



ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *Parkia platycephala* Benth.

Kêmylly Gomes Lima^{1*}, Fábio Vitor Borges de Carvalho¹, 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.

* kemyly.lima@ufpi.edu.br.

RESUMO

A intensificação da degradação ambiental no Cerrado, bioma reconhecido por sua biodiversidade única, tem provocado impactos negativos, sobretudo na região do MATOPIBA, onde o avanço agrícola e a fragmentação florestal comprometem a conservação da variabilidade genética das espécies nativas. Neste contexto, estratégias de restauração ecológica tornam-se necessárias e urgentes, destacando-se a importância do uso de sementes com alta qualidade genética para esses fins. Este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos de características silviculturais em progênies de *Parkia platycephala* Benth. avaliadas aos oito anos de idade. O experimento foi instalado na Fazenda Experimental Alvorada do Gurguéia, em delineamento de blocos ao acaso, utilizando o método REML/BLUP para a análise dos dados. Os resultados revelaram herdabilidades de médias a altas magnitudes e acurácias significativas, principalmente para o diâmetro ao nível do solo, sugerindo elevado potencial para a seleção de indivíduos superiores. Os valores dos coeficientes de h^2 , CV_{gi} e raa indicam que a base genética do teste é promissora, sendo passível de exploração em programas de conservação *ex situ*, implantação de um pomar de sementes e melhoramento genético.

Palavras-chave: diversidade genética, REML/BLUP, seleção entre progênies, silvicultura tropical, conservação *ex situ*

INTRODUÇÃO

O Cerrado é considerado a savana mais biodiversa do mundo, possuindo elevada riqueza de espécies e relevante papel ecológico (MOSCOSO, 2010). No entanto, o bioma tem sido intensamente afetado pela expansão da fronteira agrícola, especialmente na região do MATOPIBA, onde o desmatamento e a fragmentação florestal resultam na perda de biodiversidade e na redução da variabilidade genética das espécies nativas (CHAVES et al., 2021). Esse processo compromete a conectividade entre os fragmentos, afetando diretamente o fluxo gênico e processos ecológicos essenciais, como a polinização, a dispersão de sementes e a regeneração natural (LAURANCE et al., 2012).

Diante desse cenário, torna-se essencial o desenvolvimento de estratégias de restauração ecológica que priorizem a conservação genética, uma vez que a utilização de sementes geneticamente qualificadas é determinante para o sucesso dos programas de recomposição florestal (FIGLIOLIA et al., 2015; MARCOS FILHO, 2015). Além disso, a escassez de informações sobre a variabilidade genética de espécies nativas representa um grande desafio para programas de conservação e manejo florestal (SEBBENN et al., 2007).

A espécie *Parkia platycephala* Benth., pertencente à família Fabaceae, destaca-se pelo seu potencial na recuperação de áreas degradadas, além de apresentar características ecológicas e silviculturais favoráveis (CHAVES et al., 2020). Nesse contexto, o uso de ferramentas como testes de procedências e progênies é fundamental, pois possibilita avaliar a variabilidade genética, estimar parâmetros genéticos e selecionar materiais com elevado potencial para programas de conservação e melhoramento florestal (RESENDE, 2007; GRATAPAGLIA e KIRST, 2008). Dessa forma, este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos de características silviculturais em progênies de *Parkia platycephala* aos oito anos de idade, visando subsidiar ações de conservação genética e melhoramento da espécie.

MATERIAL E MÉTODOS

Área e delineamento experimental do teste de procedências e progênies

O teste de procedências e progênes de *P. platycephala* encontra-se 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 está disposto em delineamento de blocos ao acaso, com espaçamento de 3 x 3,5 metros, com 45 tratamentos (progênes), 20 repetições (blocos) e uma planta por parcela, totalizando 900 plantas.

Mensuração dos caracteres silviculturais

As progênes de *P. platycephala* foram avaliadas aos oito anos de idade por meio da mensuração dos caracteres silviculturais de crescimento: altura total (Ht, em metros) e diâmetro ao nível do solo (DNS, em centímetros). A altura foi obtida com vara graduada, enquanto a circunferência ao nível do solo foi medida com fita métrica e convertida para DNS.

Análise estatística e genética dos dados

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas usando o programa SELEGEN pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada) (RESENDE, 2007), utilizando-se o Modelo 19 para blocos ao acaso, a progênes de meios-irmãos (resultantes de polinização aberta com espécies alógamas), com uma planta por parcela.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de herdabilidade individual e média de progênes aos oito anos de idade variaram de 0,19 a 0,29 e de 0,51 a 0,62, respectivamente, para altura total (Ht) e diâmetro a nível do solo (DNS) (Tabela 1).

Tabela 1. Estimativa de parâmetros genéticos de progênes de *Parkia platycephala* Benth. aos oito anos.

Parâmetros Genéticos	Ht (m)	DNS (cm)
h_a^2	0,195915 ± 0,1052	0,299628 ± 0,1300
h_m^2	0,51	0,62
CVgi (%)	5,59	12,53
CVgp (%)	2,79	6,27
CVe (%)	12,31	22,02
raa	0,71	0,79

Legenda: Altura total (Ht); diâmetro ao nível do solo (DNS); herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2); herdabilidade da média de progênes (h_m^2); coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi); coeficiente de variação genotípica entre progênes (CVgp); coeficiente de variação experimental (CVe); Coeficiente de variação relativa (CVR); acurácia (raa).

Legend: Total height (Ht); diameter at ground level (DGL); individual narrow-sense heritability (h_a^2); heritability of progeny mean (h_m^2); individual additive genetic coefficient of variation (CVgi); genotypic coefficient of variation among progenies (CVgp); experimental coefficient of variation (CVe); relative coefficient of variation (CVR); accuracy (raa).

Os resultados dos parâmetros genéticos indicam variações importantes entre as características avaliadas, com valores de herdabilidade variando de medianas a altas para os caracteres avaliados. De acordo com a classificação proposta por Resende *et al.* (2020), herdabilidades com valores entre 0,01 e 0,15 são classificados como baixos, entre 0,15 e 0,50 como medianas e acima de 0,50 como altas. Dessa maneira, a herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) foi considerada mediana para altura ($h_a^2 = 0,19$) e para diâmetro ao nível do solo ($h_a^2 = 0,30$). Isso sugere que a seleção a nível individual com base no caractere altura pode ter eficiência limitada, enquanto para o diâmetro o ganho genético pode ser mais promissor.

A herdabilidade (h_m^2) foi de 0,51 para altura e 0,62 para diâmetro ao nível do solo, sendo consideradas altas. Silva *et al.* (2020), ao avaliarem estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) foram observadas de baixa a moderada magnitude para altura total, com valores de 0,06 e 0,17 aos 32 e 44 meses, respectivamente, e moderada para o diâmetro ao nível do solo, cujos valores nas duas idades foram de 0,18 aos 32 meses e 0,20 aos 44 meses.

O coeficiente de variação genética aditiva individual (CVgi) foi de 5,59% para altura total e 12,53% para diâmetro ao nível do solo, sendo classificado como moderado para altura e alto para diâmetro. De acordo com a classificação proposta por Vencovsky (1987) e Resende (2002), valores de CVgi inferiores a 5% são considerados baixos, entre 5% e 10% como moderados e superiores a 10% como altos. Valores mais elevados de CVgi indicam maior variação genética a nível individual (entre progênes), podendo esta ser explorada.

O coeficiente de variação genética entre progênes (CVgp) foi de 2,79% para altura e 6,27% para diâmetro, classificados como baixos conforme Resende (2002) e Cruz *et al.* (2012), que consideram valores entre 10% e 20% como médios. A baixa variabilidade genética entre progênes observada para *P. platycephala*, especialmente em altura, pode estar associada ao seu sistema reprodutivo predominantemente alógamo e à

polinização cruzada mediada por morcegos (quiropterofilia), que favorecem o fluxo gênico entre indivíduos distantes e contribuem para a homogeneização genética entre as progênes (CHAVES *et al.*, 2020). Além disso, a dispersão de sementes por autocoria limita a distribuição espacial dos descendentes, o que, aliado à proximidade entre as matrizes amostradas, reduz a divergência genética entre famílias (UDULUTSCH; DURIGAN, 2015). Esses fatores explicam os baixos valores de *CVgp* obtidos no estudo.

A precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação experimental (*CVe*), foi de 12,31% para altura e 22,02% para diâmetro. De acordo com a classificação de Gomes (2000), ambos os valores indicam precisão média, estando mais próximos de limites superiores para altura.

O coeficiente de variação relativa (*CVr*), que indica a relação entre a variabilidade genética (*CVgp*) e a experimental (*CVe*), foi de 0,23 para altura e 0,28 para diâmetro ao nível do solo. Conforme Resende *et al.* (2002), valores de *CVr* entre 0 e 0,25 são classificados como baixos, e entre 0,25 e 0,50 como médios. Assim, o caráter altura apresentou um *CVr* baixo, enquanto o diâmetro apresentou *CVr* médio, o que demonstra que a seleção com base no diâmetro pode gerar maior ganho genético. O baixo valor de *CVr* para altura sugere que a influência do ambiente foi superior à da genética na expressão desse caráter, o que já era esperado, uma vez que a altura sofre mais influência ambiental.

A acurácia seletiva de progênes é um parâmetro crucial para o sucesso dos programas de melhoramento genético. Segundo Resende (2020), acurácias superiores a 0,70 são recomendadas para assegurar boa precisão na seleção dos genótipos e ganhos genéticos, e valores inferiores a 0,50 comprometem significativamente a confiabilidade da seleção. Nesse caso, os valores de *raa* estimados foram de 0,71 para altura e de 0,79 para o diâmetro a nível do solo, sendo consideradas altas ($raa \geq 0,70$).

CONCLUSÕES

Este estudo revela a existência de variabilidade genética para os caracteres analisados, com herdabilidades variando de média e alta e a acurácia indicando boa precisão em caso de seleção nas idades estudadas, especialmente para o diâmetro ao nível do solo. Além disso, as estimativas demonstram que a variabilidade genética a nível individual é mais promissora para fins de ganhos genéticos com a seleção.

Os valores de acurácia indicam uma alta relação entre o valor verdadeira e o predito, sugerindo boas perspectivas de ganho genético com a seleção, especialmente para diâmetro ao nível do solo que apresentou valores superiores para todos os parâmetros estimados.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal do Piauí (UFPI) pela estrutura disponibilizada, suporte técnico e científico, além do ambiente de aprendizado e crescimento profissional proporcionado, ao Grupo de Pesquisa em Sementes e Mudanças Florestais pelo incentivo à pesquisa, troca de conhecimentos e colaboração contínua ao longo do desenvolvimento deste trabalho e ao Laboratório de Ecofisiologia e Sementes Florestais (LESF).

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M. Estimação de parâmetros genéticos e ganhos genéticos esperados em testes de progênes de *Cariniana legalis* (Mart.) O. Kuntze. **Revista Árvore**, Viçosa, MG, v. 34, n. 3, p. 507–514, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622010000300015>. Acesso em: 13 maio 2025.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênes de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, p. 107-117, 2010.
- CANUTO, S. O.; ZARUMA, D. U. G.; MORAES, M. A.; SILVA, A. M.; MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M. Caracterização genética de um teste de progênes de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 42, n. 4, p. 641-648, 2015.
- CARDOSO, C. R.; SILVA, D. Y. B. O.; FARIAS, S. G. G. Parâmetros genéticos de teste procedências e progênes de *Parkia platycephala* Benth. em fase juvenil. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente, Maringá**, v. 18, 2025. Disponível em: <https://periodicos.unicesumar.edu.br/index.php/rama/article/view/12106/8168>. Acesso em: 29 maio 2025.
- CHAVES, S. R.; SANTOS, R. R.; SILVA, A. L. G. Biologia reprodutiva de *Parkia platycephala* Benth

(Leguminosae, Caesalpinioideae, clado Mimosoide). **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 79442–79458, 2020. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/18455>. Acesso em: 13 maio 2025.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.

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

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: Degaspari, 2000.

RESENDE, M. D. V. **Análises estatísticas no melhoramento genético de plantas e animais**. Colombo: Embrapa Florestas, 2020.

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, 2020.

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

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

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle experimental de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

UDULUTSCH, R. G.; DURIGAN, G. Dispersão de sementes de espécies arbóreas em fragmentos florestais: uma revisão. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1073–1085, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0100-67622015000600012>. Acesso em: 13 maio 2025.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (org.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap. 11, p. 137–214.

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