



VIII CONGRESSO NORDESTINO DE ENGENHARIA FLORESTAL

27 a 30 de agosto de 2025

Maceió, AL

ESTRUTURA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *Parkia platycephala* Benth.: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA

Fábio Vitor Borges de Carvalho^{1*}, Kêmylly Gomes Lima¹, Kennedy de Paiva Porfírio¹, Clarice Ribeiro Cardoso², Romário Bezerra e Silva¹, Djailson Silva Da Costa Junior¹, Séfora Gil Gomes de Farias¹

Universidade Federal do Piauí, Campus Bom Jesus¹, Universidade Federal de Lavras².

* fabiovitor@ufpi.edu.br.

RESUMO

A *Parkia platycephala* Benth., conhecida como fava-de-bolota, é uma árvore nativa dos biomas Cerrado e Amazônia, com grande potencial para uso madeireiro, forrageiro e em projetos de recuperação ambiental. Por ser uma espécie amplamente distribuída e com relevância ecológica, conhecer sua diversidade genética é essencial para estratégias de conservação e melhoramento. Este estudo teve como objetivo avaliar a estrutura genética entre progênies de meios-irmãos com base em características de crescimento da *P. platycephala*. Para isso, foram analisadas 45 progênies oriundas de três procedências do Brasil, cultivadas em experimento de campo na Fazenda Experimental Alvorada do Gurguéia (PI). Aos oito anos de idade foram medidas a altura total e o diâmetro ao nível do solo das plantas e realizada as análises estatísticas. As análises multivariadas revelaram a formação de grupos distintos, indicando variabilidade genética entre e dentro das procedências. As maiores médias de crescimento em altura foram observadas nas progênies de Bom Jesus e Eugenópolis, enquanto as progênies de São Gonçalo e Bom Jesus, apresentaram maiores valores de diâmetro ao nível do solo. Os resultados mostram que é possível identificar grupos promissores para formar pomares com características biométricas superiores mais produtivos e diversos, contribuindo diretamente para a conservação e o uso sustentável da espécie.

Palavras-chave: análise multivariada, pomar de sementes, conservação florestal, variabilidade genética.

INTRODUÇÃO

Parkia platycephala Benth., conhecida como fava-de-bolota, é uma espécie arbórea nativa dos biomas Cerrado e Amazônia, amplamente distribuída no Norte e Nordeste do Brasil, com reconhecido potencial madeireiro, forrageiro e para projetos de restauração de áreas degradadas (PEREIRA *et al.*, 2023). A variabilidade genética observada nas populações naturais tem despertado interesse crescente em programas de conservação e melhoramento, uma vez que essa diversidade é crucial para que a espécie responda e se adapte a diferentes condições ambientais” (SILVA *et al.*, 2023).

Analisar a estrutura genética de espécies florestais é essencial para compreender a distribuição da variabilidade genética entre e dentro das populações, fornecendo subsídios valiosos para estratégias de conservação, manejo e melhoramento genético. Esses estudos possibilitam identificar níveis de diversidade genética e padrões de fluxo gênico, fatores determinantes para a coleta adequada de sementes e a formação de pomares com ampla base genética. Tal conhecimento é especialmente importante para espécies nativas pouco estudadas, pois contribui diretamente para sua preservação e uso sustentável (CARDOSO, 2023).

Neste contexto, o uso de abordagens multivariadas para analisar a diversidade genética entre progênies de meios-irmãos pode fornecer suporte para a seleção de genótipos superiores e a formação de pomares de sementes mais produtivos e geneticamente diversos (SANTOS *et al.*, 2023).

Diante do exposto, objetivou-se avaliar a estrutura genética entre progênies de meios-irmãos com base em características de crescimento da *P. platycephala*. Parte-se da hipótese de que há variabilidade genética significativa entre as progênies, a qual poderá ser detectada por meio de características biométricas de crescimento e confirmada pelas análises multivariadas e de agrupamento hierárquico, permitindo a identificação de grupos geneticamente superiores com potencial para subsidiar estratégias de conservação e manejo genético da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

Delineamento experimental do teste de procedências e progênies



VIII CONGRESSO NORDESTINO DE ENGENHARIA FLORESTAL

27 a 30 de agosto de 2025

Maceió, AL

O teste de procedências e progênies de *P. platycephala* foi instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurguéia, vinculada à Universidade Federal do Piauí, no município de Alvorada do Gurguéia, situado na região sudoeste do estado do Piauí. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com espaçamento de 3 x 3,5 metros, com 45 tratamentos (progênies), 20 repetições e uma planta por parcela, totalizando 900 plantas. As progênies avaliadas são provenientes de três procedências distintas: São Gonçalo do Piauí (SG), Bom Jesus (BJ) e Eugenópolis (EG).

Mensuração dos caracteres silviculturais e análise de dados

Aos oito anos de idade, foram medidas a altura total (m) e o diâmetro ao nível do solo (cm). Os dados foram submetidos à análise multivariada no software R (R CORE TEAM, 2023), utilizando o pacote *MultivariateAnalysis* (AZEVEDO, 2021). O agrupamento hierárquico foi realizado pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com base na distância euclidiana média. A definição do número ótimo de grupos seguiu o critério de Mojena (1977), com $k = 1,25$ (MILLIGAN & COOPER, 1985).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise multivariada com base em características biométricas de crescimento (altura total e diâmetro ao nível do solo – DNS) das 45 progênies de meios-irmãos de *P. platycephala* evidenciou significativa variabilidade genética entre e dentro das procedências avaliadas. Os dendrogramas gerados pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana média, mostraram a formação de grupos distintos, reforçando a existência de estrutura genética relevante entre as progênies.

Para a característica de altura total, foram formados quatro grupos: o Grupo I com 10 progênies, o II com 12, o III com 11 e o IV com 12 (Figura 1). No caso do DNS, a análise resultou em três grupos, com 17, 12 e 16 progênies nos Grupos I, II e III, respectivamente (Figura 2). As progênies agrupadas compartilham maior similaridade genética entre si, indicando padrões comuns de desenvolvimento dentro de cada grupo.

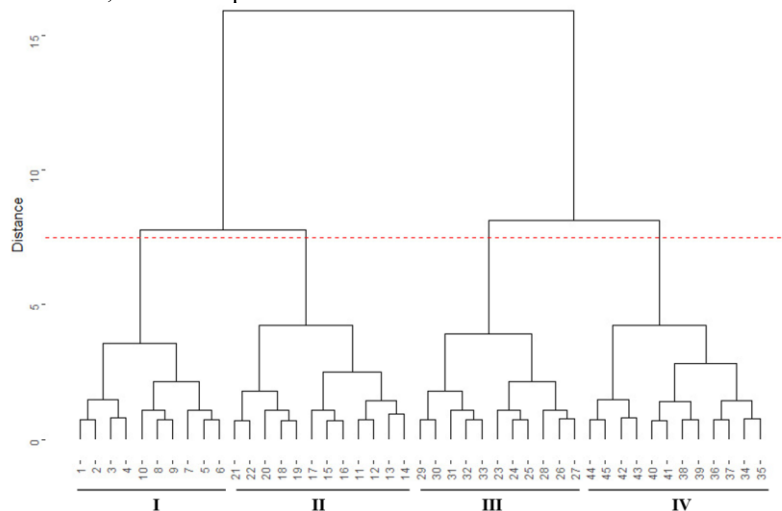


Figura 1. Dendrograma da dissimilaridade genética das 45 progênies de *P. platycephala* avaliadas pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana média, para altura.

Legenda: *Distance*, distância; e I, II, III e IV, grupos formados pelo método UPGMA.



VIII CONGRESSO NORDESTINO DE ENGENHARIA FLORESTAL

27 a 30 de agosto de 2025

Maceió, AL

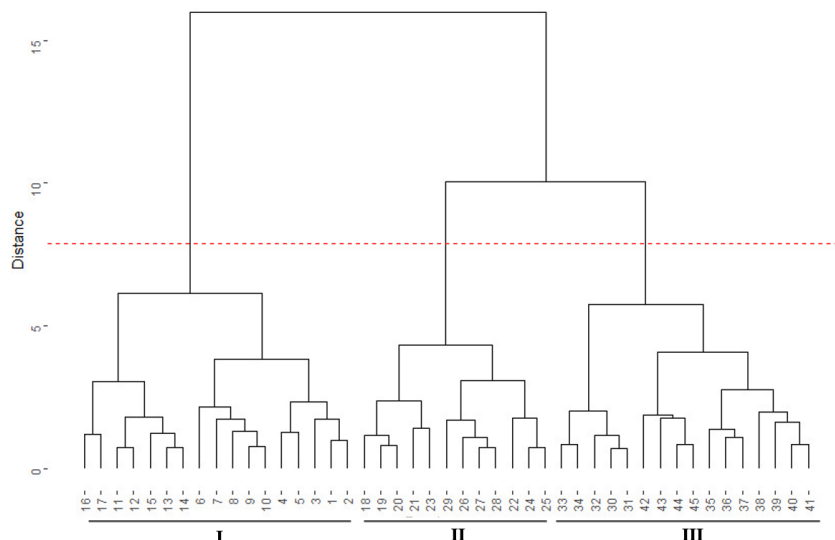


Figura 2. Dendrograma da dissimilaridade genética das 45 progênies de *P. platycephala* Benth. avaliadas pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana média, para diâmetro a nível do solo. Legenda: *Distance*, distância; e I, II e III, grupos formados pelo método UPGMA.

A análise das médias de altura total e diâmetro ao nível do solo (DNS) das progênies de *P. platycephala* permitiu identificar diferenças expressivas entre as procedências e destacar genótipos com potencial para programas de melhoramento e conservação. Em relação à altura, as maiores médias foram observadas nas progênies 14-EG e 1-EG (Eugenópolis, Grupo I) e 43-BJ, 34-BJ e 36-BJ (Bom Jesus, Grupo IV), com valores acima de 6,4 m (Figura 3). Já as menores médias foram registradas nas progênies 29-SG, 25-SG e 24-SG (São Gonçalo, Grupo III) e 10-EG e 8-EG (Eugenópolis, Grupo I), todas com altura inferior a 5,8 m, revelando variabilidade intra e interpopulacional.

Para o diâmetro, os maiores valores foram obtidos por 17-SG (São Gonçalo, Grupo I) e pelas progênies 38-BJ, 33-BJ, 43-BJ e 40-BJ (Bom Jesus, Grupo III), com médias acima de 16,8 cm (Figura 3). As menores médias foram observadas nas progênies 3-EG, 6-EG e 8-EG (Eugenópolis, Grupo I) e 21-SG e 23-SG (São Gonçalo, Grupo II), com valores entre 12,4 e 13,2 cm.

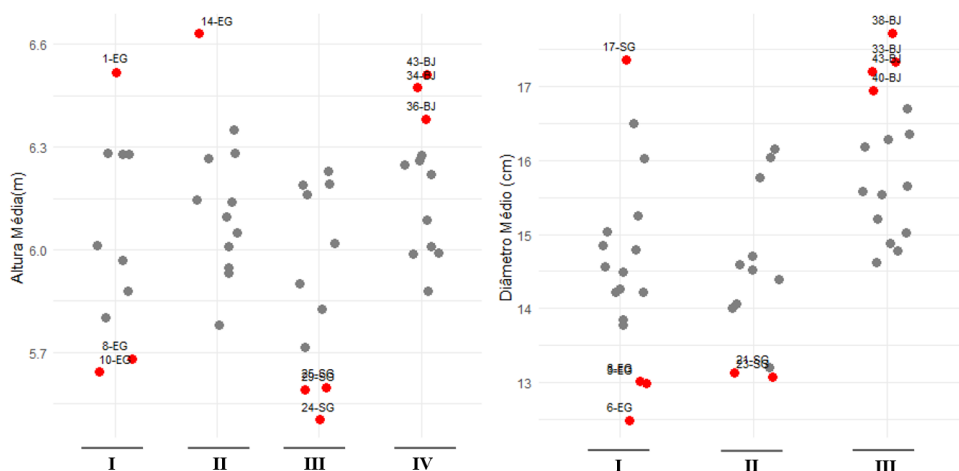


Figura 3. Distribuição das médias de altura e diâmetro das progênies de *P. platycephala*, agrupadas por similaridade, com destaque para os municípios de origem.

Os agrupamentos gerados indicam que é possível utilizar essas informações para fins práticos, como a composição de pomares de sementes por mudas com base em genótipos promissores. Segundo Aguiar *et al.* (2010),



VIII CONGRESSO NORDESTINO DE ENGENHARIA FLORESTAL

27 a 30 de agosto de 2025

Maceió, AL

a seleção genética fundamentada em análise de variabilidade entre progênies é crucial para assegurar ganhos genéticos significativos e, ao mesmo tempo, preservar a diversidade necessária à sustentabilidade dos programas de melhoramento. A utilização de ferramentas estatísticas como a análise multivariada é eficaz na identificação de estruturas ocultas nos dados, que não seriam evidenciadas por análises univariadas, permitindo um manejo genético mais refinado e eficiente.

Além disso, a manutenção da diversidade genética entre as progênies é vital para garantir a resiliência da espécie frente a estresses ambientais e mudanças climáticas, como discutido por Silva *et al.* (2019) e Pérez *et al.* (2020), sendo especialmente relevante para espécies nativas como *P. platycephala*, que ocorrem em áreas sujeitas a pressões antrópicas, como o Cerrado e a Amazônia.

CONCLUSÕES

A análise multivariada aplicada às progênies de meios-irmãos de *P. platycephala* evidenciou a presença de variabilidade genética significativa com base em características de desenvolvimento, como altura total e diâmetro ao nível do solo. A formação de grupos distintos entre e dentro das procedências avaliadas confirma a existência de estrutura genética que pode ser explorada para fins de conservação e melhoramento, demonstrando o potencial da espécie para a seleção de genótipos superiores e a formação de pomares de sementes mais produtivos e geneticamente diversos, reforçando a importância do uso de ferramentas multivariadas na identificação de materiais promissores e no planejamento de estratégias sustentáveis de manejo genético.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y.. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 62, p. 107, 2010.
- AZEVEDO, A. M. **MultivariateAnalysis: pacote para análise multivariada. Versão 0.4**. 2021. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/MultivariateAnalysis/MultivariateAnalysis.pdf>. Acesso em: 22 mai. 2025.
- CARDOSO, C. R.. **Caracterização genética molecular de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.** Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Macaíba, 2023.
- SILVA, D. Y. B. de O.; FARIAS, S. G. G. de; RESENDE, R. T.; CARDOSO, C. R.; SILVA, R. B. e; TAMBARUSSI, E. V. Variabilidade genética e estratégias de conservação *ex situ* para a espécie neotropical *Parkia platycephala* Benth. **Ciência Florestal**, v. 33, n. 1, p. e64058, 2023.
- MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, New York, v. 50, n. 2, p. 159–179, 1985.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. **The Computer Journal**, Oxford, v. 20, n. 4, p. 359–363, 1977.
- PEREIRA, L. J., FERREIRA, A. P., SILVA, M. C., SOUSA, T. R., ALMEIDA, R. F. Caracterização morfoagronômica de genótipos de *Parkia platycephala* Benth. com vistas à conservação e uso sustentável. **Revista Árvore**, v. 47, e47005, 2023.
- PÉREZ, J. R., MARTÍNEZ, C. L., GONZÁLEZ, M. T., RODRÍGUEZ, P. K., LÓPEZ, A. M., FERNÁNDEZ, S. D. Estratégias de conservação e manejo genético para espécies nativas florestais. **Genetics and Molecular Biology**, v. 43, n. 1, p. e20190342, 2020.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2023.
- SANTOS, A. R., LIMA, C. F., OLIVEIRA, D. G., COSTA, E. H., PEREIRA, F. L. **Genetic diversity among genotypes of *Parkia platycephala* for breeding and domestication purposes**. Embrapa Meio-Norte – Documentos, 2023.
- SILVA, J. R., NUNES, L. P., BARBOSA, M. T., ALVES, R. C., GOMES, S. A., FIGUEIREDO, P. L. Importância da diversidade genética para programas de conservação e melhoramento de espécies nativas. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 124, p. 563-574, 2019.