

Avaliação genética e estratégias de desbaste em teste de progênes de *Parkia platycephala* em futuro “seed orchard”

Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva^{1*}; Clarice Ribeiro Cardoso²; Séfora Gil Gomes de Farias³; Diógenes Carvalho Neto³; Romário Bezerra e Silva³

¹Doutoranda do Programa de Ciência Florestal da Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (Unesp/FCA), Botucatu, São Paulo, Brasil. *Email:dandara.bonfim@unesp.br

²Mestranda do Programa Ciência Florestal da Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Macaíba, Rio Grande do Norte, Brasil.

³Graduando do Curso de Engenharia Florestal da Universidade Federal do Piauí, Campus Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, Brasil.

⁴Professor efetivo do Curso de Engenharia Florestal da Universidade Federal do Piauí, Campus Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, Brasil.

Resumo

Objetivou-se avaliar a variabilidade genética de um teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala*, assim como analisar estratégias de desbaste visando a implantação de um pomar de sementes por mudas. O teste foi instalado utilizando o delineamento de blocos ao acaso com 45 tratamentos, vinte repetições e uma planta por parcela, no espaçamento 3 x 3,5 m. Aos cinco anos de idade, as progênes foram avaliadas quantos aos caracteres: altura total, diâmetro a nível do solo e sobrevivência. A sobrevivência das famílias foi $\geq 70\%$, e a base genética é promissora para a conservação genética, pré-melhoramento e estabelecimento de estratégias para formação de um pomar de sementes. Desbaste de 25% dos indivíduos inferiores mostra-se viável.

Palavras-chave: Pomar de sementes; Parâmetros genéticos; Tamanho efetivo populacional

Introdução

O conhecimento da variabilidade genética e das variâncias genéticas entre e dentro de populações em bancos de germoplasmas, é necessário em programas de conservação genética dos recursos florestais (SEBBENN et al., 1998), pois, a partir dessas informações, pode-se utilizar modelos genéticos-estatísticos para a estimativa de parâmetros genéticos, e, com isso, subsidiar a transformação de bancos de germoplasmas em pomares de sementes por mudas, a partir do desbaste seletivo (SOUZA; KAGEYAMA; SEBBENN, 2003).

A quantificação da variabilidade genética e outros parâmetros genéticos de medidas fenotípicas adaptativas (altura, diâmetros, sobrevivência), tem sido bastante comum em programas de melhoramento e conservação genética, pois tem apresentado resultados satisfatórios para predizer ganhos esperados com a seleção (RESENDE, 2002).

A espécie em estudo é a *Parkia platycephala* Benth. (RNC:24555), pertencente da família Fabaceae, subfamília Mimosóidea, possui ampla distribuição geográfica na região Norte e Nordeste do Brasil (LORENZI, 2013). Conhecida popularmente como fava-de-bolota, faveira ou visgueiro, esta espécie pode ser encontrada nos biomas Cerrado, Caatinga, Floresta Amazônica, Mata Atlântica e regiões de transição Cerrado/Caatinga (LORENZI, 2013). Quanto a sua utilização, esta possui diversos fins, porém, seu elevado potencial forrageiro se destaca (ALVES et al., 2007). No estado do Piauí seus frutos são intensamente explorados em época de frutificação, e isso pode ser uma ameaça à conservação e perpetuação da espécie na região.

Diante do exposto, objetiva-se com a pesquisa avaliar a variabilidade genética de um banco de germoplasma de *P. platycephala*, assim como analisar diferentes estratégias de desbaste visando a implantação de um pomar de sementes por mudas.

Material e métodos

O banco de germoplasma *ex situ* de *P. platycephala*, implantado em forma de teste de procedências e progênes, foi instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurguéia (FEAG), pertencente à Universidade Federal do Piauí (UFPI), localizada no município de Alvorada do Gurguéia, região Sudoeste do Estado do Piauí (8°22'23,34"S, 43°51'24,31"O e 281 m). O material genético do teste é composto por 45 progênes de meios-irmãos, oriundas de sementes de polinização aberta coletadas em árvores matrizes identificadas, selecionadas e georreferenciadas em áreas de ocorrência natural da espécie, no sudoeste do Piauí, município de Bom Jesus. O

delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, 20 blocos e uma planta por parcela, totalizando 900 plantas.

O clima da região é semiárido quente, classificado como *BSh* pela classificação climática de Köppen-Geiger (KÖPPEN; GEIGER, 1936), precipitação pluviométrica média entre 250 a 750 mm ano⁻¹, distribuída entre os meses de novembro a abril e, temperaturas médias mínima de 27°C e máxima de 36°C. O solo é classificado predominantemente como neossolo quartzarênico, com relevo plano na área experimental.

Para avaliar o crescimento e estabelecimento dos indivíduos em campo, foi realizado uma mensuração do experimento aos cinco anos de idade. Na oportunidade, foram avaliados os caracteres altura (ALT), diâmetro a nível do solo (DNS) e sobrevivência. As mensurações foram realizadas com auxílio de uma trena graduada (ALT) e um paquímetro digital (DNS) com precisão de quatro casas decimais.

Análises genética e estimativas de parâmetros genéticos

Foi realizada a análise de variância para os caracteres estudados visando verificar a existência de variabilidade entre as 45 progênies, utilizado o seguinte modelo estatístico: $Y_{ij} = \mu + b_i + t_j + e_{ij}$, em que: Y_{ijk} é o valor fenotípico do j -ésima k progênie na i -ésima repetição; μ é o termo fixo da média geral do caráter em análise; b_i é o efeito fixo da i -ésima repetição; t_j é o efeito aleatório da j -ésima progênie e e_{ij} é o efeito do erro experimental relativo da j -ésima progênie na i -ésima repetição.

Os dados foram analisados no software R v. 5.3.1 (R Core Team, 2021), para ajuste do modelo e extração dos componentes de variâncias e obtenção dos valores genéticos preditos (BLUP), utilizou-se as funções *lmer* e *ranef* do pacote estatístico *lme4* (BATES et al., 2015). E as significâncias dos efeitos aleatórios e fixos do modelo verificadas pelas funções *ranova* e *anova* do pacote estatístico *lmerTest* (KUZNETSOVA et al., 2017), respectivamente.

Após obter as variâncias, procedeu-se para a estimação dos seguintes parâmetros genéticos: a) herdabilidade individual no sentido restrito: $h_r^2 = \frac{4\sigma_{prog}^2}{\sigma_f^2}$; b) Coeficiente de Variação

genético individual: $CV_{gi} = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{m} \cdot 100$; d) Coeficiente de Variação genético entre progênies:

$CV_{gp} = \frac{\sqrt{0,25\sigma_a^2}}{m} \cdot 100$; e) Coeficiente de Variação ambiental: $CV_e = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{m} \cdot 100$; f) Coeficiente de

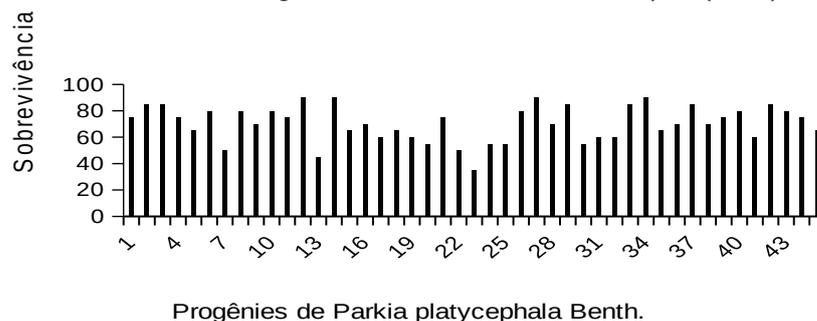
Variação relativa: $\hat{b} = \frac{CV_{gp}}{CV_e}$; g) acurácia seletiva de progênies: $\hat{r}_{aa} = \sqrt{h_m^2}$, h) μ : média geral.

As correlações fenotípicas (r_f) e genéticas (r_g) para os caracteres também foram estimadas.

Resultados e discussão

Das 45 famílias que compõe o teste de procedências e progênies de *P. platycephala*, 62,22% (1, 2, 3,4, 6, 8,9,10,11,12,14,16,21,26,27,28,29,33,34,36,37,38,39,40,42,43 e 44) apresentam uma taxa de sobrevivência superior ou igual à média geral ($\mu = 70\%$) (Figura 1), ALT média de 4,54 m e DNS médio de 10,93 cm.

Figura 1. Taxa de sobrevivência das famílias presentes no teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth., Alvorada do Gurgueia, Piauí. Fonte: Autoria Própria (2022).



De acordo com as análises genéticas via estimativa de parâmetros genéticos, observa-se que apesar da influência ambiental ($CV_{e(\%)}$) sobre a expressão fenotípica dos caracteres avaliados, baixas a moderadas magnitudes de herdabilidades individual no sentido restrito (h_a^2) e média de progênes (h_m^2) foram obtidas (RESENDE; ALVES, 2020) (Tabela 1).

Tabela 1. Parâmetros genéticos para a sobrevivência (SOB) e caracteres de altura total (ALT) e diâmetro ao nível do solo (DNS) de progênes de *Parkia platycephala*, Piauí, Brasil.

Parâmetros Genéticos	Caracteres Avaliados		
	SOB	ALT (m)	DNS (cm)
h_a^2	0,16±0,07	0,19±0,08	0,13±0,09
h_{mp}^2	0,45	0,53	0,34
$CV_{gi(\%)}$	25,53	8,94	8,87
$CV_{gp(\%)}$	12,76	4,47	4,44
$CV_{e(\%)}$	62,60	18,65	27,37
\hat{b}	0,20	0,24	0,16
r_{aa}	0,67	0,73	0,51

Herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2); Herdabilidade média de progênes (h_{mp}^2); Acurácia da seleção de progênes ($r_{(a \wedge a)}$); Coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}); Coeficiente de variação genética entre progênes (CV_{gp}); Coeficiente de variação residual (CV_e); Coeficiente de variação relativo ($b \wedge$). Fonte: Autoria Própria (2022).

Pelos valores de coeficiente de variação genético superiores a 7% ($CV_{gi(\%)} \geq 8,87$) (SEBBENN et al., 1998), podemos inferir que a população implantada apresenta variabilidade genética significativa e passível de ser manejada e explorada, seja para fins de conservação genética, como para a conversão futura do teste em um pomar de sementes, cujo o objetivo principal é ofertar sementes com boa qualidade fisiológica e genética aos programas de restauração e reflorestamento de áreas próximas da região ou que apresentam condições edafoclimáticas semelhantes a área de coleta das sementes e área onde foi implantado o teste de progênie, assim como para delineamento de estratégias futuras visando o pré e o melhoramento genético da espécie, sendo uma das perspectivas promissoras a produção de sementes em larga escala, pois trata-se de uma espécie com alto potencial nutritivo, e excelente fonte nutritiva para ser inserida na dieta nutricional de ruminantes. Além disso, a acurácia seletiva de progênes indica uma moderada a alta correlação entre os valores verdadeiros e preditos ($r_{aa} \geq 0,51$) (RESENDE; ALVES, 2020), o que é muito importante, pois estratégias de desbaste serão planejadas para o referido teste.

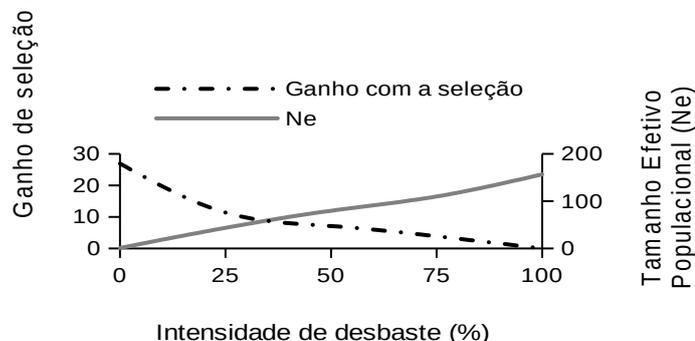
Os caracteres altura total (ALT), diâmetro ao nível do solo (DNS) e sobrevivência (SOB) apresentaram as seguintes correlações: a) fenotípicas (r_p): 0,74 (ALT e DNS) e b) genéticas (r_g): 0,62 (SOB e DNS), 0,68 (ALT e DNS) e 0,69 (ALT e SOB). A alta correlação genética observada (RESENDE; ALVES, 2020) indica possibilidade de seleção indireta entre os caracteres, podendo, portanto, otimizar ainda mais as possibilidades de melhoramento e evolução desses caracteres na população ao longo dos ciclos de seleção.

As estratégias de desbaste foram realizadas com base no caractere DNS, para isso levou-se em consideração os bons valores de correlação genética com os demais caracteres, a precisão e o baixo erro no momento da coleta de dados em campo, tendo em vista que se usa instrumentos precisos como fita métricas, sutas e paquímetros manuais e digitais. A decisão das próximas ações que poderão ser realizadas sobre a população implantada é um momento muito delicado, e uma dessas etapas é o desbaste da população, pois deve ser levado em consideração tanto o ganho desejado com a seleção como o tamanho efetivo da população após o desbaste. Visando a escolha de uma melhor estratégia, vários cenários foram traçados, e o principal objetivo é monitorar o tamanho efetivo populacional. Percebe-se que quanto mais indivíduos de performance inferiores são desbastados, ou seja, opta-se por desbastar maior proporção de indivíduos da população, maior será o ganho genético obtido e menor será valor do tamanho efetivo populacional da população após o desbaste (Figura 2).

Apesar de ganhos inferiores a 5%, desbaste de até 25% dos indivíduos que apresentaram desempenho inferiores podem ser uma estratégia viável, pois o valor de N_e da população após o desbaste ficará entre 100 e 120, valores esses acima do recomendado para uma conservação *ex situ*. O valor de N_e estimado para a população após o desbaste encontra-se na faixa de valores

adequados e recomendado para caracteres de baixa herdabilidade (em torno de 0,10), que são valores de N_e de 30 a 100 (RESENDE; BARBOSA, 2005). E de acordo com os autores, um N_e da população deve ser maior nos estádios iniciais do programa, e tornando-se menor nas gerações posteriores.

Figura 2. Ganho com a seleção e tamanho efetivo populacional (N_e) estimado para o caractere diâmetro ao nível do solo (DNS) ao selecionar 25, 50, 75 e 100% dos indivíduos do teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala*, Piauí, Brasil. Fonte: Autoria Própria (2022).



Conclusões

O teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala* apresenta variabilidade genética significativa passível de manejo, e denota uma boa perspectiva de exploração ao longo de um programa de melhoramento, assim como o estabelecimento de estratégias para futura formação de um pomar de sementes. O desbaste de 25% dos indivíduos inferiores em performance nessa fase inicial de crescimento mostra-se viável.

Referências

- ALVES, A. A.; SALES, R. O.; NEIVA, J. N. M.; MEDEIROS, A. N.; BRAGA, A.P.; AZEVEDO, A. R. Degradabilidade ruminal in situ de vagens de faveira (*Parkia platycephala* Benth.) em diferentes tamanhos de partículas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 4, p. 1045- 1051, 2007.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S.. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015. doi:10.18637/jss.v067.i01.
- KÖPPEN, W.; GEIGER, R. *Klimate der Erde*. Gotha: Verlag Justus Perthes. Wall-map 150cmx200cm, 1928.
- KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. "lmerTest Package: Tests in Linear Mixed Effects Models". **Journal of Statistical Software**, v.82, n.13, p. 1-26, 2017. doi: 10.18637/jss.v082.i13 (URL: <https://doi.org/10.18637/jss.v082.i13>).
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 4. ed. São Paulo: Instituto Plantarum, 2013.
- R CORE TEAM (2021). R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975 p
- RESENDE, M. D. V; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Florestas, 130p., 2005.
- SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. D. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Genetic parameters for the conservation of cabreuva *Myroxylon peruiferum* LF Allemão. *Scientia Forestalis*, n. 53, p. 31-38, 1998.

SOUZA, L. M. F. I.; KAGEYAMA, P, Y.; SEBBENNN, A. M. Conseqüências genéticas do efeito de gargalo em populações de *Chorisia speciosa* St. Hill. **Revista do Instituto Florestal**, v. 15.11. I. p. 9-17, 2003.