquisa e desenvolvimento**, v.1, p. 1-16, 1986.

VIANA, V. M. Conservação genética “*ex situ*” do ipê-felpudo (*Zeyhera tuberculosa*). **Silvicultura em São Paulo**, v. 16, p. 1028-1031, 1982.

WILLI, Y. et al. Genetic isolation of fragmented populations is exacerbated by drift and selection. **Journal of evolutionary biology**, v. 20, p. 534-542, 2007. doi: 10.1111/j.1420-9101.2006.01263.x.

WILLIAMS, J. et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.

YANG, Y. et al. Genomic effects of population collapse in a critically endangered ironwood tree *Ostrya rehderiana*. **Nature communications**, v. 9, n. 5449, p. 1-9, 2018. doi: 10.1038/s41467-018-07913-4.

ZOBEL, B. et al. Seed orchards: their concept and management. **Journal of Forestry**, v. 56, p. 815-825, 1958.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales**. 1. ed. México: Editorial Limusa S.A., 1994.

CAPÍTULO 2

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CRESCIMENTO INICIAL EM PROGÊNIES DE *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau (BIGNONEACEAE)

RESUMO

A domesticação e o plantio das espécies selvagens têm um papel importante para suprir a demanda por madeira de alto valor comercial e ainda ampliar a oferta de serviços ambientais. Para suprir essa demanda a baixo custo, recomenda-se a implantação de pomares de sementes por mudas (PSM), que podem ser estabelecidos a partir da seleção de materiais genéticos superiores em testes de progênies. Dentre as espécies com elevado potencial para programas de melhoramento, destaca-se *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo), uma espécie da família Bignoniaceae, nativa dos biomas Mata Atlântica e Cerrado, com reconhecido valor madeireiro e que, no entanto, está na lista de plantas ameaçadas de extinção. Visando contribuir para a domesticação da espécie, esse estudo objetivou a estimação de parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial em progênies de *Z. tuberculosa*, como subsídio para seleção de materiais genéticos com desempenho superior e formação de PSM. Foram avaliadas 71 progênies, em 15 blocos ao acaso, totalizando 1065 parcelas de planta única. Aos 21 meses de idade, foram avaliados os caracteres de crescimento inicial: altura (ALT), diâmetro à altura do solo (DAS) e sobrevivência (SOB), para a estimação de parâmetros e valores genéticos utilizados na seleção genotípica. As progênies diferiram para os caracteres ALT e DAS, indicando a possível obtenção de ganhos genéticos com a seleção. A média geral para ALT foi de 1,64 m, variando entre 0,64 (P65) e 3,38 m (P52), enquanto para o DAS, a média geral foi de 3,79 cm, variando entre 1,97 (P65) e 6,05 cm (P14). O percentual de mortalidade geral do experimento foi de 52% e variou entre 20% (P5 e P57) e 93% (P62 e P65). Os valores de herdabilidade individual (h^2a) foram classificados como moderada magnitude para ALT (0,16) e DAS (0,46). A acurácia de seleção para DAS (0,81) foi maior que para ALT (0,62). Os coeficientes de variação residual ($CVe\%$) encontrados, foram de 59,41% para ALT e 36,22% para DAS, sendo considerados valores altos (>30%), que indicam elevada interferência ambiental. O coeficiente de variação genética individual ($CVgi$) foi alto para ambas as características, 24,39% para ALT e 26,02% para DAS, sendo maiores que os valores de coeficiente de variação genética entre progênies ($CVgp\%$), que foi de 12,20% para ALT e 13,01% para DAS. Ao final, foram selecionados com base no DAS, três indivíduos por progênie, com maiores valores genotípicos dentro de 41 famílias de efeitos genéticos positivos, resultando em ganhos genéticos superiores a 0,55 cm, o que representa um acréscimo de 14,51% em relação à média atual. O tamanho efetivo populacional (Ne) correspondente à seleção dos 121 indivíduos, foi de 122,54, o que viabiliza a formação de PSM, minimizando riscos de depressão por endogamia ou perda de vigor. O presente trabalho fornece subsídios para o desenvolvimento de programas de domesticação e cultivo tanto do ipê-felpudo, quanto de outras espécies florestais nativas, que em sua maioria, ainda são exploradas de forma predatória na natureza.

Palavras-chave: Ipê-felpudo. Melhoramento Genético. Domesticação de Plantas. Seleção Precoce. Pomar de Sementes.

ABSTRACT

Domestication and cultivation of wild forest species plays an important role in supplying both, high commercial value wood and environmental services. To meet this mutual demand at low cost, seedling seed orchard implementation is recommended, furthermore, it can be established from the selection of superior genetic materials in progeny tests. *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo) is one in between many high potential trees for breeding programs. It is native from the Atlantic Forest and Cerrado biomes, belongs to the Bignoniaceae family and has a recognized timber value, yet it's on the list of endangered plants. In order to contribute to the domestication of this species, this study aimed to estimate genetic parameters and values for early growth characters in *Z. tuberculosa* progenies, as a subsidy for genetic selection of high-performance material and seedling seed orchard formation. 71 progenies were evaluated in 15 randomized blocks, totaling 1065 single-plant plots. At 21 months old, it was evaluated the initial growth characters: height (ALT), diameter at ground height (DAS) and survival (SOB), from which genetic parameters and values were estimated for genotypic selection. The progenies showed a statistically significant difference for ALT and DAS traits, indicating possible genetic gains with selection. The general average for ALT was 1.64 m, ranging from 0.64 (P65) to 3.38 m (P52), while the general average for DAS was 3.79 cm, ranging from 1.97 (P65) to 6.05 cm (P14). The experiment's overall mortality percentage was 52%, varying from 20% (P5 and P57) to 93% (P62 and P65). Individual heritability values (h^2a) were classified as moderate magnitude for ALT (0.16) and for DAS (0.46). The selection accuracy for DAS (0.81) was higher than for ALT (0.62). The residual variance ($CVe\%$) found were 59.41% for ALT and 36.22% for DAS, being considered high values (>30%), which indicate high environmental interference. The individual genetic variation ($CVgi$) was high for both traits, 24.39% for ALT and 26.02% for DAS, being higher than the genetic variation values between progenies ($CVgp\%$), which was 12.20% for ALT and 13.01% for DAS. In the end, it was selected, based on DAS, three individuals with the highest genotypic values within 41 families of positive genetic effects. It resulted in genetic gains greater than 0.55 cm, which represents an increase of 14.51% in relation to the average current. The effective population size (Ne) corresponding to the selection of the 121 trees was 122.54, which enables the formation of seedling seed orchard, minimizing the risk of inbreeding depression or vigor losses. This work provides subsidies for the development of domestication and cultivation programs for ipê-felpudo so as for other native forest species, which mostly are still exploited in a predatory way in nature.

Keywords: Ipê-felpudo. Genetic Breeding. Wild Tree Domestication. Early Selection. Seedling Seed Orchard.

1 INTRODUÇÃO

A domesticação e o plantio das espécies selvagens têm um papel importante na promoção de paisagens sustentáveis nos trópicos, pois além de suprir a demanda por madeira de alto valor comercial, ainda possibilita maior oferta de serviços ambientais, tais como a manutenção da biodiversidade e a recuperação de áreas degradadas (LAMB, 2014). Além disso, tem havido um consenso na busca de espécies nativas de interesse comercial e, conseqüentemente, um incremento na demanda por sementes florestais com qualidade genética.

Para suprir essa demanda a baixo custo, recomenda-se a implantação de pomares de sementes por mudas (PSM), que podem ser estabelecidos a partir da seleção de materiais genéticos superiores em testes de progênies (HIGA; SILVA, 2006). Estes, por sua vez, permitem estimar parâmetros genéticos que tratam da variação genética, herdabilidades e acurácia. Também é importante conhecer o tamanho efetivo dentro de progênies de polinização aberta, para que se possa estimar o tamanho de amostra necessário para obtenção de programas de melhoramento mais robustos (FERES et al., 2012). O procedimento ótimo de avaliação genética é o REML (máxima verossimilhança restrita)/BLUP (melhor preditor linear não viesado), que segue uma análise por modelos mistos e propicia o maior ganho genético possível em um ciclo de seleção (PIRES et al., 2011; RESENDE, 2007).

A seleção é, provavelmente, o tema de maior relevância no melhoramento de espécies perenes (RESENDE, 1999) e atua no sentido de promover a alteração, na direção desejada, das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção. Para isso, deve-se cumprir com duas etapas básicas: 1) predição do valor genético, ou genotípico, dos indivíduos; e 2) a decisão sobre a melhor forma de seleção dos indivíduos com os maiores valores genéticos preditos (PIRES et al., 2011). Diz-se seleção precoce, quando os caracteres são avaliados em idades prévias à rotação (RESENDE, 1995). No entanto, deve-se ter atenção, pois nem sempre a avaliação em idade precoce representa adequadamente os resultados em idade de corte.

Dentre as espécies com elevado potencial para programas de melhoramento, destaca-se *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau (ipê-felpudo), uma árvore da família Bignoniaceae que ocorre nos biomas Cerrado e Mata Atlântica (LOHMANN, 2015). O desenvolvimento de programas de silvicultura e melhoramento genético da espécie se justifica devido ao seu reconhecido valor madeireiro e que, no entanto, está classificada como vulnerável, na lista de plantas ameaçadas de extinção (BRASIL, 2021). Sua madeira é própria para utilização em obras internas, construções civis, dormentes, cabo de ferramentas e de instrumentos agrícolas (VIANA et al., 2002). Além disso, a espécie possui características que favorecem sua

domesticação, como o rápido crescimento (1 a 2 m de altura por ano), grande porte (até 35 m de altura), crescimento monopodial acentuado, boa forma de fuste, fácil propagação e altos índices de rebrota (CARVALHO, 2005).

Estudos sobre silvicultura e melhoramento genético para *Z. tuberculosa* ainda são incipientes. Alguns demonstram seu elevado potencial para silvicultura (DUCATTI, 2019; MENDONÇA, et al., 2017; ROLIM; PIOTTO, 2018), contudo, esforços ainda devem ser realizados para fomentar programas de melhoramento genético da espécie. Dessa forma, esse estudo objetivou a estimação de parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento inicial em progênies de *Z. tuberculosa*, como subsídio para seleção de materiais genéticos com desempenho superior e formação de pomar de sementes por mudas. Para tanto, seguiu com os seguintes objetivos específicos: a) estimar os parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial; b) ranquear os indivíduos com características genéticas superiores; c) estimar a eficiência da seleção precoce do material genético; e d) avaliar o potencial das progênies em serem utilizadas na composição de um pomar de sementes por mudas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

O experimento foi implantado em março de 2020, em uma área de aproximadamente 1 ha, localizada na fazenda Palmital (21°09'3''S e 44°55'55''W), pertencente à Universidade Federal de Lavras, no município de Ijaci – MG. No local, foram implantadas 71 progênies de *Z. tuberculosa*, em blocos completos ao acaso, com 15 repetições, totalizando 1065 parcelas de planta única. Utilizou-se espaçamento de 3 x 3 m, sendo que as progênies foram intercaladas com outras três espécies florestais nativas de crescimento rápido, no intuito de favorecer o crescimento em altura, minimizando a tortuosidade e a ramificação do fuste das progênies. Portanto, o espaçamento entre plantas foi de 3 x 1,5 m. As espécies utilizadas no consórcio foram: *Peltophorum dubium* (canafístula), *Inga edulis* (ingá) e *Guazuma ulmifolia* (mutamba), sendo que cada uma delas ocupa cinco blocos consecutivos, conforme o croqui apresentado (Figura 2.1).

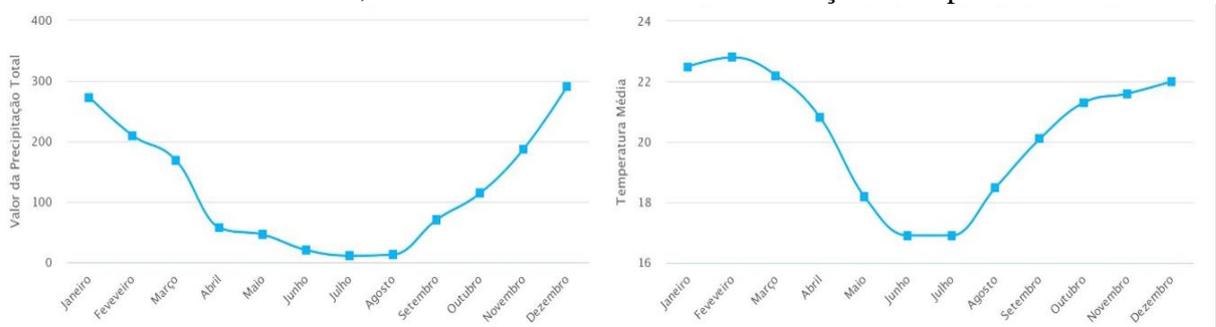
O local está em região ecotonal entre os biomas Mata Atlântica e Cerrado, com fitoecologia de Floresta Estacional Semidecidual (VELOSO; RANGEL FILHO; LIMA, 1991). O solo é do tipo Latossolo Vermelho escuro, com altitude média de 858 metros. Possui clima subtropical Cwa, segundo a classificação de Köppen-Geiger, com verão chuvoso e inverno seco, temperatura média anual de 19,9 °C, variando de 16,9 °C, nos meses de junho e julho a 22,8 °C, no mês de fevereiro e precipitação média anual de 1 486 mm (INMET, 2021), com distribuição anual conforme a Figura 2.2.

Figura 2.1 – Croqui de implantação do teste de progênies de *Zeyheria Tuberculosa*, na fazenda Palmital em Ijaci – MG.

Blocos	Linhas	Colunas														Legenda:
		0	1	2	3	...	35	36	0							
0	0	n	n	n	n	n	n	n	n	...	n	n	n	n	n	● Z. tuberculosa
1	1	n	x	●	x	●	x	●	x	...	●	x	n	n	n	x Canafístula
	2	n	x	●	x	●	x	●	x	...	●	x	●	x	n	y Ingá
2	3	n	x	●	x	●	x	●	x	...	●	x	n	n	n	z Mutamba
	4	n	x	●	x	●	x	●	x	...	●	x	●	x	n	n Nativas diversas
...	Experimento
6	11	n	y	●	y	●	y	●	y	...	●	y	n	n	n	Entorno
	12	n	y	●	y	●	y	●	y	...	●	y	●	y	n	
7	13	n	y	●	y	●	y	●	y	...	●	y	n	n	n	
	14	n	y	●	y	●	y	●	y	...	●	y	●	y	n	
...	
11	21	n	z	●	z	●	z	●	z	...	●	z	n	n	n	
	22	n	z	●	z	●	z	●	z	...	●	z	●	z	n	
12	23	n	z	●	z	●	z	●	z	...	●	z	n	n	n	
	24	n	z	●	z	●	z	●	z	...	●	z	●	z	n	
...	
15	30	n	z	●	z	●	z	●	z	...	●	z	●	z	n	
0	0	n	n	n	n	n	n	n	n	...	n	n	n	n	n	

Fonte: Do autor (2022).

Figura 2.2 – Gráfico de distribuição normal climatológica (1981 – 2010) de precipitação acumulada (mm) e temperatura média (°C) na estação climática de Lavras – MG, localizada a 8,9 km de distância da área de instalação do experimento.



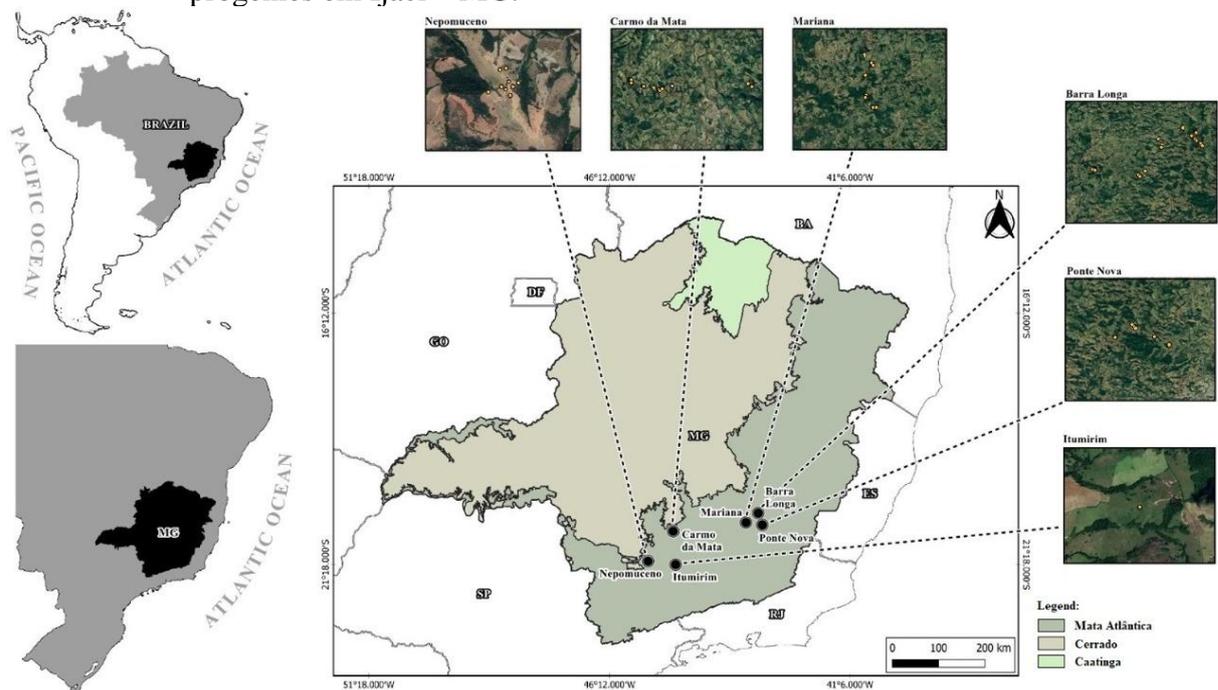
Fonte: INMET (2021).

2.2 Material genético

Em 2018, foram coletadas sementes de 80 matrizes de *Zeyheria tuberculosa*, oriundas de árvores isoladas, com características fenotípicas de interesse, como retidão, forma do fuste, simetria da copa e fitossanidade. O experimento não se caracteriza como teste de procedências, no entanto, com o objetivo de obter ampla base genética da espécie, o material foi coletado em seis municípios de Minas Gerais, sendo eles: Nepomuceno (11 matrizes, de P1 a P7 e de P10 a

P13), Itumirim (uma matriz, P9), Carmo da Mata (13 matrizes, de P14 a P26), Mariana (8 matrizes, de P32 a P37, P39 e P40), Barra Longa (31 matrizes, de P41 a P55, de P57 a P67 e de P69 a P73) e Ponte Nova (7 matrizes, de P74 a P80), conforme a Figura 2.3. Foi respeitada a distância mínima de 50 m entre as matrizes, visando diminuir a probabilidade de parentesco e, além disso, a identidade das progênies foi preservada e a coordenada de cada árvore foi marcada por meio de georreferenciamento com GPS.

Figura 2.3 – Localização das 80 matrizes de *Zeyheria tuberculosa* utilizadas no teste de progênies em Ijaci – MG.



Fonte: Do autor (2022).

As mudas foram produzidas no Viveiro Florestal da Universidade Federal de Lavras – UFLA. Foi feito o beneficiamento por meio da remoção das sementes dos frutos e secagem ao ar livre. Posteriormente, foi feita a semeadura em tubetes de 180 cm³, dispostos em bandejas alocadas em canteiros suspensos, que receberam tratamentos de irrigação a cada três horas, com duração de cinco minutos por período. Após 60 dias os tubetes foram alternados, a fim de otimizar o aproveitamento da luz solar. Das 80 progênies, 71 obtiveram sucesso na germinação, com repetições suficientes para instalação do experimento em campo. As progênies 8, 27, 28, 29, 30, 31, 38, 56 e 68 foram descartadas.

2.3 Tratos silviculturais

Em março de 2020, foi realizada a implantação do experimento. Foi feita a aração mecanizada em área total e abertura de covas e plantio de forma manual. A análise do solo na área e a adubação foram realizadas com base na recomendação para as espécies de eucalipto, uma vez que ainda não existe recomendação nutricional para *Z. tuberculosa*. Os adubos utilizados foram: 50 g de super-fosfato simples no fundo dos berços, 100 g de NPK (6-30-6) em coveta lateral 15 dias após o plantio, duas adubações de cobertura com 50 g de NPK (20-5-20) ao longo do período chuvoso no primeiro ano e mais uma adubação adicional no segundo ano. O controle de formigas foi feito antes, durante e após o plantio, utilizando isca formicida próximo aos olheiros. As rondas para monitoramento de formigas permaneceram sendo realizadas a cada dois meses. O controle de plantas daninhas foi feito com a combinação dos herbicidas glifosato, atrazina e 2,4-D, além da roçada mecânica ao longo dos meses chuvosos.

2.4 Mensuração florestal e análises estatísticas

Em dezembro de 2021, aos 21 meses de idade, foi feita a mensuração de caracteres silviculturais de crescimento: altura – ALT (m) e circunferência à altura do solo – CAS (cm); e da sobrevivência – SOB (%), com o propósito de quantificar os parâmetros e valores genéticos utilizados na seleção genotípica. Os dados de altura foram coletados com régua de 2,5 m e a circunferência foi coletada com fita métrica.

Foi realizada, inicialmente, a análise de componentes principais (PCA), afim de verificar a variabilidade existente no conjunto de progênies a partir das variáveis ALT e DAS. Para essa análise foi utilizado o *software* R (R CORE TEAM, 2016), aplicando o pacote Factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2017). Para testar a existência de diferenças significativas entre os tratamentos, utilizou-se o teste da razão de verossimilhança (LTR), que permite construir a tabela de análise de *deviance* (ANADEV), empregando-se o *software* SELEGEN (RESENDE, 2016). Por esse método, calcula-se a diferença entre “*deviances*” para um modelo que exclui e outro que inclui a variável de interesse, obtendo a razão de verossimilhança (LR), que terá sua significância testada pelo teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Posteriormente, foram feitas as estimativas dos parâmetros genéticos, obtidas pela metodologia do modelo linear misto, por meio do procedimento REML/BLUP (*Restricted*

Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Prediction), empregando-se o *software* SELEGEN (RESENDE, 2016). Os parâmetros foram estimados utilizando o modelo 19, aplicado para avaliação de progênies de polinização aberta (meios-irmãos), delineamento de blocos completos, em um local, uma única avaliação de dados e uma observação por parcela, conforme o modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$y = Xr + Za + e$$

Em que, y : vetor de dados; r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X e Z : matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para cada um dos caracteres coletados foram calculados os seguintes parâmetros genéticos: Va - variância genética aditiva; Ve - variância residual; Vf - variância fenotípica individual; $h^2a = h^2$ - herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; h^2mp - herdabilidade da média de progênie, assumindo sobrevivência completa; $Acprog$ - acurácia da seleção de progênie, assumindo sobrevivência completa; h^2ad : herdabilidade aditiva dentro de progênie; $CVgi\%$ - coeficiente de variação genética aditiva individual; $CVgp\%$ - coeficiente de variação genética entre progênies; $CVe\%$: coeficiente de variação residual; $CVr = CVg/CVe$ - coeficiente de variação relativa; PEV - variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa; SEP - desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa; média geral do experimento; e tamanho efetivo populacional (Ne).

2.5 Seleção precoce

A análise REML/BLUP ordena os melhores indivíduos pelos seus valores genéticos aditivos preditos, servindo de base para a seleção. No intuito de obter os melhores indivíduos, selecionaram-se somente as famílias que apresentavam efeito genético aditivo positivo, tendo o DAS e ALT como referência. Como a seleção tem como propósito a transformação do teste em um pomar de sementes por mudas, a intensidade de seleção dentro das famílias que apresentava efeito genético aditivo positivo foi de 20%, ou seja, foram selecionados três indivíduos por família. A seleção dentro de famílias foi realizada com base no valor genotípico individual.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Características de crescimento inicial

As progênes avaliadas aos 21 anos, diferiram ao nível de 5% de significância, tanto para altura (ALT), quanto para diâmetro à altura do solo (DAS), segundo o resultado da análise de *deviance* (ANADEV), por meio do teste da razão de verossimilhança (LTR). Os valores de LTR encontrados foram 8,95* para ALT e 14,19* para DAS, sendo que o valor de qui-quadrado (5%) foi de 3,84. O resultado indica que existe variação genética suficiente entre as progênes de *Z. tuberculosa*, para ambas as variáveis testadas, o que torna possível a obtenção de ganhos genéticos nas próximas gerações de melhoramento.

A média geral para ALT foi de 1,64 m, variando entre 0,64 (P65) e 3,38 m (P52), enquanto para o DAS, a média geral foi de 3,79 cm, variando entre progênes em 1,97 (P65) e 6,05 cm (P14). Os resultados foram satisfatórios quando comparados aos apresentados por outros autores. Segundo Santarelli (1990), um plantio da mesma espécie em Ilha Solteira – SP, apresentou aos 12 meses, alturas variando entre 0,40 a 3,35 m. Nicodemo et al. (2009), em um plantio em São Carlos – SP, chegaram a valores médios de 0,20 m de altura aos 11 meses de idade. Em Descalvado – SP, a espécie apresentou incremento médio anual variando de 0,89 a 1,05 m, para altura e de 1,29 a 1,42 cm para diâmetro (DUCATTI, 2019).

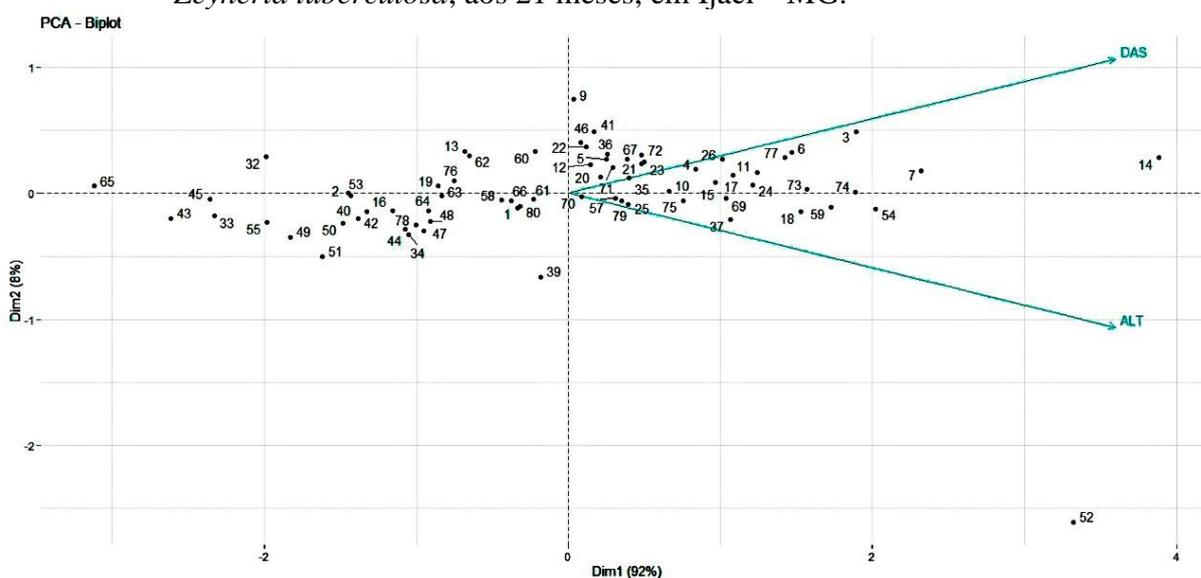
O percentual de mortalidade geral do experimento foi de 52% e variou entre 20% (P5 e P57) e 93% (P62 e P65). Os valores são considerados de elevada magnitude quando comparados com espécies de eucalipto, onde são comuns valores abaixo de 5% (FESSEL, 2003) e, além disso, são pouco esperados para uma espécie de ocorrência regional, tendo em vista que é um indicador de adaptação da espécie às condições edafoclimáticas locais. No entanto, percentuais de mortalidade variáveis e, algumas vezes elevadas, são comuns em espécies nativas. O valor reflete, também, as condições de cultivo e manejo, além do conhecimento sobre a cultura, dentre outros fatores.

Ao se trabalhar com espécies selvagens, o pesquisador depara com problemas distintos por não possuir informações básicas que auxiliam no seu cultivo. Na área experimental em questão, os valores de mortalidade refletem, também, eventuais falhas no controle de plantas daninhas, principalmente com o atraso na operação de capina e utilização incorreta de herbicida. O ipê-felpudo possui um crescimento mais lento no primeiro ano, o que demanda maiores atenções no controle das plantas daninhas. Além disso, constatou-se haver sensibilidade das

mudas aos produtos utilizados na capina química, o que levou ao aumento do percentual de mortalidade.

A análise de componentes principais (PCA), foi aplicada para os valores médios de ALT e DAS, entre cada uma das progênies (Figura 2.4). Por meio dessa análise é possível notar como as progênies se distribuem em torno dessas duas características quantitativas, sendo que, à esquerda, encontram-se as progênies de menores valores médios, enquanto à direita, encontram-se as de maiores valores para ambas as características. É correto dizer, portanto, que existe variação fenotípica entre as progênies para as características avaliadas e, também, que há correlação entre os valores de altura e diâmetro, uma vez que seus eixos se apresentam deslocados para a direita. No quadrante 2 da Figura 2.4, encontram-se as progênies com maiores diâmetros, enquanto no quadrante 4, estão aquelas com maiores alturas.

Figura 2.4 – Análise de componentes principais – PCA, com base nas médias de diâmetro à altura do solo e altura média entre as 71 progênies de polinização aberta de *Zeyheria tuberculosa*, aos 21 meses, em Ijaci – MG.



Fonte: Do autor (2022).

3.2 Estimativas dos parâmetros genéticos

Os resultados referentes às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres quantitativos ALT e DAS estão apresentados na Tabela 2.1. Essas características são essenciais para estudos de variabilidade genética e para o estabelecimento de estratégias em programas de melhoramento genético. De maneira geral, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram maiores para DAS do que para ALT, indicando maior controle genético do caractere

DAS que, por sua vez, possibilita a obtenção de maiores progressos genéticos por meio de seleção. Além disso, a acurácia de seleção para DAS (0,81) foi maior que para ALT (0,62), o que leva a concluir que o DAS é a característica quantitativa mais apropriada para a prática da seleção neste estudo.

Tabela 2.1 – Componentes de variância (REML) para os caracteres altura das plantas (ALT) e diâmetro à altura do solo (DAS), para famílias de meios-irmãos de *Zeyheria tuberculosa*, aos 21 meses, em Ijaci – MG.

Componentes de variância	ALT (m)	DAS (cm)
Variância genética aditiva (V_a)	0,16	0,97
Variância residual (V_e)	0,83	1,15
Variância fenotípica individual (V_f)	0,99	2,13
Herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a)	0,16	0,46
Herdabilidade da média de progênie (h^2_{mp})	0,39	0,66
Acurácia da seleção de progênie (Ac_{prog})	0,62	0,81
Herdabilidade aditiva dentro de progênie (h^2_{ad})	0,13	0,39
Coefficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$)	24,39	26,02
Coefficiente de variação genética entre progênie ($CV_{gp}\%$)	12,20	13,01
Coefficiente de variação residual ($CV_e\%$)	59,41	36,22
Coefficiente de variação relativa (CV_r)	0,21	0,36
Variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV)	0,02	0,08
Desvio padrão do valor genotípico predito (SEP)	0,16	0,29
Média geral	1,64	3,79

Fonte: Do autor (2022).

Os valores de herdabilidade individual no sentido restrito (h^2_a) são classificados como de moderada magnitude para ALT (0,16) e DAS (0,46), sendo que, para DAS o valor se aproxima do limite inferior para alta magnitude. Segundo Resende (2002), a herdabilidade individual é considerada de magnitude intermediária quando seus valores se encontram entre os valores de 0,15 e 0,50. A herdabilidade média entre progênies (h^2_{mp}) foi maior do que dentro de progênies (h^2_{ad}) para ambas as características avaliadas e obteve valores expressivos para DAS ($h^2_{mp} = 0,66$ e $h^2_{ad} = 0,39$). Este resultado indica maiores possibilidades de controle genético com a seleção das melhores famílias do que dos melhores indivíduos dentro das famílias.

Os valores de herdabilidade encontrados estão dentro do que foi relatado por outros autores, em estudos com progênies de polinização aberta com espécies nativas, em idade precoce. Santos (2008), ao trabalhar com progênies de *Dypterix alata* (baru), aos 64 meses de idade, encontrou valor de herdabilidade aditiva de 0,50 para característica de diâmetro à altura

do peito (DAP). Menegatti; Mentovani; Navrosky (2016), encontraram valores de herdabilidade para diâmetro à altura do coleto (DAC), que variaram entre 0,11 e 0,54 para diferentes procedências de *Mimosa scabrella* (bracatinga), aos 12 meses de idade, em Lages – SC. Garuzzo et al. (2021), em um teste de progênies e procedências de *Z. tuberculosa*, aos 3,5 anos de idade, em Porto Seguro – BA, obtiveram valor de h^2a de 0,26 para DAP.

A estimativa de herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos, pois quantifica a fração da variação fenotípica que é de natureza herdável e, portanto, que é passível de ser explorada na seleção (MORAES et al., 2015). No entanto, mesmo que a característica sob análise seja herdável, a elevada influência do ambiente pode mascarar essa realidade, diminuindo os valores de herdabilidade. Isso ressalta a importância de assegurar o controle das variações ambientais dentro de um experimento genético. Dentre os vários fatores que afetam a herdabilidade, estão: a característica avaliada, a diversidade da população, o método de estimação, o nível de endogamia, o tamanho da amostra e, especialmente, a precisão na condução do experimento (PIRES et al., 2011).

Os coeficientes de variação residual ($CVe\%$) encontrados, foram de 59,41% para ALT e 36,22% para DAS (Tabela 2.1), sendo considerados valores altos (>30%) segundo Pimentel-Gomes (1985), o que demonstra a heterogeneidade das condições experimentais e, em consequência, diminui a exatidão dos resultados obtidos. No caso, a influência maior pode ter sido devido ao consórcio entre as progênies e outras espécies florestais de crescimento inicial mais acelerado, causando interferências no desenvolvimento das mudas de ipê-felpudo. No entanto, espera-se que estes valores diminuam à medida que as progênies atinjam maiores idades e, também, por meio de práticas adequadas de manejo, como as podas e desbastes das árvores que estiverem competindo por recursos com as plantas de *Z. tuberculosa*.

Resultados semelhantes para CVe foram encontrados por Saul (2020), em um estudo que comparou testes de progênies de *Myracrodruon urundeuva* em dois sistemas de plantio, sendo um deles puro e o outro multi-espécies. No caso, o CVe foi maior para o plantio multi-espécies, com valores de 30,52% para altura e 40,51% para diâmetro, enquanto para o plantio puro, apresentou os valores de 21,90% para altura e 36,03% para diâmetro. Os resultados confirmam a influência das espécies consorciadas com as progênies e, também, das plantas daninhas, que devido à competição por recursos, interferem no desenvolvimento das progênies e elevam valores de CVe .

O coeficiente de variação genética aditiva individual ($CVgi\%$), expressa a quantidade de variação genética existente entre as progênies, sendo considerado alto para valores acima de

7% (GARCIA, 1989). Neste estudo os valores de CV_{gi} foram altos para ambas as características, 24,39% para ALT e 26,02% para DAS. Além disso, para ambas as variáveis, os valores de CV_{gi} foram maiores que os valores de coeficiente de variação genética entre progênies ($CV_{gp}\%$), indicando possibilidades de obtenção de maiores ganhos genéticos pela seleção de indivíduos, em relação à seleção de famílias. Além do mais, ambos os parâmetros apresentaram alta magnitude tanto para ALT, quanto para DAS, o que pode ser atribuído à grande variação genética presente no material estudado.

O coeficiente de variação relativa (CV_r) relaciona o coeficiente de variação genotípico e o coeficiente experimental, sendo que, quanto mais próximo a 1,00, maior é o controle genético dos caracteres e menor é a influência dos fatores ambientais no fenótipo (VENKOVSKY; BARRIGA, 1992). As estimativas de CV_r foram relativamente baixas, com valores de 0,21 para ALT e 0,36 para DAS, indicando elevada interferência ambiental, porém menor interferência para o diâmetro à altura do solo.

3.3 Seleção precoce para formação de pomar de sementes por mudas

O DAS foi escolhido como característica mais adequada para a prática da seleção, uma vez que possui maior variabilidade genética entre progênies e, também, por apresentar maior controle genético a ser explorado ao longo de um programa de melhoramento genético. O ranqueamento das famílias foi feito de acordo com seus valores genéticos preditos. Das 71 famílias que compõem o teste de progênies, 41 foram selecionadas por possuírem efeitos genéticos positivos. O ganho genético predito, com a seleção das famílias foi de 0,47 cm, o que possibilitaria uma nova média de 4,26 cm para o diâmetro (Tabela 2.2).

Estes resultados indicam a obtenção de ganhos genéticos consideráveis por meio do cruzamento entre os 41 genitores selecionados, o que, na prática é inviável, uma vez que as matrizes estão bem distantes uma das outras. Recomenda-se, portanto, praticar a seleção de indivíduos dentro dessas famílias, para assim, utilizá-los como potenciais genitores, capazes de obterem ganhos genéticos na população selecionada.

Tabela 2.2 – Componentes - Componentes de média (BLUP individual) para 41 genitores de *Zeyheria tuberculosa* selecionadas segundo o efeito genético predito com valores positivos, para característica de diâmetro à altura do solo – DAS (cm), aos 21 meses, em Ijaci – MG.

Progênie	Local de origem	Efeito genético	Ganho genético	Nova Média	Progênie	Local de origem	Efeito genético	Ganho genético	Nova Média
3	Nep.	1,52	1,52	5,31	26	C.M.	0,38	0,74	4,52
14	C.M.	1,42	1,47	5,26	72	B.L.	0,33	0,72	4,51
7	Nep.	1,31	1,42	5,20	35	Mar.	0,27	0,70	4,49
74	P.N.	1,17	1,36	5,14	41	B.L.	0,26	0,68	4,47
59	B.L.	1,13	1,31	5,10	25	C.M.	0,25	0,67	4,45
77	P.N.	1,00	1,26	5,05	22	C.M.	0,23	0,65	4,44
6	Nep.	0,95	1,21	5,00	75	P.N.	0,23	0,63	4,42
73	B.L.	0,89	1,17	4,96	71	B.L.	0,22	0,62	4,41
11	Nep.	0,80	1,13	4,92	10	Nep.	0,21	0,61	4,39
54	B.L.	0,51	1,07	4,86	5	Nep.	0,21	0,59	4,38
17	C.M.	0,51	1,02	4,81	20	C.M.	0,16	0,58	4,37
9	Itu.	0,50	0,98	4,77	12	Nep.	0,15	0,57	4,36
67	B.L.	0,50	0,94	4,73	46	B.L.	0,13	0,55	4,34
15	C.M.	0,48	0,91	4,70	23	C.M.	0,12	0,54	4,33
18	C.M.	0,48	0,88	4,67	57	B.L.	0,12	0,53	4,32
21	C.M.	0,47	0,85	4,64	60	B.L.	0,11	0,52	4,31
69	B.L.	0,47	0,83	4,62	62	B.L.	0,07	0,51	4,30
24	C.M.	0,44	0,81	4,60	79	P.N.	0,06	0,50	4,28
4	Nep.	0,44	0,79	4,58	70	B.L.	0,03	0,48	4,27
52	B.L.	0,43	0,77	4,56	37	Mar.	0,01	0,47	4,26
36	Mar.	0,38	0,75	4,54	Média atual				3,79

Legenda: B.L.: Barra Longa; C.M.: Carmo da Mata; Itu.: Itumirim; Mar.: Mariana; Nep.: Nepomuceno; P.N.: Ponte Nova.

Fonte: Do autor (2022).

Com o objetivo de transformar o teste de progênies em um pomar de sementes por mudas – PSM, adotou-se como critério de seleção, a escolha de três indivíduos (20%) com maiores valores genotípicos para DAS, dentro de cada família com efeito genético positivo. Dessa forma, foram selecionados um total de 121 indivíduos, uma vez que a família 62, possuía apenas um indivíduo vivo (Tabela 2.3). A intensidade de seleção aplicada corresponde a 11,5%, sendo considerada de baixa intensidade (ODA; MENCK; VENCOVSKY, 1989), adequado para manutenção de diversidade genética na população selecionada.

Tabela 2.3 – Valores fenotípicos, genéticos aditivos, ganhos genéticos preditos e nova média da população de 121 indivíduos de *Zeyheria tuberculosa* selecionados para o caráter diâmetro à altura do solo – DAS (cm), aos 21 meses, em Ijaci – MG.

Prog.	Bloco	Valor Fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média	Prog.	Bloco	Valor fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média
3	3	7,41	5,73	1,94	5,73	74	8	5,73	5,10	1,54	5,33
73	3	7,48	5,56	1,86	5,65	70	11	7,45	5,06	1,53	5,31
7	13	7,83	5,48	1,80	5,59	46	14	7,38	5,05	1,51	5,30
41	6	7,80	5,47	1,77	5,56	11	11	6,78	5,04	1,50	5,29
18	9	8,50	5,47	1,76	5,54	14	12	6,43	5,01	1,48	5,27
3	9	7,64	5,46	1,74	5,53	6	5	5,31	4,98	1,47	5,26
74	4	6,36	5,37	1,72	5,51	6	6	5,92	4,96	1,46	5,24
73	10	7,16	5,29	1,69	5,48	77	4	5,41	4,95	1,44	5,23
59	2	6,01	5,25	1,67	5,45	77	12	6,59	4,94	1,42	5,21
14	1	6,43	5,23	1,64	5,43	77	2	5,31	4,94	1,41	5,20
75	9	8,02	5,21	1,62	5,41	5	9	7,32	4,93	1,40	5,19
6	10	6,90	5,21	1,61	5,39	74	6	5,66	4,92	1,39	5,18
14	2	5,63	5,19	1,59	5,38	4	14	6,75	4,90	1,37	5,16
11	12	7,25	5,14	1,57	5,36	11	8	5,41	4,86	1,35	5,14
3	10	6,20	5,11	1,56	5,35	72	8	5,73	4,84	1,34	5,13

Continua...

Continuação (Tabela 2.3)

Prog.	Bloco	Valor Fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média	Prog.	Bloco	Valor fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média
17	2	5,35	4,81	1,31	5,10	22	4	5,09	4,59	1,11	4,90
41	7	5,38	4,76	1,30	5,09	54	15	5,92	4,59	1,10	4,89
7	2	4,58	4,75	1,28	5,07	35	3	5,44	4,58	1,10	4,89
59	6	5,25	4,75	1,28	5,06	79	6	5,66	4,58	1,09	4,88
22	9	6,81	4,74	1,26	5,05	25	6	5,50	4,58	1,09	4,88
36	12	6,55	4,74	1,25	5,04	5	5	4,87	4,58	1,09	4,87
9	13	6,52	4,73	1,25	5,04	23	11	6,11	4,57	1,08	4,87
59	7	4,58	4,72	1,23	5,02	21	7	4,71	4,56	1,07	4,86
69	1	5,82	4,70	1,22	5,01	57	1	5,73	4,56	1,07	4,86
4	7	5,09	4,70	1,21	5,00	67	1	5,41	4,55	1,06	4,85
15	9	6,49	4,69	1,20	4,99	57	14	6,08	4,55	1,06	4,85
18	3	5,54	4,69	1,19	4,98	69	12	5,98	4,54	1,06	4,85
10	8	5,41	4,68	1,19	4,97	35	11	5,92	4,54	1,05	4,84
7	15	5,50	4,67	1,18	4,96	25	12	6,14	4,54	1,05	4,84
60	3	5,79	4,67	1,17	4,96	35	14	5,92	4,53	1,04	4,83
72	15	6,27	4,67	1,16	4,95	23	9	6,33	4,52	1,04	4,82
20	2	5,25	4,66	1,15	4,94	15	4	4,71	4,52	1,03	4,82
69	14	6,08	4,65	1,15	4,94	5	1	5,54	4,52	1,03	4,82
52	9	6,36	4,63	1,14	4,93	10	12	6,11	4,51	1,03	4,81
21	13	6,27	4,62	1,13	4,92	4	11	5,70	4,51	1,02	4,81
73	1	5,25	4,61	1,12	4,91	17	12	5,85	4,50	1,02	4,81
24	2	4,87	4,60	1,12	4,90	12	5	4,71	4,50	1,02	4,81
54	12	6,08	4,59	1,11	4,90	22	10	5,63	4,49	1,01	4,80

Continua...

Continuação (Tabela 2.3)

Prog.	Bloco	Valor Fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média	Prog.	Bloco	Valor fen.	Valor gen. (u+a)	Ganho gen.	Nova Média
54	4	4,61	4,49	1,01	4,80	26	13	5,38	4,25	0,86	4,65
67	4	4,61	4,49	1,00	4,79	36	9	5,38	4,23	0,86	4,64
20	12	6,08	4,49	1,00	4,79	36	8	4,10	4,23	0,85	4,64
25	1	5,35	4,46	0,99	4,78	26	1	4,65	4,22	0,85	4,64
9	6	4,96	4,45	0,99	4,78	23	2	4,14	4,22	0,84	4,63
71	2	4,65	4,45	0,99	4,77	57	4	4,20	4,21	0,83	4,62
10	9	6,05	4,44	0,98	4,77	15	2	3,79	4,19	0,83	4,62
72	3	5,03	4,44	0,98	4,77	71	14	5,06	4,18	0,82	4,61
67	11	5,47	4,44	0,98	4,76	70	14	5,15	4,16	0,81	4,60
60	6	5,22	4,43	0,97	4,76	37	12	5,31	4,14	0,80	4,59
52	14	5,44	4,39	0,94	4,73	12	13	5,25	4,13	0,80	4,59
24	15	5,47	4,39	0,94	4,73	71	5	3,53	4,06	0,76	4,55
18	10	5,15	4,38	0,94	4,72	46	1	4,39	4,05	0,75	4,54
9	8	4,39	4,38	0,93	4,72	46	10	4,55	4,04	0,74	4,53
60	5	4,42	4,37	0,92	4,71	37	1	4,45	4,03	0,74	4,53
26	12	5,60	4,37	0,91	4,70	20	11	4,58	3,99	0,72	4,51
17	6	4,71	4,35	0,91	4,70	41	2	3,28	3,93	0,68	4,47
79	7	4,49	4,35	0,91	4,70	62	4	3,50	3,93	0,68	4,46
79	12	5,79	4,34	0,90	4,69	75	14	4,39	3,93	0,67	4,46
24	9	5,57	4,33	0,90	4,69	70	7	3,15	3,83	0,62	4,41
52	15	5,25	4,31	0,88	4,67	37	9	4,42	3,75	0,57	4,36
12	11	5,35	4,28	0,87	4,66	75	2	2,74	3,71	0,55	4,34
21	2	4,01	4,28	0,87	4,66	Média atual					3,79

Legenda: Prog.: progênies; Valor fen.: valor fenotípico (cm); Valor gen.: valor genético aditivo; Ganho gen.: ganho genético.

Fonte: Do autor (2022).

Os ganhos genéticos obtidos com a seleção foram superiores a 0,55 cm para DAS, representando um acréscimo de 14,51% em relação à média atual. A acurácia seletiva foi de 81%, sendo considerado um valor ótimo (>75%), conferindo boa precisão no acesso à variação genética verdadeira a partir da variação estimada (RESENDE, 2002). Ganhos similares para DAS (0,45 cm) foram relatados por Menegatti, Mentovani e Navrosky (2016), com *Mimosa scabrella* (bracatinga), aos 12 meses de idade, em Lages – SC.

No presente trabalho, os indivíduos avaliados ainda estão em fase de crescimento inicial, tendo manifestado, aos 21 meses, apenas uma pequena parcela do crescimento esperado até a idade de corte, após os 25 anos de idade. Dessa forma, as próximas avaliações feitas na área devem tomar este estudo como base, para comparação dos desempenhos das progênies de *Zeyheria tuberculosa* em idades mais próximas à idade de corte. É comum que haja, portanto, mudanças tanto nas estimativas dos componentes de variância (REML), quanto dos componentes de média (BLUP) e ranqueamento das progênies, alterando, por fim, os materiais a serem selecionados.

O tamanho efetivo populacional (N_e) correspondente à seleção dos 121 indivíduos, foi estimado em 122,54, segundo o programa SELEGEN. Pode-se definir tamanho efetivo populacional como a quantidade de indivíduos que acasalam livremente dentro de um limite de vizinhança genética (BAWA; KRUGMAN, 1991). Este conceito está relacionado à representatividade genética de amostras de plantas e sementes, indicando o tamanho genético da população e não o seu tamanho físico (PIRES et al., 2011). Vencovsky (1987), sugere que para minimizar os danos de depressão por endogamia, é razoável manter o valor de N_e próximo ou acima de 50, ou seja, a seleção proposta nesse estudo, viabiliza a formação de pomar de sementes por mudas, minimizando riscos de depressão por endogamia ou perda de vigor.

4 CONCLUSÕES

De acordo com a análise de *deviance*, aplicada para características de crescimento inicial, existe diferença genética significativa entre as progênies de *Zeyheria tuberculosa*, tanto para o caráter altura, quanto para o diâmetro à altura do solo;

Existe possibilidade de obtenção de ganhos genéticos com a seleção das melhores famílias e dentro das famílias, para o material genético testado;

O caráter DAS se mostrou mais adequado para a prática da seleção, por apresentar alta variabilidade genética individual e entre progênies ($CV_{gi} = 26,02\%$ e $CV_{gp} = 13,01\%$) e elevado controle genético ($h^2_a = 0,46$ e $h^2_{mp} = 0,66$) a ser explorado ao longo de um programa de melhoramento genético;

O método de seleção proposto, com escolha de três indivíduos (20%) dentro das famílias com valores genéticos positivos, é de intensidade branda e, além de propiciar ganhos genéticos relevantes, ainda possibilita transformar o ensaio em pomar de sementes por mudas, com ampla variabilidade genética e baixo risco de depressão por endogamia.

REFERÊNCIAS

- BAWA, K. S.; KRUGMAN, S. L. Reproductive biology and genetics of tropical trees in relation to conservation and management. *In*: GOMEZ-POMPA, A., WHITMORE, T. C.; HADLEY, M. (eds.), **Rain forest regeneration and management**. 1991, p. 119- 136.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Portaria nº 561**, de dezembro de 2021. Diário oficial da união. Ed. 236, Brasília, DF. s. 1, p. 202, dez. 2021.
- CARVALHO, P. E. R. **Ipê felpudo**. Circular técnica, EMBRAPA. Colombo, PR, 2005.
- DUCATTI, M. **Desempenho silvicultural de espécies nativas em plantações florestais no interior do estado de São Paulo**. 2019. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal) – UNESP, Botucatu, 2019. 86 f.
- FERES, J. M. et al. Mating system parameters at hierarchical levels of fruits, individuals and populations in the Brazilian insect- pollinated tropical tree, *Tabebuia roseo - alba* (Bignoniaceae). **Conservation Genetics**, v. 13, n. 2, p. 393-405, 2012.
- FESSEL, F. A. G. **Qualidade, desempenho operacional e custo de plantios, manual e mecanizado, de *Eucalyptus grandis*, implantados com cultivo mínimo do solo**. 2003. Dissertação (Mestrado em Ciências – Recursos Florestais) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 2003. 88 f.
- GARCIA, C. H. **Tabela para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais. IPEF, 1989.
- GARUZZO, M. S. P. B. et al. Genetic progress in breeding population of *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo): from theoretical predictions to clonal recombination orchard assembly. **Scientia Forestalis**, v. 49, n. 131, p. 1-14, 2021.
- HIGA, A. R., SILVA, L. D. **Pomar de sementes de espécies florestais nativas**. 1. ed. Curitiba: Fundação de Pesquisas Florestais do Paraná, 2006.
- INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA – INMET. **Boletins agroclimatológicos**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 2021. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/boletinsagro>
- KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. **R package version 1.0.5. 2017**. 2020. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>
- LAMB, D. **Large scale forest restoration**. 1. ed. Routledge: The Earthscan Forest Library, 2014.
- LOHMANN, L. G. **Bignoniaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2015. Disponível em: <http://floradobrasil2015.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB112305>

MENDONÇA, G. C. D. et al. Avaliação silvicultural de dez espécies nativas da Mata Atlântica. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 1, p. 277-290, 2017.

MENEGATTI, R. D.; MANTOVANI, A.; NAVROSKI, M. C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial de progênies de bracatinga em Lages, SC. **Brazilian Journal of Forestry Research**, v. 36, n. 87, p. 235-243, 2016.

MORAES, C. B. et al. Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p.1047-1054, 2015.

NICODEMO, M. L. F. et al. Desenvolvimento inicial de espécies florestais em sistema silvipastoril na região Sudeste. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 60, p. 89-92, 2009.

ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOVSKY, R. Problemas no melhoramento genético clássico do eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, v. 41/42, p. 8-17, 1989.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (Esalq), 1985. 384p.

PIRES, I. E. et al. **Genética Florestal**, 1. ed., Viçosa, MG: Editora Arka, 2011.

R CORE TEAM. R: a language and environments for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Áustria, 2016.

RESENDE, M. D. V. 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. Melhoramento de essências florestais. *In*: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 1999. p. 589-648.

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

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

ROLIM, S. G.; PIOTTO, D. **Silvicultura e tecnologia de espécies da mata atlântica**. Belo Horizonte: Rona, 2018.

SANTARELLI, E. G. Comportamento de algumas espécies vegetais na recomposição de matas nativas. **Silvicultura**, v. 3, n. 42, p. 232-235, 1990.

SANTOS, A. M. **Estimativa de parâmetros genéticos e avaliação da eficiência da seleção precoce em baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 2008. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008, 91 f.

SAUL, F. A. C. **Progênes de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. em diferentes sistemas de plantio para fins de conservação genética *ex situ***. 2020. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2020, 74 f.

VELOSO, H. P.; RANGEL FILHO, A. L. R.; LIMA, J. C. A. **Classificação da vegetação brasileira adaptada a um sistema universal**. Rio de Janeiro: FIBGE, 1991.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **IPEF**, v. 35, n. 1, p. 79-84, 1987.

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

VIANA, V. M. et al. Manejo de la regeneracion natural para la formacion de sistemas agroflorestales ganaderos. **Agroforestria en las Américas**, v. 9, n. 33, p. 1-9, 2002.

CAPÍTULO 3

DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau (BIGNONEACEAE)

RESUMO

Zeyheria tuberculosa (ipê-felpudo) é uma espécie florestal nativa do Cerrado e Mata Atlântica, classificada como vulnerável à extinção e possui alto potencial para o desenvolvimento silvicultural e genético. Sua madeira possui alto valor comercial, sendo utilizada para obras internas, construções civis, dentre outros fins. No entanto, os programas de melhoramento genético de suas populações ainda são incipientes. Visando contribuir para a domesticação da espécie, o presente trabalho teve como objetivos: a) avaliar a diversidade e estrutura genética entre e dentro de progênies de *Z. tuberculosa*, por meio de marcadores ISSR; e b) avaliar o potencial da população estabelecida em ser utilizada como pomar de sementes por mudas (PSM). O experimento se localiza na Fazenda Palmital, pertencente à Universidade Federal de Lavras, em Ijaci – MG. Para a realização das análises moleculares, foram selecionados do teste de progênies, 96 indivíduos (12 famílias, com 8 indivíduos em cada) de maiores valores genéticos preditos. Dez *primers* foram escolhidos, os quais geraram 91 bandas, sendo 82 polimórficas (90,1%) e média de nove bandas por *primer*. O conteúdo de informação polimórfico (PIC) foi de 0,44 para os dados conjuntos, variando entre 0,28 e 0,41, sendo considerado moderadamente informativo. A quantificação de alelos por progênie, revelou que o número de alelos observados (A_o) variou entre 1,51 (progênies 3 e 73) e 1,70 (progênie 7), enquanto o número de alelos efetivos (A_e) variou entre 1,33 (progênie 6) e 1,49 (progênie 7). O valor de diversidade apresentado pelo índice de Nei (H^*) foi de 0,35 e pelo índice de Shannon (I^*) foi de 0,52, o que é considerado de intermediária à alta diversidade genética. O dendrograma gerado a partir do método de agrupamento UPGMA, revelou a formação de dez grupos, para indivíduos e de dois grupos, para famílias, com destaque para a progênie 59, que formou um grupo isolado. O agrupamento gerado pela análise Bayesiana, também indicou a formação de dois grupos distintos, no entanto mostrou maiores proximidades entre as progênies 10, 12, 59 e 77. Os dados obtidos, segundo os marcadores ISSR utilizados, indicaram grande diferenciação genética entre as progênies ($\Phi_{st} = 0,1991$), além disso, o percentual de variação foi maior dentro (80,1%) do que entre (19,9%) progênies. As progênies analisadas nesse estudo revelam enorme potencial de comporem um pomar de sementes melhoradas, por possuírem uma satisfatória diversidade genética mesmo após a prática de seleção. Esses resultados são importantes para subsidiar estratégias de melhoramento genético e conservação da diversidade genética dessa e de outras populações de ipê-felpudo.

Palavras-chave: Ipê-felpudo. Melhoramento Genético. Marcador Molecular. ISSR. Pomar de Sementes.

ABSTRACT

Zeyheria tuberculosa (ipê-felpudo) is a forest species native from the Cerrado and Atlantic Forest, classified as vulnerable to extinction and has high silvicultural and genetic breeding potential. It has high commercial value wood, used for civil constructions, internal decoration, among other purposes. However, its genetic breeding programs are still incipient. In order to contribute to the domestication of the species, the present work aimed to: a) evaluate the genetic diversity and structure between and within *Z. tuberculosa* progenies, using ISSR markers; and to b) evaluate the potential of the established population to be used as a seedling seed orchard. The experiment is located in Fazenda Palmital, which belongs to the Federal University of Lavras, in Ijaci – MG. In order to carry out the molecular analyses, it was selected from the progeny test 96 individuals (12 families, with 8 individuals in each) with the highest predicted genetic values. Ten primers were chosen, which generated 91 bands, 82 of which were polymorphic (90.1%) and an average of nine bands per primer. The polymorphic information content (PIC) was 0.44 for the pooled data, ranging between 0.28 and 0.41, being considered moderately informative. The alleles quantification per progeny revealed that the number of observed alleles (A_o) varied between 1.51 (progenies 3 and 73) and 1.70 (progeny 7), while the number of effective alleles (A_e) varied between 1.33 (progeny 6) and 1.49 (progeny 7). The diversity values presented by the Nei index (H^*) was 0.35 and by the Shannon index (I^*) was 0.52, which is considered from intermediate to high genetic diversity. The dendrogram generated from the UPGMA grouping method revealed the formation of ten groups for individuals and two groups for families, with emphasis on progeny 59, which was alone in one of the groups. The grouping generated by the Bayesian analysis also indicated the formation of two distinct groups, however it showed greater proximity between progenies 10, 12, 59 and 77. The data obtained, according to the ISSR markers, indicated great genetic differentiation between the progenies ($\Phi_{st} = 0.1991$), and also, a greater variation percentage within (80.1%) than between (19.9%) progenies. The progenies analyzed in this study reveal enormous potential to compose a seedling seed orchard, once they kept a satisfactory genetic diversity even after selection. These results are important to support genetic breeding and genetic diversity conservation strategies of this and other ipê-felpudo's populations.

Key words: Ipê-felpudo. Genetic Breeding. Molecular Marker. ISSR. Seedling Seed Orchard.

1 INTRODUÇÃO

O Brasil é o país com maior diversidade de espécies arbóreas do mundo, com 8.715 espécies florestais registradas (BEECH et al., 2017). No entanto, a silvicultura brasileira utiliza quase exclusivamente dois gêneros florestais, sendo ambos exóticos: *Pinus spp.* e *Eucalyptus spp.*, que juntos correspondem a 9,17 milhões de ha (96%) de florestas plantadas no Brasil (IBÁ, 2021). Desse modo, o potencial qualitativo latente das espécies florestais nativas para a indústria é enorme, sendo que o elevado número de espécies arbóreas representa um expressivo acervo para a silvicultura brasileira.

Dentre as diversas espécies nativas com alto potencial para o desenvolvimento silvicultural e genético, destaca-se a *Zeyheria tuberculosa*, uma espécie da família Bignoniaceae, popularmente conhecida como ipê-felpudo, ipê-tabaco, ipê-preto ou bolsa-de-pastor. A espécie já possui alto valor comercial, no entanto, é classificada como vulnerável, na lista de plantas ameaçadas de extinção (BRASIL, 2021). A sua exploração é predatória nas matas nativas, o que pode alterar os padrões de fluxo gênico e diminuir o seu tamanho efetivo (N_e), levando, em última instância, à extinção local de suas populações (EL-KASSABY et al., 2019).

Suas populações ocorrem principalmente na região Sudeste, com registros, também, no Nordeste e Centro-Oeste do Brasil (LOHMANN, 2015). É uma árvore semidecídua, com 6 a 35 m de altura e 30 a 90 cm de DAP, na idade adulta (LOHMANN; PIRANI, 1996). O seu florescimento ocorre entre os meses de outubro a janeiro, sendo que os frutos amadurecem entre os meses de maio a junho, em Minas Gerais (LOPES; FERREIRA; BRANDÃO, 1996). É uma planta hermafrodita, polinizada por abelhas (SOUZA et al., 2017) e entra em estágio reprodutivo a partir de três anos de idade (VIANA, 1982).

O ipê-felpudo possui várias características favoráveis à domesticação, como o rápido crescimento (1 a 2 m de altura por ano), grande porte, crescimento monopodial acentuado, boa desrama natural, boa competitividade com outras espécies pioneiras, alta plasticidade, fácil propagação seminal, altos índices de rebrota e reconhecido valor madeireiro. A madeira é própria para utilização em obras internas, construções civis, dormentes, cabo de ferramentas e de instrumentos agrícolas (VIANA et al., 2002).

Os estudos científicos sobre melhoramento genético para *Z. tuberculosa*, ainda são incipientes. Garuzzo et al. (2021) realizaram um estudo sobre sua fase inicial de melhoramento genético, chegando, dentre outros, a resultados satisfatórios de progresso genético em populações selecionadas e viabilidade do processo de enxertia para formação de pomar de

recombinação clonal. Nesse estudo, constatou-se que as progênies de *Z. tuberculosa*, oriundas de 30 matrizes em 12 procedências, possuíam moderada variabilidade genética, viabilizando, portanto, seu progresso genético em programas de melhoramento. No entanto, ainda não existem estudos que caracterizam a diversidade genética em populações de ipê-felpudo, por meio de marcadores moleculares. O trabalho mais correlacionado foi um estudo de diversidade genética feito com marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), com a espécie de mesmo gênero, *Zeyheria montana* (BERTONI, 2003), o que torna o presente trabalho altamente relevante.

Marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) são empregados em estudos genéticos de populações florestais (WILLIAMS et al., 1990), para a caracterização da diversidade genética (BRANDÃO et al., 2015; SALIMATH et al., 1995; SILVA JÚNIOR et al., 2017; TEIXEIRA et al., 2020), que por sua vez, serve de base para estudos e programas de produção de sementes e clones de qualidade genética superior. Apesar de serem marcadores dominantes e, por isso, menos informativos, a utilização dos marcadores ISSR exerce vantagem sobre outros marcadores moleculares, superando, por exemplo, os problemas do elevado custo do AFLP, baixa reprodutibilidade do RAPD e a limitação dos SSRs por serem específicos à espécie (IDREES; IRSHAD, 2014).

O objetivo do presente trabalho foi quantificar a diversidade e estrutura genética de *Z. tuberculosa*, em um teste de progênies em fase juvenil e averiguar a viabilidade de formação futura de pomar de sementes por mudas (PSM). Para isso, foram realizadas: a) avaliação da diversidade e estrutura genética entre e dentro das progênies, por meio de marcadores ISSR; e b) avaliação do potencial da população estabelecida em ser utilizada como pomar de sementes por mudas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

A área experimental possui cerca de 1 ha e está localizada no Município de Ijaci – MG, na fazenda experimental Palmital (Figura 3.1), da Universidade Federal de Lavras, nas coordenadas 21°09'3''S e 44°55'55''W. Consiste em um teste com 71 progênes, com 15 repetições, totalizando 1 065 parcelas de planta única, em delineamento de blocos ao acaso. O espaçamento utilizado entre progênes foi de 3 x 3 m e as plantas estão consorciadas com outras três espécies florestais nativas de rápido crescimento (*Peltophorum dubium*, *Inga edulis* e *Guazuma ulmifolia*), no intuito de favorecer o crescimento em altura, além de diminuir ramificação e tortuosidade do fuste.

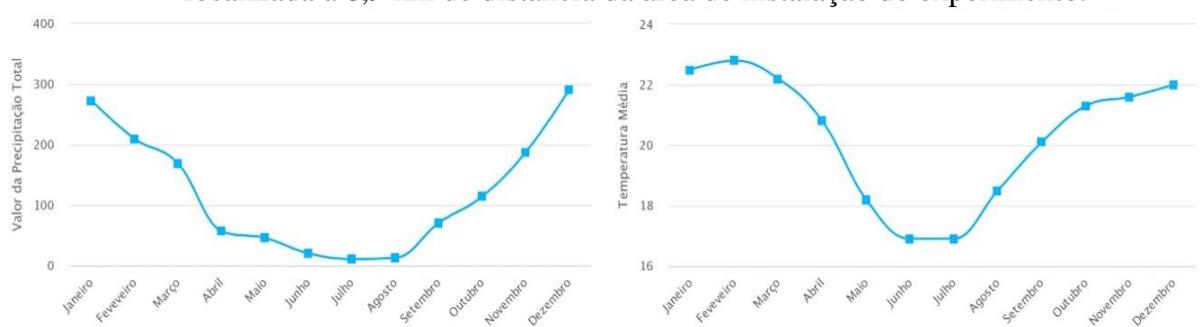
Figura 3.1 – Mapa de localização da área experimental, onde foi implantado o teste de progênes de *Zeyheria tuberculosa*, localizado na fazenda Palmital em Ijaci – MG.



Fonte: Do autor (2021).

A área está localizada em zona de ecótono entre os biomas Mata Atlântica e Cerrado, na região fitoecológica da Floresta Estacional Semidecidual (VELOSO et al., 1991). O solo é do tipo Latossolo Vermelho escuro, com altitude média de 858 metros. Segundo a classificação de Köppen-Geiger o tipo climático é o Cwa, clima subtropical com verão chuvoso e inverno seco. A temperatura média anual é de 19,9 °C, variando de 16,9 °C, nos meses de junho e julho a 22,8 °C, no mês de fevereiro; e precipitação média anual de 1 486 mm (INMET, 2021), com distribuição anual conforme a Figura 3.2.

Figura 3.2 – Gráfico de distribuição normal climatológica (1981 – 2010) de precipitação acumulada (mm) e temperatura média (°C) na estação climática de Lavras – MG, localizada à 8,9 km de distância da área de instalação do experimento.



Fonte: INMET, 2021.

2.2 Material genético

As sementes de *Zeyheria tuberculosa* utilizadas no experimento, foram coletadas de árvores isoladas, com características fenotípicas de interesse, como retidão, forma do fuste, simetria da copa e fitossanidade. Com o objetivo de obter ampla base genética da espécie, dando boas bases para o início do programa de melhoramento genético, o material foi coletado em seis municípios de Minas Gerais, sendo eles: Nepomuceno, Itumirim, Carmo da Mata, Mariana, Barra Longa e Ponte Nova. Não há, no entanto, interesse em se comparar as diferentes procedências. Além disso, foi respeitada a distância mínima de 50 m entre as matrizes, a fim de evitar parentescos, sendo a coordenada de cada árvore marcada com GPS.

As mudas foram produzidas no Viveiro Florestal da Universidade Federal de Lavras – UFLA. No beneficiamento, foi feita a remoção das sementes dos frutos, que são do tipo vagem bipartida, e posterior secagem ao ar livre. Para a produção das mudas foi feita a semeadura em tubetes de 180 cm³, dispostos em bandejas alocadas em canteiros suspensos, que receberam tratamentos de irrigação a cada três horas, com duração de cinco minutos por período. Em cada tubete, foram alocadas três sementes para posterior desbaste e seleção da melhor muda. Após 60 dias os tubetes foram alternados, a fim de otimizar o aproveitamento da luz solar.

2.3 Tratos silviculturais

A análise do solo na área e a adubação foram realizadas com base na recomendação para as espécies de eucalipto, uma vez que ainda não existe recomendação nutricional para *Z. tuberculosa*. Os adubos utilizados foram: 50 g de super-fosfato simples no fundo dos berços, 100 g de NPK (6-30-6) em coveta lateral aos 15 dias após o plantio, mais duas adubações de

cobertura com 50 g de NPK (20-5-20) ao longo do período chuvoso no primeiro ano e uma adubação adicional no segundo ano. O controle de formigas foi feito antes, durante e após o plantio, utilizando isca formicida próximo aos olheiros. As rondas para monitoramento de formigas permaneceram sendo realizadas a cada dois meses. O controle de plantas daninhas foi feito com a utilização de herbicidas pré e pós emergentes e roçada mecânica.

2.4 Mensuração florestal e seleção dos indivíduos para as análises moleculares

Em junho de 2021, aos 15 meses de idade, foi feita a mensuração de caracteres silviculturais de crescimento vegetativo: altura – ALT (m) e circunferência à altura do solo – CAS (cm); e dos caracteres adaptativos de sobrevivência – SOB (%) e número de ramos, com o propósito de quantificar os parâmetros genéticos utilizados na seleção genotípica. Os dados de altura foram coletados com uma régua de 2,5 m e a circunferência foi coletada com fita métrica.

Após a coleta dos dados dendrométricos, foram feitas as estimativas dos parâmetros genéticos, obtidas pela metodologia do modelo linear misto, por meio do procedimento REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Prediction*), empregando-se o *software* SELEGEN (RESENDE, 2016). Os parâmetros foram estimados utilizando o modelo 19, aplicado para avaliação de progênes de polinização aberta (meios-irmãos), delineamento de blocos completos, em um local, uma única avaliação de dados e uma observação por parcela, conforme o modelo estatístico (RESENDE, 2007):

$$y = Xr + Za + e$$

Em que, y: vetor de dados; r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a: vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X e Z: matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A análise REML/BLUP ordena os melhores indivíduos pelos seus valores genéticos aditivos preditos, servindo de base para a seleção. Para a realização das análises moleculares, foram selecionadas as 12 famílias de maiores desempenhos genéticos para o caractere de diâmetro à altura do solo (DAS), calculado a partir do CAS. A escolha do DAS como referência, se deve à sua maior acurácia de seleção, que confere maior precisão no ranqueamento. Dentro

de cada família, foram selecionados os 8 indivíduos de maiores valores genéticos aditivos preditos, totalizando 96 indivíduos.

Para análises de diversidade genética, folhas jovens dos 96 indivíduos foram coletadas, identificadas e armazenadas dentro de caixas de isopor, em saco de plástico contendo sílica, até serem levadas para refrigeração no Laboratório de Conservação Genética de Espécies Arbóreas, da Universidade Federal de Lavras, onde foram submetidas às análises via marcadores moleculares ISSR.

2.5 Extração de DNA

A extração do DNA genômico para a espécie *Z. tuberculosa* foi feita com base no protocolo CTAB (*cationic hexadecy bromide*), descrito por Doyle e Doyle (1990), com modificações. Nesse método, cerca de 150 mg de material foliar de cada indivíduo foi macerado utilizando o tampão de extração (2% de CTAB), Tris HCL 1 M (pH 8,0), EDTA 0,2 M (pH8,0), NaCl 1,4 M, 1% PVP (40) e 0,2% de β -mercaptoetanol e em seguida feita a extração do DNA com uma solução de clorofórmio e álcool isoamilico (24:1). As amostras foram precipitadas em isopropanol por 12 horas, depois centrifugadas e o DNA foi ressuspensionado em TE (Tris-HCL 1M pH 8,0 e EDTA 0,5 M pH 8,0).

Os microtubos contendo o DNA total foram acondicionados a -20 °C. A quantificação do DNA foi feita em gel de agarose 1%, por comparações com padrões de DNA em concentrações conhecidas. As diluições foram feitas de acordo com a concentração de cada amostra.

2.6 Amplificações ISSR

O volume da reação foi de 13 μ L, contendo: 3 μ L de DNA genômico, 1,3 μ L de tampão PCR IB (Phoneutria); 0,15 μ L de Taq DNA polimerase (Phoneutria) e 2 μ L de cada primer (2 mM). As reações para amplificação foram realizadas no Termociclador GeneAmp PCR System 9700, programado para 37 ciclos de 15 segundos para desnaturação a 94 °C; 30 segundos para o pareamento do *primer*, ou iniciador, ao DNA molde, a 47 °C; 1 minuto para extensão a 72 °C. Os *primers* ISSR que foram utilizados constam na Tabela 3.1.

Tabela 3.1 – *Primers* ISSR utilizados para amplificação do DNA genômico de *Z. tuberculosa*.

<i>Primers</i>	<i>Sequência do primer (5'-3')</i>
JOHN	(AG)7-YC
UBC 808	(AG)8-C
UBC 810	(GA)8-T
UBC 822	(TC)8-A
UBC 835	(AG)8-YC
UBC 840	(GA)8-YT
UBC 841	(GA)8-YC
UBC 842	(GA)8-YG
UBC 880	(GGAGA)3
UBC 886	VDV-(CT)7

Fonte: Do autor (2021).

Após a PCR, os produtos resultantes foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 1,5% com adição de *Gel Red*. O processo de eletroforese foi efetuado em cuba horizontal (Bio-RadSub-Cell®) acrescida de tampão TBE 1X (Tris-Borato EDTA) com duração média aproximada de 2 horas e 20 minutos, a 90 V. Para facilitar a identificação dos locos, foi utilizado um marcador de peso molecular (*Ladder*) de 1 kb.

Em sequência, os géis foram levados para o fotodocumentador de luz ultravioleta, retirada uma foto de câmera acoplada ao equipamento e salva pelo *software* de análise de imagens UVP DocItls. A genotipagem, que consiste na interpretação visual dos padrões de bandas dos géis, traduzidos em uma planilha-base onde o valor “1”, indica presença, e “0”, ausência de fragmentos amplificados de DNA. Cada linha de fragmentos amplificados é considerada um loco, que é caracterizado como polimórfico quando pelo menos um indivíduo difere dos demais.

2.7 Análises estatísticas

O número de bandas polimórficas necessárias para obter associações estáveis entre os indivíduos foi estimado utilizando a análise de *bootstrap*. Nessa análise foram realizadas simulações para cada par de indivíduos e de progênies por meio das estimativas de correlação (r) entre os valores da matriz de similaridade original e a matriz simulada com diferentes números de fragmentos. O valor de estresse (E), que indica o ajuste entre as matrizes também foi calculado com auxílio do programa GENES (CRUZ, 2016). Posteriormente, foi realizada uma análise descritiva dos dados, envolvendo número total de bandas (NTB), número de bandas polimórficas (NBP) e a porcentagem de bandas polimórficas (PBP) por *primer*. Além disso, os

valores do conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cada loco de ISSR foram calculados conforme o proposto por Roldan-Ruiz et al. (2000):

$$PIC_i = 2f_i (1 - f_i)$$

Em que, PIC_i : conteúdo de informação polimórfica do marcador i ; f_i : frequência dos fragmentos presentes na amostra; $1 - f_i$: frequência dos fragmentos ausentes.

A matriz binária foi submetida a análises estatísticas, com comparações entre e dentro de progênies. Foram estimados os parâmetros de diversidade genética, tais como número de alelos observados (A_o), número de alelos efetivos (A_e), diversidade genética de Nei (H^*) (NEI, 1978) e índice de Shannon (I^*) (SHANNON; WEAVER, 1949), que classificam a diversidade genética contida na população e entre as progênies que a compõem, utilizando o programa POPGENE (YEH et al., 1997).

Em seguida, foram determinados os coeficientes de similaridade entre os genótipos com base no coeficiente de Jaccard (JACCARD, 1901), que por sua vez, gera a dissimilaridade por complementaridade. Assim, os valores da dissimilaridade entre os indivíduos e progênies foram utilizados na análise de agrupamento, pelo método de agrupamento de médias aritméticas não ponderadas (UPGMA). Para esse método, torna-se necessário o cálculo do ponto de corte estimado de acordo com Mojena (1977), que determina a formação de grupos geneticamente distintos. Foi calculado também o coeficiente de correlação cofenética (CCC) entre a matriz de dissimilaridade genética e a matriz dos valores cofenéticos a fim de verificar a consistência dos agrupamentos. Todas estas análises foram realizadas pelo programa GENES (CRUZ, 2016). No entanto, considerando a amostragem total de indivíduos, para a obtenção da imagem gráfica na forma de um dendrograma circular, a matriz de dissimilaridade foi exportada para o *software* R (R CORE TEAM, 2016), utilizando os pacotes *vegan* (OKSANEN et al., 2018), *cluster* (MAECHLER et al., 2019), *dendextend* (GALILI et al., 2020), *factorextra* (KASSAMBARA; MUNDT, 2020), *ggpubr* (KASSAMBARA, 2020), *cowplot* (WILKE, 2019) e *gridExtra* (AUGUIE; ANTONOV, 2017).

Para a avaliação da estruturação genética foi realizada a análise de variância molecular (AMOVA) com dois níveis hierárquicos, ou seja, entre e dentro de progênies, por meio do programa Genes (CRUZ, 2016). Além disso, a determinação do número de grupos genéticos (K) observados na população estabelecida, foi obtida por abordagem Bayesiana por meio do *software* Structure 2.3 (FALUSH; STEPHENS; PRITCHARD, 2007). Nessa análise foram

padronizadas 20 corridas para cada valor de K , estabelecendo o número de grupos variando de um a três grupos a mais do que o número de procedências utilizadas na coleta das sementes, ou seja, $K = 1$ a $K = 9$ (6 procedências + 3 grupos), com 7.500 interações e um descarte inicial (*burn-in*) de 2.500 interações, totalizando 10.000 interações de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). Por fim, os resultados foram exportados para o *software* Structure Harvester (EARL; VONHOLDT, 2012), sendo o número de grupos genéticos determinado pelo método ad hoc ΔK (EVANNO; REGNAUT; GOUDET, 2005).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Progênies selecionadas para análise molecular

Na análise dos parâmetros genéticos obtidos pelo método REML/BLUP, dos dados quantitativos de altura (ALT) e diâmetro à altura do solo (DAS), observou-se que o DAS obteve o maior valor de acurácia seletiva, sendo de 0,82, o que indica maior precisão no ranqueamento. Esta foi, portanto, a característica mais apropriada para se fazer a seleção das famílias e dos indivíduos dentro das famílias, que possuíam maiores valores genéticos. Optou-se pela seleção de famílias e não de indivíduos, uma vez que o objetivo principal não foi a seleção em campo, mas utilizá-la como um critério de amostragem do material genético da população para análise de diversidade genética via marcadores moleculares.

Das 71 progênies avaliadas em campo, 12 foram selecionadas para as análises moleculares (Tabela 3.2). A família de maior destaque foi a número 3, apresentando efeito genético aditivo predito (a) de 1,56 cm para DAS, enquanto a família 77, selecionada em último lugar (12º) no ranking, apresentou o valor de 0,64 cm para o mesmo efeito. O ganho de seleção da população selecionada foi estimado em 1,17 cm e a nova população passaria a ter média de 3,79 cm de diâmetro.

Tabela 3.2 – Acurácia e desvio padrão do valor genotípico predito (u + g), assumindo sobrevivência completa e componentes da média (cm) para característica de diâmetro à altura do solo (DAS) de 12 progênies de *Zeyheria tuberculosa* com maiores desempenhos genéticos, aos 15 meses de idade.

Ordem	Genótipo	u + g	Acurácia	LIIC	LSIC	f	a	Ganho	Nova Média
1	3	3,40	0,79	2,85	3,95	3,95	1,56	1,56	4,18
2	6	3,30	0,79	2,75	3,85	3,76	1,36	1,46	4,08
3	73	3,28	0,79	2,73	3,84	3,59	1,32	1,41	4,03
4	74	3,25	0,81	2,72	3,77	3,61	1,25	1,37	3,99
5	22	3,05	0,79	2,49	3,60	3,33	0,85	1,27	3,89
6	7	3,05	0,79	2,49	3,60	3,34	0,85	1,20	3,82
7	12	3,01	0,81	2,49	3,54	3,18	0,78	1,14	3,76
8	59	2,98	0,74	2,38	3,58	3,21	0,72	1,08	3,71
9	41	2,98	0,74	2,38	3,58	3,26	0,71	1,04	3,67
10	10	2,96	0,80	2,42	3,50	3,19	0,67	1,00	3,63
11	70	2,95	0,79	2,40	3,50	3,04	0,66	0,97	3,60
12	77	2,94	0,81	2,42	3,47	3,08	0,64	0,95	3,57
Média		3,03	0,79	2,49	3,59	3,30	0,81	1,17	3,79

Legenda: u + g: valores genotípicos preditos; LIIC: limite inferior; LSIC: limite superior; f: valor fenotípico; a: efeito genético aditivo predito.

Fonte: Do autor (2022).

3.2 Análise descritiva dos primers ISSR

Após o teste, dez *primers* ISSR foram escolhidos por possuírem bom padrão de amplificação, com adequada nitidez e definição das bandas. Ao todo, foram observadas 91 bandas, sendo 82 polimórficas, o que corresponde a 90,1% de polimorfismo (Tabela 3.3). O número de bandas por *primer* variou de 5 (UBC 886) a 14 (UBC 810 e UBC 835), com média de 9 bandas por iniciador. Três *primers*, sendo eles UBC 822, UBC 841 e UBC 880, tiveram 100% das suas bandas polimórficas, enquanto o *primer* John obteve apenas 66,7% de bandas polimórficas.

Os resultados corroboram com Lorenzoni et al. (2014), que ao trabalharem com marcadores ISSR em acessos de biribazeiro, obtiveram 81,3% de polimorfismo e média de 9 bandas por *primer*. Já Ramalho et al. (2016), em estudo de diversidade com *Bertholletia excelsa*, obtiveram 88,6% de polimorfismo e média de 6 bandas por *primer*. Rajasekharan et al. (2017) obtiveram 88% de polimorfismo em trabalho com *Oroxylum indicum*, espécie que também é da família Bignoniaceae.

A porcentagem de bandas polimórficas é um indicativo de que os iniciadores ISSR utilizados foram eficientes em detectar polimorfismos entre os indivíduos e as progênes avaliadas. Os polimorfismos, por sua vez, correspondem às variabilidades genéticas encontradas nas espécies, essenciais para suas sobrevivências e adaptações frente às pressões ambientais (CRUZ, FERREIRA, PESSONI, 2011).

Quanto ao conteúdo de informação polimórfica (PIC), que mede a eficiência dos marcadores, o valor encontrado foi de 0,44 para os dados conjuntos, variando entre 0,28 e 0,41 entre os iniciadores. Tatikonda et al. (2009), classificam os valores de PIC entre pouco informativos (de 0 a 0,25), moderadamente informativos (> 0,25 a 0,45) e altamente informativos (> 0,45 a 0,5), o que nos leva a concluir que todos os marcadores ISSR utilizados neste estudo são moderadamente informativos, sendo satisfatórios para mensurar a diversidade genética na população de ipê-felpudo (Tabela 3.3).

A análise *bootstrap* mostrou que o número ótimo de bandas ISSR para a caracterização da diversidade genética foi 75, uma vez que a correlação (r) entre a matriz de similaridade original e a matriz simulada, foi de 0,9916 (máximo = 1) e o valor de estresse (E) foi de 0,0283 ($p < 0,05$), conforme a Figura 3.3. Portanto, as 82 bandas polimórficas analisadas foram mais que suficientes para a estimativa precisa da diversidade genética, indicando elevada confiabilidade para os marcadores escolhidos.

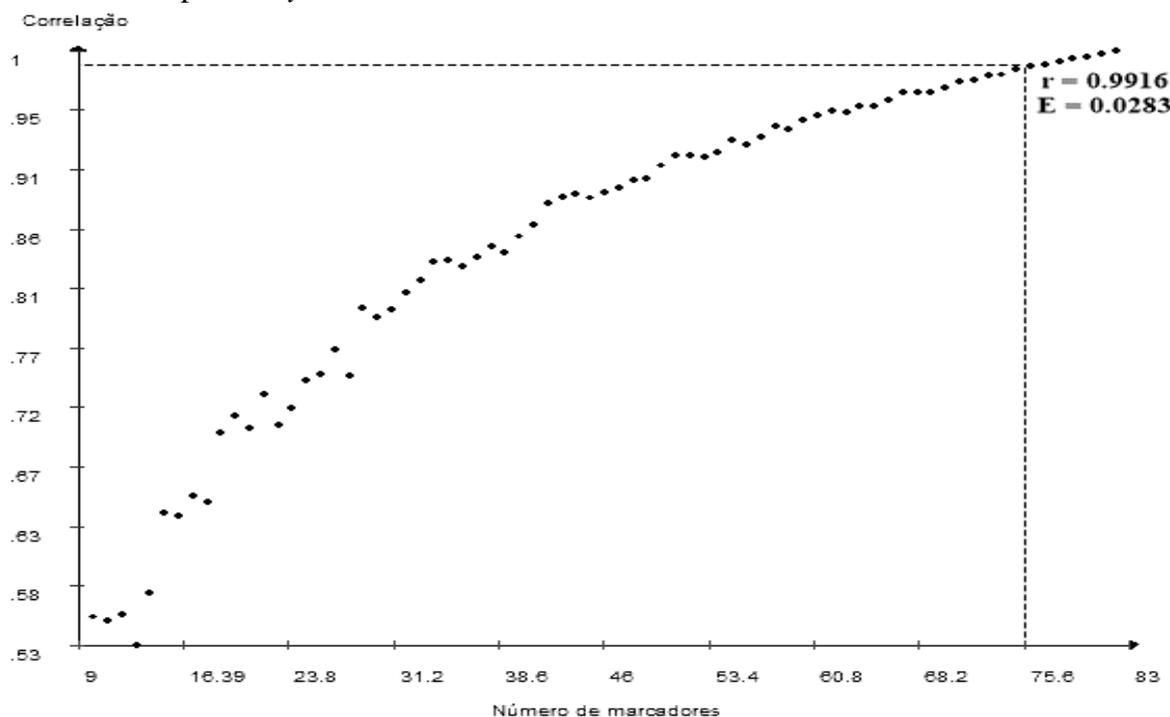
Tabela 3.3 – Análise descritiva dos *primers* ISSR selecionados para avaliação em *Zeyheria tuberculosa*.

<i>Primers</i>	Sequência do primer (5'-3')	NTB	NBP	PBP (%)	PIC
JOHN	(AG)7-YC	9	6	66,66	0,34
UBC 808	(AG)8-C	9	8	88,88	0,40
UBC 810	(GA)8-T	14	13	92,85	0,33
UBC 822	(TC)8-A	9	9	100,00	0,28
UBC 835	(AG)8-YC	14	13	92,85	0,34
UBC 840	(GA)8-YT	7	6	85,71	0,30
UBC 841	(GA)8-YC	10	10	100,00	0,38
UBC 842	(GA)8-YG	7	6	85,71	0,41
UBC 880	(GGAGA)3	7	7	100,00	0,35
UBC 886	VDV-(CT)7	5	4	80,00	0,35
Total	-	91	82	90,10	0,44

Legenda: NTB: Número total de bandas; NBP: Número de bandas polimórficas; PBP: Percentagem de bandas polimórficas; PIC: conteúdo da informação de polimorfismo. *A = Adenina; T = Timina; C = Citosina; G = Guanina; H = (A, T ou C); R = (A ou G); V = (A, C ou G) e Y = (C ou T).

Fonte: Do autor (2022).

Figura 3.3 – Estimativas das correlações entre as similaridades genéticas obtidas pela análise de *bootstrap* e o número ótimo de fragmentos obtidos para as populações da espécie *Zeyheria tuberculosa*.



Fonte: Do autor (2022).

3.3 Diversidade genética

Na quantificação de alelos por progênie, observa-se que a progênie 7 apresentou o maior número de alelos observados (A_o), sendo de 1,70 e de alelos efetivos (A_e), com o valor de 1,49 (Tabela 3.4). Maiores valores de alelos, tanto A_o quanto A_e , indicam a maior presença e melhor distribuição destes dentro da progênie. No caso, estes valores podem indicar que a matriz 7 teve melhor desempenho na fecundação cruzada, antes da coleta de sementes, talvez pela maior ocorrência de polinizadores no local onde a matriz se encontra, ou pela maior proximidade com outros indivíduos geneticamente distintos.

Já as progênies 3 e 73 apresentaram os menores valores de A_o , sendo 1,51, enquanto a progênie 6 apresentou o menor valor de A_e , sendo de 1,33. Ainda assim os valores indicam uma distribuição satisfatória dos alelos na progênie. Ademais, ao se observarem os dados conjuntos, o número total de A_o foi de 2 alelos por locos, enquanto A_e foi de 1,61 (Tabela 3.4). Pode-se inferir, portanto, que os alelos detectados na população estão bem distribuídos entre seus indivíduos, indicando que a coleta de sementes para a formação do teste foi realizada de forma correta, possibilitando a existência de diferentes alelos.

Os valores de diversidade apresentados pelo índice de Nei (H^*) foi de 0,35 e pelo índice de Shannon (I^*) foi de 0,52 (Tabela 3.4). O valor do índice de Shannon pode variar entre 0 e 1, sendo que quanto mais próximo de 1 maior é a diversidade genética da população (SHANNON; WEAVER, 1949). Para populações de *Z. tuberculosa* ainda não existem estudos que apontem a diversidade genética por marcadores ISSR. No entanto, ao se comparar metodologias semelhantes aplicadas a outras espécies florestais nativas, pode-se considerar que a diversidade genética contida na população em estudo é de intermediária a alta (BORGES et al., 2016; LOPES; COSTA; ARRIEL, 2020). Resultados similares foram encontrados, por exemplo, por Pimenta et al. (2022), que ao trabalharem com marcadores ISSR em 30 indivíduos de *Handroanthus impetiginosus*, também da família Bignoniaceae, obtiveram os mesmos valores de diversidade ($H = 0,35$ e $I = 0,52$). Assim como Souza et al. (2018), que com apenas 15 indivíduos de *Plathymenia reticulata*, oriundos de um único fragmento, obtiveram os valores de $H = 0,38$ e $I = 0,55$.

Os valores de diversidade genética por progênies permitem identificar quais progênies contribuem mais e menos para o aumento da diversidade genética da população. Neste trabalho, destacam-se as progênies 41, 59, 10 e 7, que apresentaram os maiores valores de diversidade, enquanto as progênies 73, 3 e 6 apresentaram os menores valores (Tabela 3.4). Os níveis

satisfatórios de diversidade genética encontrados nas famílias selecionadas demonstram o quanto as populações da espécie têm conseguido manter a sua base genética mesmo frente aos enormes distúrbios gerados pela sua exploração predatória ao longo da história, assim como pela enorme fragmentação de seus habitats naturais.

Tabela 3.4 – Número de alelos e diversidade genética estimados para as progênes da espécie *Zeyheria tuberculosa*, por meio de marcadores ISSR.

Progênes	A _O	A _E	H*	I*
3	1,51	1,36	0,20	0,29
6	1,55	1,33	0,19	0,29
73	1,51	1,35	0,19	0,28
74	1,57	1,36	0,21	0,31
22	1,56	1,41	0,22	0,32
7	1,70	1,49	0,27	0,40
12	1,63	1,38	0,22	0,33
59	1,68	1,44	0,25	0,37
41	1,64	1,44	0,25	0,36
10	1,69	1,46	0,26	0,38
70	1,56	1,37	0,21	0,31
77	1,62	1,37	0,21	0,32
Média	1,60	1,39	0,22	0,33
Total	2,00	1,61	0,35	0,52

Legenda: A_O: Número de alelos observados; A_E: Número de alelos efetivos; H*: Índice de diversidade genética de Nei e; I*: Índice de Shannon.

Fonte: Do autor (2022).

No entanto, novos estudos sobre a diversidade genética de populações de ipê-felpudo são importantes para subsidiar trabalhos que priorizem, tanto a conservação, quanto a domesticação de suas populações naturais, que ainda sofrem grande ameaça, além de possuírem enorme potencial para a silvicultura da espécie.

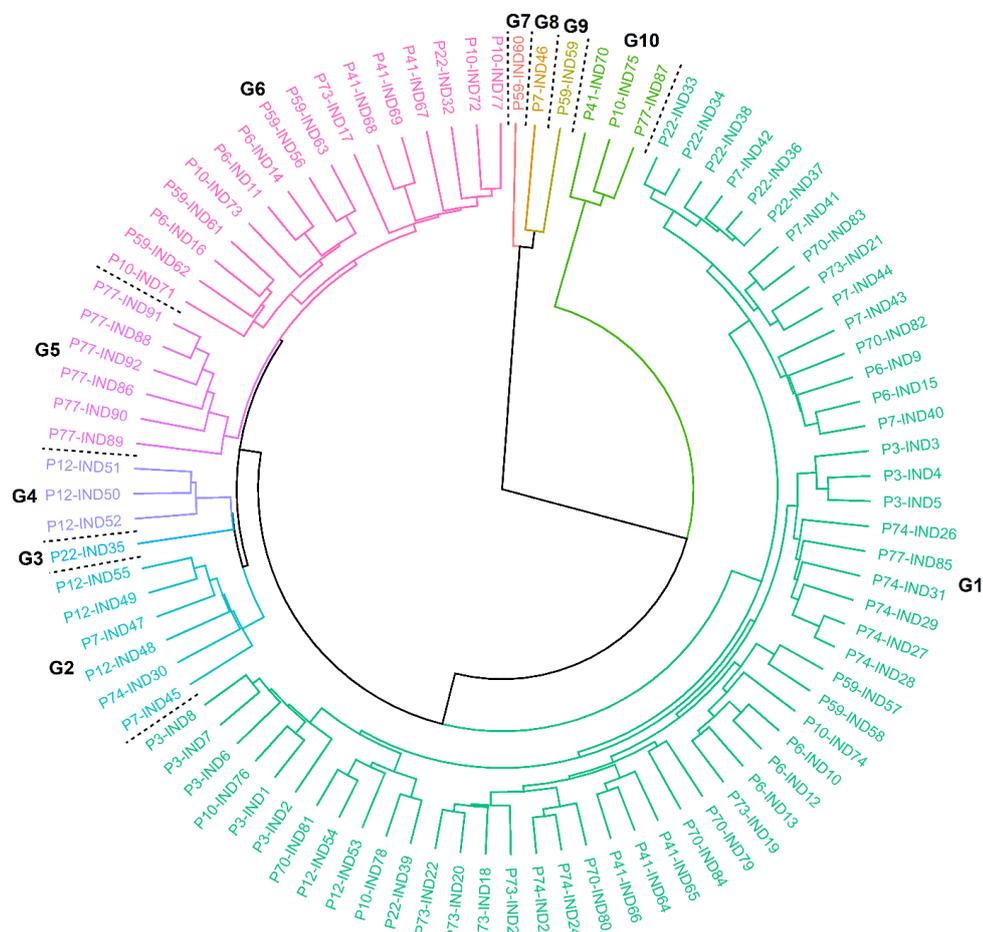
3.4 Estrutura genética

A análise de agrupamento UPGMA realizada para indivíduos resultou na formação de 10 grupos (Figura 3.4). O maior grupo foi o G1, com 54 indivíduos, seguido do G6, com 16 indivíduos. O G1 é constituído por todas as progênes, sendo que as progênes mais representativas do grupo são as famílias 3, que está inteiramente contida nesse grupo (8 indivíduos) e 74, com 7 indivíduos no grupo. Já o G6 é representado por 6 das 12 famílias selecionadas, sendo que as famílias 10 e 59 são as mais representativas do grupo, com 4 indivíduos cada. O G5 é composto exclusivamente pela progênie 77, com 6 indivíduos. Além

disso, outros grupos pequenos foram formados contendo 3 indivíduos (G4 e G10) e outros contendo apenas 1 indivíduo (G3, G7, G8 e G9).

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 84%. O valor de CCC representa a correlação entre as medidas de dissimilaridade e as medidas gráficas formadas a partir do dendrograma. Valores iguais ou maiores que 56% são considerados satisfatórios para validar o agrupamento dos indivíduos segundo as medidas de dissimilaridade genética (VAZ PATTO et al., 2004).

Figura 3.4 – Análise de agrupamento entre indivíduos da espécie *Zeyheria tuberculosa* avaliados por marcadores ISSR, obtido pelo método UPGMA, com um ponto de corte igual a 0.429. Coeficiente de correlação cofenética (CCC): 84%.



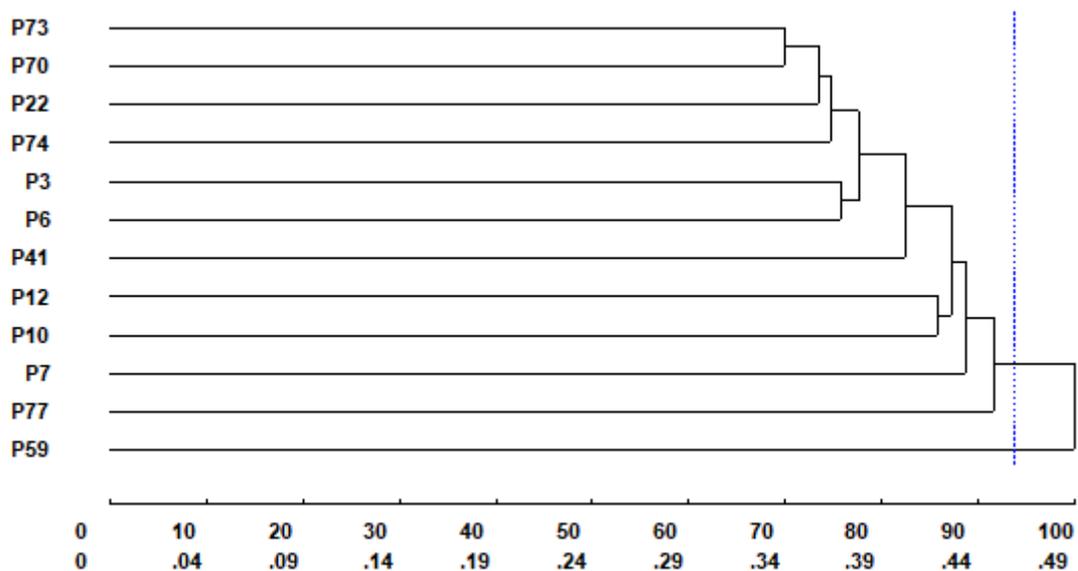
Fonte: Do autor (2022).

Já a análise UPGMA realizada para as famílias, identificou a formação de dois grupos (Figura 3.5). O primeiro grupo é composto apenas pela progênie 59, enquanto o segundo grupo contém todas as outras progênies. O coeficiente de correlação cofenética para esse agrupamento

foi de 91%, o que demonstra consistência para os grupos formados segundo a matriz de dissimilaridade.

Para futuros trabalhos de seleção e recombinação a serem realizados na mesma área deste estudo, vale a pena considerar a inclusão de indivíduos da progênie 59, que pode contribuir enormemente para a manutenção da variação entre as progênies selecionadas. Além disso, deve-se priorizar a inclusão de indivíduos que representem os dez diferentes grupos formados no primeiro agrupamento (Figura 3.4). Tal cuidado ao se praticar a seleção de indivíduos, pode evitar a ocorrência da deriva genética e do consequente aumento da endogamia nas futuras populações de melhoramento. Além disso, a manutenção de indivíduos com maiores distâncias genéticas em um mesmo povoamento, está diretamente relacionada ao aumento da qualidade genética das sementes.

Figura 3.5 – Análise de agrupamento entre progênies da espécie *Zeyheria tuberculosa* avaliados por marcadores ISSR, obtido pelo método UPGMA com ponto de corte igual a 0.463. Coeficiente de correlação cofenética (CCC): 91%.



Fonte: Do autor (2022).

O valor de Φ_{st} (Tabela 3.5) representa a diferenciação genética entre as progênies, sendo classificados como baixa diferenciação (0 a 0,05), moderada diferenciação (> 0,05 a 0,15), grande diferenciação (> 0,15 a 0,25) e alta diferenciação (> 0,25) (WRIGHT, 1978). Portanto, os dados obtidos, segundo os marcadores ISSR utilizados, indicam grande diferenciação genética entre as progênies ($\Phi_{st} = 0,1991$). Ainda assim, ao se comparar a variação genética existente entre e dentro de progênies, observa-se que o percentual de variação é maior dentro (80,1%) do que entre (19,9%). Esse resultado também é comprovado pela formação de mais

grupos no dendrograma obtido para indivíduos (10 grupos) do que o dendrograma por família (2 grupos).

Apesar de haverem poucas informações a respeito da biologia reprodutiva da espécie, a maior variação genética contida dentro das progênies de *Zeyheria tuberculosa*, pode ser por se tratar de uma espécie alógama (SAMPAIO, 2010), em que os indivíduos realizam a fecundação cruzada para produção das sementes, aumentando a variação genética dentro de cada progênie. Já a menor variação entre progênies revela o quanto as árvores matrizes das progênies selecionadas, por mais que estejam bem distribuídas ao longo de quatro municípios (Barra Longa, Carmo da Mata, Nepomuceno e Ponte Nova) no estado de Minas Gerais, ainda mantém elevada semelhança genética entre si. Essa semelhança pode estar associada ao fluxo gênico ocorrido no passado, antes do processo antrópico de fragmentação da paisagem natural, caracterizada por áreas de vegetação contínua e conectada (THOMAZ, 2010).

Tabela 3.5 – Análise da variância molecular entre e dentro de progênies da espécie *Zeyheria tuberculosa*.

Fonte de variação	Graus de liberdade	Soma dos quadrados	Componentes de Variância	Variância (%)
Entre progênies	11	324,60	2,52	19,91
Dentro de progênies	80	812,71	10,15	80,09
Total	91	1137,31	12,67	-
$\Phi_{st} = 0,1991$				

Fonte: Do autor (2022).

Tais informações devem ser consideradas para a realização de seleção do material genético que dará suporte para a formação do pomar de sementes melhoradas geneticamente. Visando obter maior eficiência, deve-se priorizar a seleção dos melhores indivíduos de cada progênie, e não das melhores progênies como um todo. Assim, a maior variação genética pós seleção será mantida, aumentando o vigor híbrido das sementes, além de ampliarem os ganhos genéticos da população selecionada.

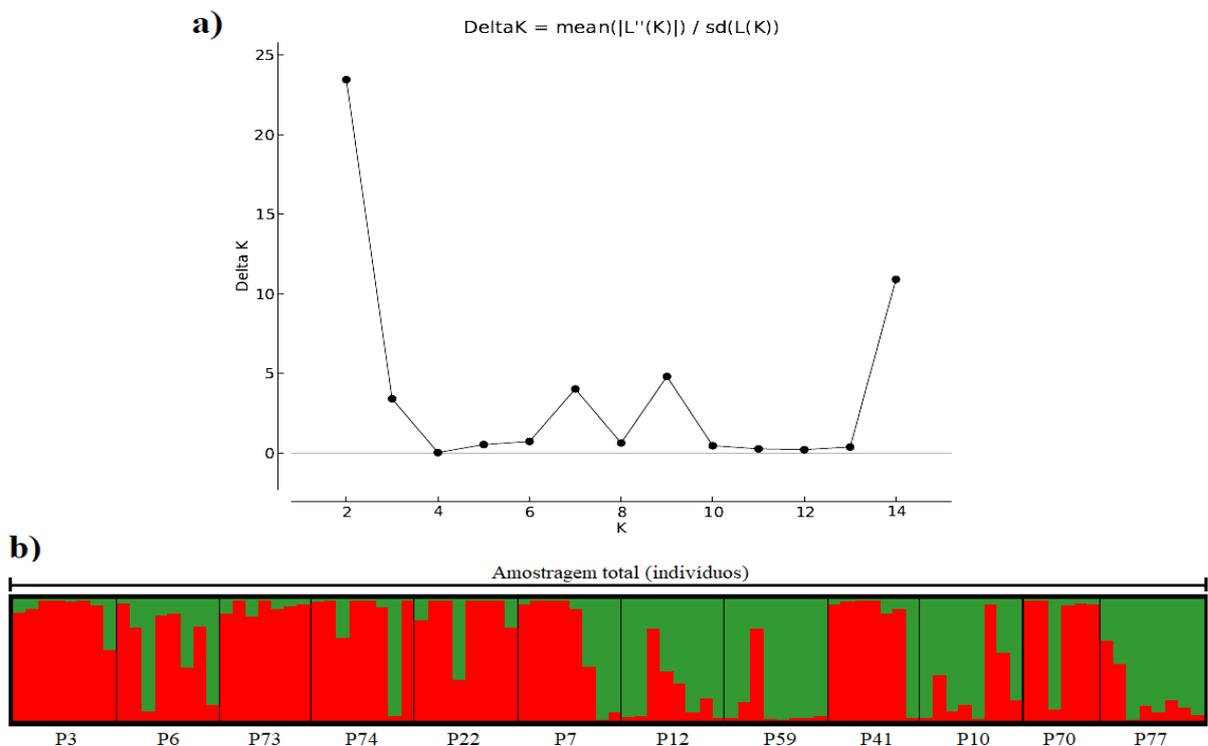
Segundo a análise Bayesiana houve formação de dois grupos distintos (Figura 3.6), evidenciando que a população ainda não é estruturada. O primeiro grupo, com maior proporção de indivíduos em vermelho, inclui as progênies 3, 22, 41, 70, 73 e 74. Já o segundo grupo, com maioria verde, inclui principalmente as progênies 10, 12, 59 e 77. Estes resultados divergem do agrupamento pelo método UPGMA e são devidos a diferenças no método estatístico de cada análise. No entanto é possível notar certa semelhança entre os resultados, como por exemplo, a

prevalência da cor verde dentro da progênie 59, o que mostra novamente sua maior divergência em relação às outras.

Mesmo com a formação de grupos claramente distintos entre as progênies, nota-se, contudo, que todas as progênies compartilham alelos entre si, ainda que de maneira não homogênea. Isso pode ser observado pela presença das duas cores dentro de todas as progênies (Figura 3.6).

Ressalta-se que o presente estudo foi feito com uma amostra da população, com o propósito de capturar a diversidade genética da espécie, simulando uma seleção precoce. Nesse sentido, infere-se que mesmo após uma seleção, a população de *Z. tuberculosa* ainda manterá níveis suficientes de diversidade genética para a continuidade do programa de melhoramento genético. Além disso, é possível recorrer às árvores matrizes, como forma rápida de coleta de sementes, já sabendo quais delas possuem maior diversidade genética, assim como maiores distâncias genéticas entre si.

Figura 3.6 – Abordagem Bayesiana (software STRUCTURE) envolvendo 12 progênies e 92 indivíduos de *Zeyheria tuberculosa*.



Fonte: Do autor (2022).

Os indivíduos e progênies analisadas nesse estudo revelam enorme potencial de comporem um pomar de sementes melhoradas, por possuírem uma satisfatória diversidade genética, sustentada pelos valores do índice de Nei, índice de Shannon e pela formação de grupos distintos pelo método UPGMA e pela análise Bayesiana. Esses resultados são importantes para subsidiar estratégias de melhoramento genético e conservação da diversidade genética dessa e de outras populações de ipê-felpudo.

4 CONCLUSÕES

Os marcadores ISSR se mostraram eficientes para detectar polimorfismos no teste de progênies para *Zeyheria tuberculosa*;

A diversidade genética capturada nas progênies é considerada de intermediária a alta ($H= 0,35$; $I= 0,52$), sendo a variância molecular maior dentro das progênies (80,09%) do que entre progênies (19,91%);

O teste de progênies de *Zeyheria tuberculosa* implantado contém diversidade genética suficiente para futuras seleções no intuito de obter ganho genético mantendo níveis satisfatórios de variação genética;

As análises de agrupamento UPGMA e Bayesiana revelaram a formação de grupos geneticamente distintos, demonstrando a viabilidade de se formarem combinações entre indivíduos mais divergentes;

O teste de progênies de *Z. tuberculosa* analisado possui diversidade genética suficiente para formação de pomar de sementes por mudas.

REFERÊNCIAS

- AUGUIE, B.; ANTONOV, A. **Miscellaneous Functions for “Grid” Graphics**. R package version 2.3. 2017. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/gridExtra/gridExtra>
- BEECH, E. et al. GlobalTreeSearch: The first complete global database of tree species and country distributions. **Journal of Sustainable Forestry**, v. 36, n. 5, p. 454-489, 2017.
- BERTONI, B. W. **Propagação, variabilidade genética e química de *Zeyheria montana* Mart.** 2003. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2003. 165 f.
- BORGES, R. C. et al. Investigating genetic diversity in sapucaia using inter simple sequence repeat markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.
- BRANDÃO, M. M. et al. Genetic diversity of neotropical tree *Myrcia splendens* (Myrtaceae) in a fragment-corridor system in the Atlantic rainforest. **Flora**, v. 216, p. 35-41, 2015.
- BRASIL. Ministério do Meio Ambiente. **Portaria nº 561**, de dezembro de 2021. Diário oficial da união. Ed. 236, Brasília, DF. s. 1, p. 202, dez. 2021.
- CRUZ, C. D. Genes software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011,
- DOYLE, I. J.; DOYLE, J. L. **Isolation of plant from fresh tissue**. Focus, Rockville, v. 12, p. 13-15, 1990
- EARL, D. A.; VONHOLDT, B. M. Structure Harvester: a website and program for visualizing Structure output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resourch**, v. 4, p. 359-361, 2012.
- EL-KASSABY, Y. A. et al. Concept for gene conservation strategy for the endangered Chinese yellowhorn, *Xanthoceras sorbifolium*, based on simulation of pairwise kinship coefficients. **Forest Ecology and Management**, v. 432, p. 976-982, 2019.
- EVANNO, G., REGNAUT, S., GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software Structure: a simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, p. 2611-2620, 2005.
- FALUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. **Molecular Ecology Notes**, v. 7, n. 4, p. 574-578, 2007.
- GALILI, T. et al. **Extending 'dendrogram' Functionality in R**. R package version 1.13.4. 2020. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/dendextend/dendextend>

- GARUZZO, M. S. P. B. et al. Genetic progress in breeding population of *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo): from theoretical predictions to clonal recombination orchard assembly. **Scientia Forestalis**, v. 49, n. 131, p. 1-14, 2021.
- IDREES, M.; IRSHAD, M. Molecular markers in plants for analysis of genetic diversity: a review. **European Academic Research**, v. 2, n. 1, p. 1513-1540, 2014.
- INDÚSTRIA BBRASILEIRA DE ÁRVORES – IBÁ. **Relatório anual IBÁ**. Brasília, 2021, p. 176.
- INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA – INMET. **Boletins agroclimatológicos**. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 2021. Disponível em: <https://portal.inmet.gov.br/boletinsagro>
- JACCARD, P. Etude comparative de la distribution florale dans une porion des Alpes et des Jura. **Bulletin de la Societe Vaudoise des Sciences Naturelles**, v. 37, p. 547-579, 1901.
- KASSAMBARA, A. '**ggplot2**' Based Publication Ready Plots. R package version 0.4.0. 2020. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/ggpubr/ggpubr>
- KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. **R package version 1.0.5. 2017**. 2020. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>
- LOHMANN, L. G. **Bignoniaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2015. Disponível em: <http://floradobrasil2015.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB112305>
- LOHMANN, L. G.; PIRANI, J. R. *Tecomeae* (Bignoniaceae) da cadeia do Espinhaço, Minas Gerais e Bahia, Brasil. **Acta Botanica Brasilica**, v. 10, n. 1, p. 103-138, 1996.
- LOPES, B. C.; FERREIRA, M. B. D.; BRANDÃO, M. Sombreamento em pastagens: espécies recomendadas para as diversas regiões do Estado de Minas Gerais. **Daphne**, v. 6, n. 4, p. 7-15, 1996.
- LOPES, J. D. S.; COSTA, M. R. J.; ARRIEL, D. A. A. Genetic diversity of potential mother trees of *Myracrodruon urundeuva* Allemão in a remnant population from Brazilian Cerrado using ISSR. **Advances in Forestry Science**, v. 7, p. 1017-1024, 2020.
- LORENZONI, R. M. et al. Utilização de marcadores ISSR na avaliação da diversidade genética entre acessos de biribazeiro. **V Congresso Internacional & Encontro Brasileiro sobre Annonaceae: do gene à exportação**. Botucatu – SP, v. 36, p. 251-257, 2014.
- MAECHLER, M. et al. **Finding Groups in Data: Cluster Analysis Extended Rousseeuw et al**. R package version 2.1.0. 2019. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/cluster/cluster>
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.

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

OKSANEN, J. et al. **Vegan**: Community Ecology Package. R package version 2.4-5. 2018. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>

PIMENTA, J. M. A. et al. Selection of ISSR molecular primers for studies of genetic diversity in *Handroanthus impetiginosus* (Mart. EX DC.) Mattos. **Revista Caatinga**, v. 35, n. 1, p. 231-238, 2022.

R CORE TEAM. R: a language and environments for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Áustria, 2016.

RAJASEKHARAN, P. E. et al. Genetic diversity in *Oroxylum indicum* (L.) Vent., a threatened medicinal plant from India by ISSR analysis. **Indian Journal of Biotechnology**, v. 16, p. 360-368, 2017.

RAMALHO, A. B. et al. Diversidade genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Floresta**, v. 46, n. 2, p. 207-214, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

ROLDAN-RUIZ, I. et al. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium spp.*). **Molecular Breeding**, n. 6, p. 125-134, 2000.

SALIMATH, S. S. et al. Assessment of genome origins and genetic diversity in the genus *Eleusine* with DNA markers. **Genome**, v. 38, p. 757-763, 1995.

SAMPAIO, D. S. **Biologia reprodutiva de espécies de Bignoniaceae ocorrentes no Cerrado e variações no sistema de autoincompatibilidade**. 2010. Tese (Doutorado em Ecologia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2010. 239 f.

SHANNON, C. E.; WEAVER, W. A. **Mathematical model of communication**. Urbana: University of Illinois Press, 1949.

SILVA JÚNIOR, A. L. et al. Genetic diversity of *Schizolobium parahyba* var. *amazonicum* (Huber ex. Ducke) Barneby, in a forest area in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-11, 2017.

SOUZA, C. V. et al. Floral biology, nectar secretion pattern and fruit set of a threatened Bignoniaceae tree from Brazilian tropical forest. **Flora**, v. 227, p. 46-55, 2017.

SOUZA, L. C. et al. Validação do marcador molecular ISSR para detecção de diversidade genética em *Plathymenia reticulata* Benth. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.13, n.1, 2018.

- TATIKONDA, L. et al. AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of *Jatropha curcas* L. biofuel plant. **Plant Science**, v. 176, p. 505-513, 2009.
- TEIXEIRA, G. C. et al. Genetic diversity analysis of two *Eucalyptus* species using ISSR markers. **Ciência Florestal**, v. 30, n. 1, p. 270-278, 2020.
- THOMAZ, L. D. Mata Atlântica no estado do Espírito Santo, Brasil: de Vasco Fernandes Coutinho ao século 21. **Boletim do Museu de Biologia Mello Leitão**, n. 27, p. 5-20, 2010.
- VAZ PATTO, M. C. et al. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, v. 137, n. 1, p. 63-72, 2004.
- VELOSO, H. P.; RANGEL FILHO, A. L. R.; LIMA, J. C. A. **Classificação da vegetação brasileira adaptada a um sistema universal**. Rio de Janeiro: FIBGE, 1991.
- VIANA, V. M. Conservação genética “*ex situ*” do ipê-felpudo (*Zeyhera tuberculosa*). **Silvicultura em São Paulo**, v. 16, p. 1028-1031, 1982.
- VIANA, V. M. et al. Manejo de la regeneracion natural para la formacion de sistemas agroflorestales ganaderos. **Agroforestria en las Américas**, v. 9, n. 33, p. 1-9, 2002.
- WILKE, C. O. **Streamlined Plot Theme and Plot Annotations for 'ggplot2'**. R package version 1.0.0. 2019. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/cowplot/cowplot>
- WILLIAMS, J. et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, 1990.
- WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of populations: variability within and among natural populations**. Chicago: University of Chicago press, 1978.
- YEH, F. C.; BOYLE, T. J. B. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. **Belgian Journal of Botany**, v. 129, p. 156-157, 1997.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo gerou resultados relevantes em relação aos primeiros passos de uma grande jornada, que é o melhoramento genético e o cultivo comercial da espécie *Zeyheria tuberculosa* (ipê-felpudo). As principais contribuições do presente trabalho, são: (i) demonstração da viabilidade de se praticar a domesticação do ipê-felpudo a partir de árvores não melhoradas (selvagens), o que, de maneira similar, pode ser aplicada a outras espécies florestais; (ii) apresentação de dados de crescimento inicial e de estimativa de parâmetros genéticos em um teste de progênies, que são acessíveis para a comunidade científica e servem de base para outras pesquisas afins; (iii) apresentação de informações científicas inéditas sobre a estrutura e a diversidade genética em uma ampla amostra populacional da espécie, por meio de marcadores moleculares ISSR, que garantem elevada confiabilidade nos resultados; (iv) demonstração científica sobre a obtenção de ganhos genéticos com a seleção precoce de indivíduos e de famílias com maiores desempenhos genéticos para características de crescimento; (v) indicação da viabilidade de se formar um pomar de sementes por mudas a partir do teste existente, que servirá de base para a continuidade do programa de melhoramento genético da espécie, além de servir como fonte de sementes e de propágulos para futuros projetos de reflorestamento.

No entanto, muitos trabalhos científicos, em parceria com órgãos públicos e privados, ainda devem ser realizados para que se dê continuidade no processo de domesticação desta e de outras espécies florestais de interesse econômico. Com isso, será possível ampliar o fornecimento de madeiras nobres e outros produtos florestais necessários ao mercado e ainda diminuir a pressão sobre as reservas florestais nativas.

De modo geral, é necessário reunir esforços de pesquisa para ampliar a base de conhecimento que já se tem sobre a espécie e, com isso, desenvolver programas de melhoramento genético cada vez mais robustos e bem embasados. Deve-se, também, testar novas tecnologias que possam auxiliar no desenvolvimento silvicultural e genético da espécie, gerando melhores resultados que atendam aos diferentes objetivos, sejam eles para produção ou para conservação genética de suas populações. Algumas sugestões de pesquisa que poderão ser realizadas posteriormente são: (i) genética de populações naturais, que pode contribuir para a conservação da espécie e também para responder perguntas importantes para o seu cultivo *ex-situ*; (ii) sistema reprodutivo da espécie, assim como os mecanismos de controle da polinização, que serve de base para ensaios de cruzamento controlado; (iii) práticas silviculturais recomendadas para a cultura, tais como espaçamento, adubação, consórcios, controle de plantas

daninhas, pragas e doenças, dentre outras; (iv) pesquisas sobre a propagação vegetativa e testes clonais com a espécie.