



MARCELA KASTEIN LOURENÇO

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA DE
PROGÊNIES DE MOGNO AFRICANO (*Khaya senegalensis* A.
Juss.) NA REGIÃO DE GARÇA-SP.**

LAVRAS-MG

2021

MARCELA KASTEIN LOURENÇO

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE MOGNO
AFRICANO (*Khaya senegalensis* A. Juss.) NA REGIÃO DE GARÇA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Universidade Federal de Lavras, como parte
das exigências do Curso de Engenharia
Florestal, para a obtenção do título de
Bacharel.

Prof. Dr. Lucas Amaral de Melo

Orientador

Dr. Wanderley dos Santos

Coorientador

LAVRAS-MG

2021

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao Departamento de Ciências Florestais, pela oportunidade de aprendizagem.

Aos professores que passaram por minha formação, em especial ao professor Lucas, pelo apoio, ensinamentos e orientação. Foi um privilégio aprender com pessoas tão capacitadas.

Ao Wanderley, pela paciência, por todos os ensinamentos, coorientação, pela amizade e principalmente por me inspirar nesta pesquisa.

À equipe da empresa Futuro Florestal e Fazenda Enseada, que direta ou indiretamente contribuíram para a realização do meu estágio. Primeiramente à Valeria pela oportunidade e confiança, por ser exemplo e inspiração, me tornei fã do seu trabalho. Ao Mateus, Leandro, Ana, Sr. Antônio, Josi, Rose, Neide, Márcia, Márcia Regina, Alê, Clarice, Marcela, Lúcia, Mirian, Felipe, Jonatan, Paulo, Adriano, Cido, Hulck e Daniel que me ajudaram e ensinaram tanto durante esse período. Vocês fizeram toda diferença na minha formação profissional e pessoal. Obrigada por cada sorriso que me acolheu nesse lugar que vai ficar guardado no meu coração.

Aos meus companheiros de estágio, em especial ao Mateus e à Leticia pelo companheirismo e apoio do início ao fim.

Aos meus amigos queridos que me acompanharam e apoiaram durante toda a graduação, em especial minhas irmãs do 401 e meus companheiros de curso que tornaram tudo mais leve. Agradeço a amizade de cada um que esteve comigo, levarei vocês por toda a vida.

Aos meus pais Aline e Marcelo, por todos os sacrifícios, suporte e amor que recebi não só nessa etapa, mas em toda minha vida.

Aos meus irmãos, por estarem sempre perto. Evoluímos muito juntos, e assim será por toda a vida.

Muito obrigada!

RESUMO

A crescente demanda por produtos de origem florestal, incluindo madeiras nobres, é o fator responsável pela permanência do setor em alta na economia brasileira. Da mesma forma, o abastecimento da cadeia produtiva ainda se apresenta como uma problemática quando diz respeito à exploração irregular de espécies nativas. A busca por espécies potenciais e por técnicas que visam aumentar a produtividade do setor é crescente e as espécies do gênero *Khaya* vêm apresentando resultados satisfatórios no Brasil quanto à qualidade de madeira e ao crescimento. Em decorrência do curto período de tempo da introdução do gênero em plantios brasileiros, a gama de estudos com essas espécies ainda é pequena quando comparada com outras espécies exóticas amplamente utilizadas em plantios comerciais. Com isso, este trabalho teve como objetivo caracterizar geneticamente e fenotipicamente um teste de progênies de *Khaya senegalensis* aos dois anos de idade. O teste foi instalado no ano de 2019, na Fazenda Enseada, localizada em Garça-SP. O delineamento é de blocos casualizados, com três repetições, 19 progênies e 20 indivíduos por parcela, no espaçamento de 3,0 x 0,5 metros. Foram avaliados os caracteres: altura total (ALT), diâmetro a 30 centímetros do solo (D) altura de inserção do primeiro galho ou folha (APGF). Os dados foram analisados pela metodologia REMP/BLUP no software genético Selegen®. Também foram calculados o tamanho efetivo populacional e a diversidade genética pelo método de Wei e Lindgren. Não houve significância do valor de χ^2 entre as progênies com base na análise de deviance, porém houve significância em nível de parcelas a 1% de probabilidade, com 1 grau de liberdade para os caracteres ALT, DB e APV. A sobrevivência das plantas, aos dois anos após o plantio, foi de 92%, indicando boa adaptação da espécie ao sistema de plantio. As médias para os caracteres ALT (79,9 cm), APGF (30,77 cm) e D (1,33 cm) foram consideradas dentro do padrão para a espécie nessa idade. O número efetivo populacional do teste de progênies foi de 70, sendo considerado baixo. As correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de estudo foram consideradas de média a alta, e significativas. A diversidade genética foi de 0,61, sendo considerada baixa. Os dados das progênies foram agrupados em três grupos pelo método de Tocher, o que indica uma alta similaridade entre as mesmas. Os coeficientes de variação genética individual e entre progênies foram medianos, enquanto a herdabilidade e acurácia, de baixa magnitude. Com base no resultado do teste, pode-se concluir que, caso futuramente esta população seja utilizada em um programa de melhoramento genético, a indicação é que sejam inseridos mais indivíduos, enriquecendo o germoplasma e gerando maior diversidade genética para futuros ciclos subsequentes de melhoramento.

Termos para indexação: espécies florestais, madeira nobre, melhoramento genético, parâmetros genéticos, diversidade genética.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE	5
1.INTRODUÇÃO.....	5
2.REFERENCIAL TEÓRICO.....	6
2.1 Mogno africano (<i>Khaya senegalensis</i> A. Juss.)	6
2.2 Melhoramento genético de espécies florestais.....	8
2.3 Parâmetros genéticos.....	9
3.CONSIDERAÇÕES FINAIS	11
REFERÊNCIAS.....	13
SEGUNDA PARTE – ARTIGO	18
1. INTRODUÇÃO.....	21
2. MATERIAL E MÉTODOS	22
2.1 Área de estudo	22
2.3 Caracterização genética	26
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
4.CONCLUSÃO.....	35
REFERÊNCIAS.....	37

1. INTRODUÇÃO

O setor florestal apresenta grande relevância no PIB Nacional, tendo contribuído em 2019 com 1,2% e receita bruta de R\$ 97,4 bilhões, o que acumula um acréscimo de 12,6% quando comparado aos dados da Indústria Brasileira de Árvores do ano anterior (IBÁ, 2018). A área de florestas plantadas contabilizadas foi de 9 milhões de hectares e a produção de madeira serrada totalizou 9,9 milhões de m³ (IBÁ, 2020). Apesar da grande extensão de área plantada, a demanda por madeira serrada estimula o desmatamento ilegal e a exploração predatória de espécies nativas que apresentam madeira, colocando-as em risco de extinção, bem como ocasiona perda de diversidade genética e gera taxas elevadas de endogamia (SOARES, 2014).

Em resposta à exploração de madeira ilegal, tem se buscado cada vez mais espécies alternativas para produção de madeiras nobres, e dentre elas os mognos africanos (*Khaya* spp.), gênero que se destaca por possuir grande potencial madeireiro e econômico, com porta de entrada na indústria moveleira, naval, construção civil, entre outros (PINHEIRO et al., 2011). No Brasil, essas espécies de mogno são destaque dentre as espécies madeireiras exóticas por apresentarem bom desenvolvimento em locais com predominância de clima tropical úmido, além de se adaptarem bem a regiões de clima subtropical (MATHIAS, 2012). Por essa razão, as espécies do gênero *Khaya*, popularmente conhecidas como mognos africanos apresentam bom crescimento no Brasil, sendo muito procuradas por investidores do setor madeireiro (TEIXEIRA, 2011).

Os mognos africanos são indicados para plantios puros ou mistos, em sistemas agroflorestais, por exemplo. As diferentes aplicações e aumento no interesse pela espécie causam um aumento na demanda por mudas de qualidade, visando plantios produtivos e uniformes. Assim, torna-se cada vez mais importante a seleção de procedências e progênies mais promissoras, visando o desenvolvimento de materiais genéticos florestais adaptados e com caracteres qualitativos e quantitativos desejáveis, visto que na literatura, são escassos os trabalhos voltados à seleção de genótipos para mognos africanos. Segundo Falconer (1987), o procedimento mais indicado para iniciar um programa de melhoramento é a partir de testes de procedências e ou progênies.

Visto a necessidade de aumentar o suprimento da cadeia de espécies fornecedora de madeiras nobres, atrelado à diminuição da pressão sobre espécies nativas e o potencial

madeireiro da espécie *Khaya senegalensis*, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar geneticamente e fenotipicamente um teste de progênies da espécie *Khaya senegalensis* aos dois anos de idade.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Mogno africano (*Khaya senegalensis* A. Juss.)

Natural da África ocidental, a espécie *Khaya senegalensis*, assim como outras que compreendem o gênero *Khaya*, conhecidas popularmente como mognos africanos, foram introduzidas no Brasil, como uma opção de substituição da madeira do mogno brasileiro (*Swietenia macrophylla*), que por sua vez era muito susceptível à broca-do-ponteiro, conhecida também como broca das meliáceas, e teve sua exploração e comercialização proibida no ano de 2000, como forma de proteção da espécie (COUTO et al., 2004). O conjunto de fatores que fizeram com que o mogno brasileiro saísse de mercado gerou uma busca por espécies madeireiras que o substituíssem, e o mogno africano apresentou-se como uma alternativa promissora. Em nível mundial, as espécies pertencentes ao gênero *Khaya* se destacam pela produção de madeira de excelente qualidade e, conseqüentemente, no mercado internacional de madeiras nativas nobres (PENNINGTON et al., 1975).

O gênero *Khaya*, pertencente à família Meliaceae, compreende quatro importantes espécies de madeiras comerciais, *Khaya ivorensis*, *Khaya grandifoliola*, *Khaya anthotheca* e *Khaya senegalensis*, todas conhecidas como mognos-africanos (REIS, 2019). O motivo por serem consideradas boas substitutas do mogno brasileiro é o fato de que nenhuma delas distingue-se substancialmente da espécie nativa, tanto na aparência, quanto nas características físicas da madeira (LAMPRECH, 1990), além de apresentarem alta resistência à broca dos ponteiros, causada por *Hypsipyla grandella*, principal praga das meliáceas brasileiras com potencial madeireiro (mogno e cedro), que inviabiliza plantios comerciais para estas espécies (POLTRONIERI et al., 2002).

O plantio comercial dos mognos africanos do gênero *Khaya* apresenta algumas vantagens em relação a outras espécies utilizadas no mercado de madeira nobre, como rápido crescimento, já que dependendo da qualidade do sítio, se desenvolvem mais que o mogno nativo do gênero *Swietenia* e a comercialização da madeira é garantida, chegando a atingir altos preços no mercado, tornando-se um excelente investimento em médio e longo prazo

(PINHEIRO et al., 2011). De acordo com Cunha (2010), ao completarem 16 anos de idade, as árvores de mogno africano já possuem as dimensões que permitem o uso de sua madeira serrada com um bom retorno financeiro, o que é um curto período de tempo quando comparado com outras espécies florestais utilizadas para este fim.

A espécie *Khaya senegalensis* A.Juss. pode atingir até aproximadamente 35 m de altura, DAP de até 1,5 m e de 8 a 16 m de fuste sem ramificações, caracterizada como caducifólia, com floração ocorrendo antes ou no início da estação chuvosa. Sua produção de sementes começa entre 15 e 25 anos de idade da árvore e a dispersão das mesmas se dá pelo vento (JOKER et al., 2012).

A madeira desta espécie foi classificada por França et al. (2015) como de coloração vermelho claro no cerne, 2,5 YR 6/6 de acordo com a escala de Munsell, com massa específica média de $0,58 \text{ g cm}^{-3}$ e estabilidade dimensional média, não diferindo, portanto, de *K. ivorensis* para esta última propriedade física. Além disso, a madeira é caracterizada como dura, pesada, durável e possui desenhos de grande beleza, motivo este para seu expressivo uso na fabricação de móveis, bem como na decoração de interiores (SMIDERLE et al., 2016). Os mesmos autores, afirmam que para as propriedades mecânicas da madeira avaliadas, em comparação à *K. ivorensis*, *K. senegalensis* apenas se difere quanto à alta dureza paralela às fibras. Assim, é então considerada uma madeira superior quanto à resistência mecânica, decorrente da maior espessura da parede de suas fibras, ocasionando também maior massa, quando comparada com a *K. ivorensis*. O *Khaya senegalensis* apresenta alta resistência ao déficit hídrico, porém também apresenta algumas características indesejáveis, como taxa de crescimento inferior, fuste menos reto e mais ramificado quando comparado à *K. ivorensis* (PINHEIRO et al., 2011). Em nível mundial, o programa de melhoramento mais antigo conhecido para o gênero ocorre na Austrália, com o *K. senegalensis* (NIKLES et al., 2008), enquanto no Brasil, os trabalhos voltados à seleção de genótipos superiores destinados à clonagem são recentes quando comparados a espécies amplamente estudadas como as do gênero *Eucalyptus*.

2.2 Melhoramento genético de espécies florestais

Os programas voltados ao melhoramento genético de plantas são utilizados no intuito de obter materiais selecionados com genótipos superiores para características de interesse. No setor florestal, essa prática pode ser considerada como uma ciência relativamente nova, desenvolvida majoritariamente a partir de 1950 em nível mundial e, no Brasil, a partir de 1967, com a implantação da lei de incentivos fiscais ao reflorestamento (RESENDE, 1999).

Para espécies destinadas à produção de madeira serrada, alguns caracteres interessantes são: tronco retilíneo, ausência de bifurcações e ramos ladrões, boa desrama natural, alta produtividade e resistência a pragas e doenças. Os programas de melhoramento de espécies comerciais visam maior valorização do produto final (FERREIRA, 1992), porém o longo período que a maioria das espécies florestais levam para expressar as características de superioridade e atingir maturidade sexual devido ao longo ciclo acaba por ser a principal dificuldade de implantar programas de melhoramento para as mesmas (DIOUF, 2003; POUPIN et al., 2005).

A população base utilizada nas práticas de melhoramento deve apresentar variabilidade genética e valores satisfatórios para os caracteres de interesse econômico a serem melhorados (NEGREIROS et al., 2006). Utiliza-se como estratégia inicial a identificação de genótipos superiores com base na divergência genética, levando em consideração a importância de se realizar cruzamentos entre indivíduos contrastantes com objetivo de maiores ganhos genéticos (RAHMAN et al., 2002).

Esse tipo de cruzamento também gera uma maior manifestação da heterose, que por sua vez, reflete a superioridade do indivíduo gerado em relação aos genitores. Tal parâmetro representa o aumento de vigor, que para espécies florestais pode se expressar em ganhos na altura de planta, diâmetro, produtividade e de outros fenômenos fisiológicos que são desejáveis (BORÉM et al., 2005). Além disso, o cruzamento entre indivíduos próximos geneticamente aumenta as chances de ocorrência de depressão por endogamia, acarretando em baixo vigor vegetativo (SHIMIZU, 2007). O maior desempenho dos indivíduos melhorados será proveniente da manipulação do potencial genético, obtido através dos cruzamentos controlados de pais promissores (FIGUEIRÊDO et al., 2007; MANFIO et al., 2012)

A formação de florestas mais uniformes e produtivas a partir das técnicas de melhoramento exige aliar experimentação e estudos de genética quantitativa. Algumas espécies, como *Khaya senegalensis* e *Khaya ivorensis* já possuem propagação vegetativa estabelecidas que podem acelerar a taxa de ganho genético, com a utilização da clonagem, por exemplo (SOARES, 2014). O aumento da eficácia e a diminuição do tempo dos ciclos de melhoramento são importantes, principalmente em espécies florestais, que são culturas com longos ciclos reprodutivos (NASS et al., 2001; GRATTAPAGLIA, 2007).

2.3 Parâmetros genéticos

O conhecimento detalhado do germoplasma disponível e da variação biológica entre populações e indivíduos são fatores cruciais para obtenção de bons resultados em um programa de melhoramento genético de espécies perenes (ABREU et al., 2009). Para obtenção dessas informações, normalmente são utilizados os parâmetros genéticos, que por sua vez, são valores numéricos que possibilitam a realização de inferências sobre a estrutura genética de uma população, podendo variar para características, populações e idades diferentes (FIER, 2001).

O estudo da variação total e a estimativa dos seus componentes tornam possível o conhecimento da estrutura genética do material de estudo, a contribuição genética total para cada caráter de interesse, bem como potencial de seleção por determinado método de melhoramento (FALCONER, 1981). Dentre os parâmetros genéticos quantitativos que mais interessam ao melhorista e que são objetos de estudos em testes de progênies, se destacam as variâncias genéticas, a herdabilidade no sentido amplo e restrito, o ganho genético e as associações entre os caracteres estudados das plantas nos estágios juvenis e adultos (COSTA, 1999). Assim, a estimativa de tais parâmetros visando o conhecimento da variabilidade genética e a avaliação genética de indivíduos apresenta-se como fator relevante nas etapas do programa de melhoramento.

A variância fenotípica pode ser decomposta em três grupos, sendo eles: a variação produzida pelo efeito do ambiente; a variação decorrida das diferenças na hereditariedade e; a variação devido aos efeitos conjugados do meio e da hereditariedade (VENCOVSKY e BARRIGA 1992). Dentre os parâmetros genéticos estudados, a variância genética aditiva

apresenta grande importância, já que é a principal causa da semelhança entre indivíduos aparentados, sendo assim, o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (VENCOVSKY e BARRIGA 1992).

Nos ensaios genéticos, Vencovsky (1987) salienta que podem ser calculados diferentes componentes na variação de um caráter: variação entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$); variação devido às diferenças ambientais entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e a variação devido às diferenças genéticas entre tratamentos/progênes ($\hat{\sigma}_a^2$). Dentre os componentes, só $\hat{\sigma}_c^2$ e $\hat{\sigma}_a^2$ são favoráveis em programas de melhoramento.

As estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos são necessárias para a predição de valores genéticos. Segundo Resende (1999), os componentes de variância podem ser estimados através do método de quadrados mínimos, quando se tratam de dados balanceados, ou pelo método da máxima verossimilhança restrita, no caso de dados desbalanceados, dentre outros. A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética, que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter (RESENDE, 1991). Os coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos por Sebbenn et al. (1998).

A herdabilidade no sentido restrito orienta o melhorista sobre a quantidade relativa da variância genética que é utilizada no melhoramento (FALCONER, 1996). As estimativas de herdabilidade referente aos efeitos de parcela em relação às herdabilidades, entre e dentro de famílias, adquirem importância maior quando se aumenta o número de indivíduos por parcelas nos testes de progênes (VENCOVSKY, 1969; ALARD, 1971; FONSECA, 1979; RESENDE e FERNANDES 1999; RESENDE e HIGA, 1994). A herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias de ambientes às quais os indivíduos estão inseridos (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). O valor da herdabilidade pode ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes da variância fenotípica (FALCONER, 1987).

O estudo das correlações entre os caracteres fornece resultados importantes para identificação de caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta. Dentre as correlações utilizadas em estudos genéticos, estão as genéticas e fenotípicas, sendo a última aquela que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população (PAULA, 2002). Essa correlação pode ter causas

genéticas, que são de natureza herdável e possibilitam seu uso em programas de melhoramento, sendo que a principal causa desta correlação é, principalmente, a pleiotropia (FALCONER, 1981).

Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta, o que gera resultados mais rápidos do que a seleção direta de cada caráter de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). A correlação fenotípica, por sua vez, representa uma estimativa da influência conjunta de causas genéticas e ambientais na expressão de uma dada característica (FERREIRA et al., 2003).

Outro fato amplamente estudado em populações submetidas a programas de melhoramento genético é a divergência genética, sendo este, realizado a partir das análises multivariadas com o objetivo de quantificar a divergência genética entre as progênies em estudo, agrupando as com maior similaridade e as de maior divergência (CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2004). Esta informação possibilita a identificação de indivíduos geneticamente distantes, que podem vir a serem utilizados em cruzamentos controlados objetivando maior efeito da heterose (SANTOS, 2018). Uma das maneiras de se estudar este parâmetro é a partir da utilização da distância Generalizada de Mahalanobis (1936).

A partir das distâncias obtidas pelo método de Mahalanobis, torna-se possível agrupar os genótipos de acordo com a homogeneidade existente entre eles, colocando as progênies com maior homogeneidade dentro do grupo e as progênies mais heterogêneas entre grupos (CRUZ; REGAZZI, 2001; CARNEIRO, 2004). O método de agrupamento de Tocher é muito usual no melhoramento genético florestal, e utiliza uma matriz de dissimilaridade, onde são identificados os indivíduos mais próximos geneticamente, que formam um grupo inicial (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Os grupos são formados de forma que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos (BERTAN et al., 2006; CRUZ et al., 2004).

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com os dados coletados e análises obtidas no presente trabalho, foi possível caracterizar geneticamente e fenotipicamente o teste de progênies de *Khaya senegalensis* instalado em Garça-SP, aos três anos de idade, bem como analisar previamente o potencial da

população em questão para utilização em futuros programas de melhoramento. O alto percentual de sobrevivência indica boa adaptação das progênes no local de implantação do teste e os valores discrepantes de máximos e mínimos para as características avaliadas representam a grande heterogeneidade existente no plantio. Os parâmetros genéticos obtidos a partir da análise de variância apontam que existe variabilidade genética na população, mas que caso haja intenção de iniciar um programa de melhoramento, o mais indicado é que ela seja enriquecida com mais indivíduos no intuito de aumentar a variabilidade genética a ser explorada. Pela idade dos indivíduos, faz-se necessário um acompanhamento da população ao longo do tempo e novas aferições para detectar possíveis mudanças nos parâmetros analisados, sendo a repetibilidade crucial para a acurácia das próximas análises e acompanhamento do teste.

REFERÊNCIAS

- ABREU, F. B. et al. Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansão na fase juvenil. **Embrapa Florestas - Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2009.
- ALARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381p.
- BERTAN I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, 12:279-286, 2006.
- BOREM, A. & MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 525 p, 2005.
- CARNEIRO J., et al. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 2, p. 328-336, 2004.
- COSTA, R. B.. **Métodos de seleção, interação genótipo x ambiente e ganho genético para o melhoramento da seringueira no Estado de São Paulo**. 1999.
- CRUZ CD, REGAZZI AJ & CARNEIRO P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, p. 223-375, 2004.
- COUTO, J. M. F.; OTONI, W. C.; PINHEIRO, A. L.; FONSECA, E. P. Desinfestação e germinação in vitro de sementes de mogno (*Swietenia macrophylla* King). **Revista Árvore**, v.28, n.5, p.633-642, 2004.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa, UFV, 175p, 2006.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, 2003. V. 2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- CUNHA, R.L.M. **Comportamento ecofisiológico do mogno brasileiro (*Swietenia macrophylla* King) e do mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev.) submetidos à adubação potássica nas condições edafoclimáticas de Igarapé Açu –PA, Amazônia Oriental**. 2010, 122p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém.
- DIOUF, D. Genetic transformation of forest trees. **African Journal of Biotechnology**, v. 2, n. 10, p. 328-333, 2003.
- FALCONER, D.S.. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M.A. Silva e J.C. Silva, Viçosa, MG, UFV, Imprensa Universitária. 279p, 1981.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV Impressa Universitária, 279p, 1987.

FERREIRA, M. Melhoria e a silvicultura intensiva clonal. **Série Técnica IPEF**, n. 45, p. 22-30, 1992.

FERREIRA, M.A. JF et al. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, p. 438-442, 2003.

FIER, I. S. N. **Varição genética e métodos de melhoramento para Pinus maximinoi HE Moore em Telêmaco Borba (PR)**. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal do Paraná, 56p. Curitiba, 2001.

FIGUEIREDO, E. V. et al. Divergência genética entre cultivares de coqueiro anão por meio de marcadores morfológicos. **Revista Brasileira de Biociências**, v. 5, n. S1, p. 804-806, 2007.

FONSECA, J. C. M. et al. Desinfestação e germinação in vitro de sementes de mogno (Swietenia macrophylla King). **Revista Árvore**, v. 28, n. 5, p. 633-642, 2004.

FRANÇA, T.S. F.A. et al. Características anatômicas e propriedades físico-mecânicas das madeiras de duas espécies de mogno africano. **Cerne**, v. 21, n. 4, p. 633-640, 2015.

GRATTAPAGLIA, D. Aplicações operacionais de marcadores moleculares. **Bioteχνologia florestal**. Visconde do Rio Branco: Suprema Gráfica e Editora Ltda, p. 175-200, 2007.

HIGA, A.R.; RESENDE, M.D.V.; KODAMA, A.S.; LAVORANTI, O.J. Programa de melhoria de eucalipto na Embrapa, In: **IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS**, 1997, Salvador, Proceedings, Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997, v.1, p.377-385

IBÁ [Indústria Brasileira de Árvores] Histórico do Desempenho do Setor, 2018. Disponível em :< <http://iba.org/pt/biblioteca-iba/historico-do-desempenho-do-setor> >. Acesso em mar/2021.

IBÁ [Indústria Brasileira de Árvores] Histórico do Desempenho do Setor, 2019. Disponível em :< <http://iba.org/pt/biblioteca-iba/historico-do-desempenho-do-setor> >. Acesso em mar/2021.

JOKER, D.; GAMÉNÉ, S. **Khaya senegalensis**. Humlebaek: Danida Forest Seed Centre, (Seed Leaflet, 66). Disponível em :< http://curis.ku.dk/portallife/files/20648230/khayasenegalensis_int.pdf>. Acesso em: 25 Abril 2021.

LAMPRECHT, H. **Silvicultura nos trópicos: ecossistemas florestais e respectivas espécies arbóreas – possibilidades e métodos de aproveitamento sustentado**. Eschborn: GTZ, 1990. p. 297-300.

MAHALANOBIS, P. C. **On the generalized distance in statistics**. National Institute of Science of India, 1936.

MANFIO, C. E. et al. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-63, 2012.

MATHIAS, J. **Mogno africano. Globo Rural, 2012**. Disponível em: < <http://revistagloborural.globo.com/Revista/Common/0,,EMI152905-18293,00-MOGNO+AFRICANO.html> >. Acesso em: 18/02/2021.

NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 30-55, 2001.

NEGREIROS, J. R. da S. **Seleção combinada, massal, entre e dentro, análise de trilha e repetibilidade em progênies de meios-irmãos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* f. *Flavicarpa*)**. 2006. 128 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

NIKLES, D. G. et al. Developing African mahogany (*Khaya senegalensis*) germplasm and its management for a sustainable forest plantation industry in northern Australia: progress and needs. **Australian Forestry**, v. 71, n. 1, p. 33-47, 2008.

PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PENNINGTON, T. D.; STYLES, B. T. **A generic monograph of Meliaceae. Blumea**, v. 22, n. 3, p. 419-540, 1975.

PINHEIRO, A. L. et al. Ecologia, silvicultura e tecnologia de utilização dos mognos-africanos (*Khaya* spp.). **Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Agrossilvicultura**, 2011.

POUPIN, M.; ARCE-JOHNSON, P. Transgenic trees for a new era. **in vitro Cell Development Biology Plant**, v.41, p.91-101, 2005

POLTRONIERI, L. S et al. Detecção de *Phamerochaete salmonicolor* em mogno africano no estado do Pará. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 27, n. 3, p.321, 2002.

RAHMAN, M.; HUSSAIN, D.; ZAFAR, Y. Estimation of genetic divergence among elite cotton cultivars–genotypes by DNA fingerprinting technology. **Crop Science**, v. 42, n. 6, p. 2137-2144, 2002.

REIS, C. A. F.; OLIVEIRA, E. B.; SANTOS, A. M. **Mogno-africano (*Khaya* spp.): atualidades perspectivas do cultivo no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa, 2019. 378 p.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, H. D. Estratégia de melhoramento para erva mate baseada no coeficiente de repetibilidade. In: **CONGRESSO FLORESTAL E DO MEIO AMBIENTE DO PARANÁ**. 1991. p. 241-251.

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de essências florestais. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 589-647.

SANTOS, W.. **Interação genótipo x ambiente em progênies de *Cordia trichotoma* (Vell.) Arráb. ex Steud. e *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth em sistema de plantio misto**. 2018, 111 p. Tese (Doutorado), Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho” - Ilha Solteira – SP.

SEBBENN, A. M. et al. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva–*Myroxylon peruferum* LF Allemão. **Scientia Forestalis, Piracicaba**, v. 53, p. 31-38, 1998.

SHIMIZU, J. Y.. Estratégia complementar para conservação de espécies florestais nativas: resgate e conservação de ecótipos ameaçados. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 54, p. 7-7, 2007.

SOARES S. D. **Diversidade genética em população de melhoramento de mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev.)**. 2014, 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

SMIDERLE, O. J. et al. Growth and nutritional status and quality of *Khaya senegalensis* seedlings. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 59, n. 1, p. 47-53, 2016.

TEIXEIRA, V. C. M.. **Avaliação da usinagem da madeira de mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev.)**. 2011, 45 p. Monografia (Engenheiro Florestal)-Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro Instituto de Florestas, Seropédica.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VENCOVSKY, R.. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alogamas. **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, 1986.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho** 2.ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p.137-274.

SEGUNDA PARTE – ARTIGO**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE MOGNO
AFRICANO (*Khaya Senegalensis* A. Juss.) NA REGIÃO DE GARÇA-SP.**

Marcela Kastein Lourenço¹;

Versão preliminar a ser submetida. O conselho editorial da revista escolhida poderá sugerir alterações.

RESUMO

A crescente demanda por produtos de origem florestal, incluindo madeiras nobres, é o fator responsável pela permanência do setor em alta na economia brasileira. Da mesma forma, o abastecimento da cadeia produtiva ainda se apresenta como uma problemática quando diz respeito à exploração irregular de espécies nativas. A busca por espécies potenciais e por técnicas que visam aumentar a produtividade do setor é crescente e as espécies do gênero *Khaya* vêm apresentando resultados satisfatórios no Brasil quanto à qualidade de madeira e ao crescimento. Em decorrência do curto período de tempo da introdução do gênero em plantios brasileiros, a gama de estudos com essas espécies ainda é pequena quando comparada com outras espécies exóticas amplamente utilizadas em plantios comerciais. Com isso, este trabalho teve como objetivo caracterizar geneticamente e fenotipicamente um teste de progênies de *Khaya senegalensis* aos três anos de idade. O teste foi instalado no ano de 2019, na Fazenda Enseada, localizada em Garça-SP. O delineamento é de blocos casualizados, com três repetições, 19 progênies e 20 indivíduos por parcela, no espaçamento de 3,0 x 0,5 metros. Foram avaliados os caracteres: altura total (ALT), diâmetro a 30 centímetros do solo (D) altura de inserção do primeiro galho ou folha (APGF). Os dados foram analisados pela metodologia REMP/BLUP no software genético Selegen®. Também foram calculados o tamanho efetivo populacional e a diversidade genética pelo método de Wei e Lindgren. Não houve significância do valor de χ^2 entre as progênies com base na análise de deviance, porém houve significância em nível de parcelas a 1% de probabilidade, com 1 grau de liberdade para os caracteres ALT, DB e APV. A sobrevivência das plantas, aos dois anos após o plantio, foi de 92%, indicando boa adaptação da espécie ao sistema de plantio. As médias para os caracteres ALT (79,9 cm), APGF (30,77 cm) e D (1,33 cm) foram consideradas dentro do padrão para a espécie nessa idade. O número efetivo populacional do teste de progênies foi de 70, sendo considerado baixo. As correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres de estudo foram consideradas de média a alta, e significativas. A diversidade genética foi de 0,61, sendo considerada baixa. Os dados das progênies foram agrupados em três grupos pelo método de Tocher, o que indica uma alta similaridade entre as mesmas. Os coeficientes de variação genética individual e entre progênies foram medianos, enquanto a herdabilidade e acurácia, de baixa magnitude. Com base no resultado do teste, pode-se concluir que, caso futuramente esta população seja utilizada em um programa de melhoramento genético, a indicação é que sejam inseridos mais indivíduos, enriquecendo o germoplasma e gerando maior diversidade genética para futuros ciclos subsequentes de melhoramento.

Termos para indexação: espécies florestais, madeira nobre, melhoramento genético, parâmetros genéticos, diversidade genética.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil possui um total de mais de 9 milhões de hectares de área plantada com espécies florestais, para diversos fins econômicos, o que faz com que o setor florestal apresente grande participação no PIB Nacional, contribuindo com 1,2% e receita bruta de R\$ 97,4 bilhões (IBÁ, 2020).

Apesar da grande extensão destinada a esses plantios, o problema com desmatamento ilegal e a exploração irregular de espécies de alto valor econômico ainda é uma realidade preocupante. Diante deste cenário, há perda de diversidade genética das espécies florestais, o que implica em perda de diversidade das espécies, aumento das chances de ocorrência de endogamia e redução da habilidade de sobrevivência diante de mudanças ambientais (SOARES, 2014).

Haja vista o crescimento do setor florestal e a preocupação com a exploração predatória de espécies nativas, é necessária a busca e estudos que envolvam novas espécies de interesse. Os mognos africanos (*Khaya* spp.) se destacam por possuir grande potencial madeireiro e econômico, com possibilidade de uso na indústria moveleira, naval, construção civil, entre outros (PINHEIRO et al., 2011).

São espécies que apresentam um crescimento considerável, alta produtividade, boa adaptabilidade, resistência à broca-das-meliáceas (*Hypsipyla grandella*) e madeira de qualidade e alto valor no mercado internacional, motivos esses que incentivaram a expansão dos seus plantios no Brasil (FARIAS et al., 2011). A introdução de plantios do gênero *Khaya* no Brasil é consideravelmente recente quando comparada com espécies mais difundidas, como as do gênero *Eucalyptus*, e provêm de poucas árvores introduzidas no país na década de 70 e de produtores que importaram sementes de regiões da África (FALESI et al., 1999).

Visto a constante demanda por produtos de origem florestal atrelada à preocupação com os fatores ambientais citados, faz-se necessária a busca por espécies que possam suprir a necessidade das indústrias, bem como diminuir a pressão sobre áreas naturais. Além da procura por espécies potenciais, os plantios florestais se apoiam em estudos e pesquisas que objetivam o aprimoramento das técnicas já utilizadas, bem como desenvolvimento de novas metodologias para a promoção de ganho em produtividade, visando um abastecimento sustentável das cadeias produtivas que envolvem materiais provenientes de florestas. Dentre esses estudos, destacam-se os de melhoramento genético, que tornam possível a seleção de

indivíduos com genótipos superiores visando à formação de florestas mais produtivas e uniformes.

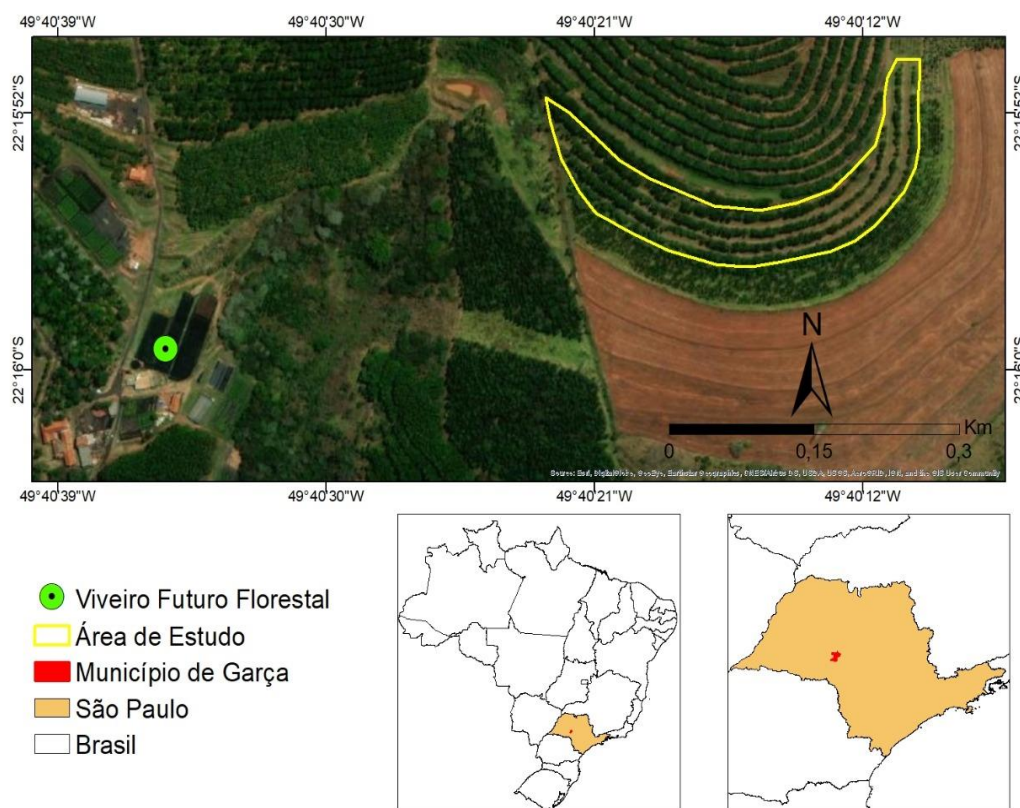
Visto o potencial madeireiro e o crescimento de indivíduos da espécie *Khaya senegalensis*, bem como a falta de estudos genéticos da espécie e de genótipos superiores selecionados no Brasil, o objetivo deste trabalho foi caracterizar geneticamente e fenotipicamente o teste de progênes da espécie aos dois anos de idade.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área de estudo

O teste de progênes está instalado na Fazenda Enseada, localizada na BR 349, município de Garça – SP, sob as coordenadas geográficas de 22°16'00.45" de latitude Sul, 49°40'36.61" de longitude Oeste, a 628 metros de altitude (FERREIRA, 2008), (Figura 1), numa área pertencente à empresa Futuro Florestal. O clima é classificado como Cwa conforme classificação de Koppen, apresentando-se quente e com precipitação pluvial média anual de 1400 mm, concentrada nos meses de verão e temperatura média anual de 21,5°C (CPETEC, 2020). O plantio foi realizado no ano de 2019, ano que teve pluviosidade média anual de 1275,6 mm, seguidos de 1235,91 mm em 2020 (dado coletado das observações mensais dos pluviômetros instalado na Fazenda Enseada).

Figura 1. Localização do teste de progênies de *Khaya senegalensis*, instalado na Fazenda Enseada em Garça-SP.



Fonte: do autor (2021).

2.2 Delineamento experimental e coleta de dados

O teste de progênies avaliado nesse estudo conta com três blocos casualizados, 20 progênies com 20 indivíduos por parcela, no espaçamento 3 x 0,5 metros. O teste foi instalado no ano de 2019 e as mudas utilizadas no ensaio foram formadas em tubetes, a partir de sementes adquiridas em Walen, Guenon, Tiakane, Kankalaba e Mondon, na África, conforme apresentado na tabela 1.

Tabela 1. Informações a respeito dos locais de onde foram coletadas sementes para a produção de mudas e instalação do teste de progênies de *Khaya senegalensis*.

Número / Ano de coleta	Origem	Tipo de solo	Latitude	Longitude
001/15	Guenon	Argiloso e cascalho	0729369	1225912
003/15	Guenon	Argiloso e cascalho	0729543	1226608
006/15	Walem	Argiloso e cascalho	0688429	1240715
007/15	Walem	Argiloso e cascalho	688852	1240845
008/15	Walem	Argiloso e cascalho	688446	1240952
009/15	Walem	Argiloso e cascalho	0688922	1240762
010/15	Tiakané	Cascalho	700164	1235433
011/15	Tiakané	Cascalho	697673	1236326
012/15	Tiakané	Cascalho	697648	1236342
013/15	Tiakané	Cascalho	697574	1236369
014/15	Tiakané	Cascalho	689483	1236406
015/15	Tiakané	Cascalho	697391	1236442
016/15	Tiakané	Cascalho	697228	1236503
017/15	Tiakané	Cascalho	694216	1237568
018/15	Kankalaba	Cascalho	30P0252824	1185567
019/15	Kankalaba	Cascalho	30P0251988	1187747
020/15	Kankalaba	Cascalho	30P0251890	1188122
021/15	Kankalaba	Cascalho	30P0251692	1188516
022/15	Kankalaba	Cascalho	30P260634	1192211
027/15	Mondon	Argiloso e Cascalho	0295346	1210551

Fonte: do autor (2021).

O preparo de solo foi realizado com sulcador e, antes do plantio, o pH do solo foi corrigido através de calagem com auxílio de um batedor tipo enxada rotativa. No momento do plantio, realizou-se a adubação no sulco com termofosfato magnésiano Yoorin.

Após o plantio, periodicamente, foram realizadas roçadas para contenção de plantas daninhas e controle de formigas com iscas formicidas. Os caracteres foram mesurados nos indivíduos aos dois anos de idade, e para as análises deste estudo, foram medidos os caracteres de crescimento altura total (ALT-cm) e diâmetro a 30 centímetros do solo (D-cm), visto que parte dos indivíduos do teste ainda não haviam atingido o diâmetro à altura do peito (DAP). Além disso, a altura do primeiro galho ou folhas (APGF-cm) foi mensurada com objetivo de identificar plantas com inserções mais altas (Figura 2). Ambas as alturas foram mensuradas com o uso de uma fita métrica, enquanto o diâmetro foi aferido com paquímetro.

Figura 2. Coleta de dados de altura, altura do primeiro galho ou folhas e diâmetro à 30 centímetros do solo em indivíduos de *Khaya senegalensis* aos dois anos, em Garça-SP.



Fonte: do autor (2021).

Além das características de crescimento, observou-se a presença de bifurcações, galhos ladrões, o ataque de pragas ou doenças, conforme apresentado na Figura 3.

Figura 3. Observação de mudas acometidas por doenças (1), atacadas por formigas (2), bifurcadas (3) e com presença de galhos ladrões (4) no teste de progênes da espécie *Khaya senegalensis*, aos dois anos de idade, em Garça – SP.



Fonte: do autor (2021).

2.3 Caracterização genética

Os dados coletados em campo foram analisados no software Selegen, por meio da metodologia de modelos mistos, procedimento REML (Máxima Verossimilhança Restrita) /BLUP (Melhor Predição Linear não Viesada) (RESENDE, 2007). Para a obtenção dos parâmetros genéticos, utilizou-se o modelo 93, indicado para avaliação de indivíduos em progênes de meios irmãos, instalado em delineamento em blocos completos, com várias observações por parcela, dado por:

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

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);

p: vetor dos efeitos de parcela;

e: vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os parâmetros genéticos estimados foram (RESENDE, 2002):

a) Variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$):

$$\hat{\sigma}_a^2 = [\hat{a}'A^{-1}\hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{22})]/q;$$

b) Variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_c^2$):

$$\hat{\sigma}_c^2 = [\hat{c}'\hat{c} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr} C^{33}]/s_1;$$

c) Variância residual (ambiental + não aditiva) ($\hat{\sigma}_e^2$):

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}'X'y - \hat{a}'Z'y - \hat{c}'W'y]/[N - r(x)];$$

Em que:

C^{22} e C^{33} vem da inversa de C;

C: matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr: operador traço matricial;

$r(x)$: posto da matriz X;

N, q, s: números de dados, de indivíduos e de parcelas, respectivamente.

iv) Variância fenotípica individual ($\hat{\sigma}_f^2$):

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2;$$

d) Herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2};$$

e) Herdabilidade da média de progênes:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/4).\hat{\sigma}_a^2}{(1/4).\hat{\sigma}_a^2 + \frac{\hat{\sigma}_c^2}{r} + \frac{(0,75.\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2)}{n.r}};$$

Em que:

n : número de plantas por parcela;

r : número de repetições.

f) Herdabilidade aditiva dentro de parcela:

$$\hat{h}_{ad}^2 = \frac{0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2}{0,75 \cdot \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2};$$

A análise descritiva dos dados e a correlação fenotípica dos caracteres foram obtidas através do modelo 105, para correlação genética foi utilizado o modelo 102.

As correlações genéticas r_g entre os caracteres foram estimadas por:

$$\hat{r}_g = \frac{C\hat{O}V_{a(x,y)}}{\sqrt{\hat{S}_{a(x)} \cdot \hat{S}_{a(y)}}}$$

Em que:

$C\hat{O}V_{a(x,y)}$: covariância genética aditiva entre x e y

$\hat{\sigma}_{a(x)}$: componente de variância genética para o x

$\hat{\sigma}_{a(y)}$: variância genética aditiva para o y .

A correlação fenotípica r_f entre dois caracteres foi estimada por:

$$\hat{r}_f = \frac{C\hat{O}V_{f(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{f(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{f(y)}^2}}$$

Em que:

$C\hat{O}V_{f(x,y)}$: covariância fenotípica entre o x e y ;

$\hat{\sigma}_{f(x)}$: componente de variância fenotípica para o x ;

$\hat{\sigma}_{f(y)}$: componente de variância fenotípica para o y ;

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi obtido com base em Resende (2002), utilizando o modelo 104, que por sua vez calcula três medidas de divergência genotípica: distância euclidiana média em nível genotípico; quadrado da distância euclidiana em nível genotípico; distância estatística de Mahalanobis em nível genotípico. Este modelo é dado por:

$$N_e = (4.N_f.\bar{k}_f) / \left[\bar{k}_f + 3 + \left(\sigma_{k_f}^2 / \bar{k}_f \right) \right]$$

Em que:

N_f : número de progênies selecionadas;

\bar{k}_f : número médio de indivíduos selecionados por progênie;

$\sigma_{k_f}^2$: estimativa da variância do número de indivíduos selecionados por progênie.

A diversidade genética (D), após a seleção, foi quantificada conforme Wei e Lindgren (1996), citados por Resende (2002):

$$D = N_{ef}/N_{fo},$$

Em que:

$$0 < D \leq 1 ;$$

N_{fo} : número original de progênies,

N_{ef} : número efetivo de progênies selecionadas, que por sua vez é dado por:

$$N_{ef} = \left(\sum k_f \right)^2 / \sum k_f^2 .$$

A divergência genética entre as progênies foi estimada pelo método da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), conforme Cruz e Carneiro (2003), expressa por:

$$D_{ii}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Em que:

D_{ii}^2 = distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

Y_{ij} = média do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima variável.

Após a obtenção da matriz de distância (D^2), foi realizada a análise de agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001). A divergência genética foi obtida pelo método REML/BLUP, empregando-se o *software* genético-estatístico SELEGEN®-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise estatística descritiva para os caracteres analisados pode ser observada na tabela 2. A sobrevivência aos dois anos foi de 92%, demonstrando boa adaptabilidade e baixa mortalidade da espécie no teste de progênies. Para a mortalidade contabilizada no teste, observou-se um padrão, sendo que 60 das 91 mortes ocorreram na progênie 19, o que pode indicar que esta não se adaptou ao local, pois apresentou 100% de indivíduos mortos. As médias para os caracteres altura, diâmetro à 30 centímetros do solo e altura do primeiro verticílio foram de 79,9 cm, 1,3 cm e 30,8 cm, respectivamente. Os valores máximos e mínimos aferidos no ensaio foram, respectivamente, de 375,0 e 11,0 cm para altura, 5,0 e 0,2 cm para diâmetro à 30 centímetros do solo e 145,0 e 1,0 cm para altura do primeiro galho ou folha. Pode-se observar uma discrepância nos valores dos caracteres mensurados na população, o que explica os valores de desvio obtidos na análise.

Tabela 2. Análise estatística descritiva para os caracteres silviculturais: altura total (ALT), diâmetro à 30 centímetros do solo (D), altura do primeiro galho ou folha (APGF) e percentual desobrevivência (SOB) em um teste de progênes de *Khaya senegalensis* em Garça, aos dois anos.

Parâmetro	ALT (cm)	D (cm)	APGF (cm)	SOB (%)
<i>m</i>	79,90	1,33	30,77	92,00
<i>Desvio</i>	45,42	0,65	17,62	0,27
<i>CV(%)</i>	56,85	49,06	57,26	29,46
<i>Máximo</i>	375,00	5,00	145,00	1,00
<i>Mínimo</i>	11,00	0,20	1,00	0,00

Fonte: do autor (2021).

A estimativa dos parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento do teste de progênes estudados está descrita na tabela 3. O teste de razão e verossimilhança para o efeito de progênes não apresentou diferença significativa ($p < 0,05$) para os três caracteres avaliados. Para o efeito de parcela, o valor obtido pelo teste de razão e verossimilhança foi significativo, indicando que o delineamento experimental utilizado no ensaio foi eficiente para controlar a heterogeneidade ambiental entre os blocos.

Segundo Farias Neto (2011), o coeficiente de determinação dos efeitos de parcelas demonstra a influência ambiental dentro dos blocos e parcela. Neste estudo, esse parâmetro foi baixo, o que demonstra homogeneidade dentro dos blocos e parcelas. O coeficiente de variação experimental foi considerado de variação alta (ALT 30,39%, D 25,41% e APGF 24,58%), sendo que, de acordo com Resende 2020, estimativas ideais desse parâmetro deveriam ser iguais ou inferiores a 10%.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres silviculturais: altura total (ALT-cm), diâmetro à 30 centímetros do solo (D-cm) e altura do primeiro galho ou folha (APV-cm) em um teste de progênes de *Khaya senegalensis*, em Garça, SP, aos dois anos de idade.

Estimativas	ALT (cm)	D (cm)	APGF (cm)
\hat{h}_a^2	0,22 ±0,08	0,01±0,02	0,11±0,06
\hat{h}_m^2	0,35	0,03	0,33
$r_{\hat{a}a}$	0,58	0,18	0,57
\hat{C}_p^2	0,26	0,21	0,14
CV_{gi} (%)	26,23	5,64	19,86
CV_{gp} (%)	13,11	2,82	9,93
CV_e (%)	30,79	25,41	24,58
CV_r	0,43	0,11	0,40
LRTpar(χ^2)	157,80**	90,64**	46,68**
LRTprog(χ)	1,14	0,008	0,82

*significativo a 5 %, com 1 grau de liberdade; **significativo a 1 %, com 1 grau de liberdade; \hat{h}_a^2 herdabilidade individual no sentido restrito; \hat{h}_m^2 herdabilidade da média de progênes; $r_{\hat{a}a}$ acurácia; \hat{C}_p^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; CV_{gi} coeficiente de variação genética aditiva individual; CV_{gp} coeficiente de variação genética entre progênes ; CV_e coeficiente de variação experimental; CV_r coeficiente de variação relativa; ; LRT: Teste da Razão de Verossimilhança.

Fonte: do autor (2021).

As herdabilidades individuais no sentido restrito (ALT 0,22, DB 0,01 e APGF 0,11) e em nível de média (ALT 0,35, DB 0,03 e APGF 0,33) foram baixas para os caracteres DB e APV e média para ALT e APGF. De acordo com Resende (2002), a herdabilidade pode ser

considerada como de baixa magnitude quando $\hat{h}_a^2 < 0,15$, média magnitude entre 0,15 $< \hat{h}_a^2 < 0,50$ e alta magnitude com $\hat{h}_a^2 > 0,50$. A herdabilidade média de progênies estimada foi de 0,75 para altura e 0,74 para D, valores que possibilitam a seleção inicial entre as progênies.

Segundo Santos (2013), o valor das variâncias fenotípicas e genéticas aumenta em função da idade da planta, variação esta decorrente do crescimento ao longo do tempo, fazendo-se necessário o acompanhamento da população caso haja a intenção de explorá-la geneticamente. Martinez et al. (2012) e Rosado et al. (2009), estudando progênies de *P. taeda* e clones de eucalipto, respectivamente, encontraram resultados de alta magnitude para estimativa da herdabilidade média das progênies para variável altura ($h_{mp}^2 = 0,71$ e $h_{mp}^2 = 0,77$ respectivamente) e resultados de altas magnitudes para a variável diâmetro ($h_{mp}^2 = 0,87$ e $h_{mp}^2 = 0,86$).

Oliveira (2019) obteve resultados semelhantes para as mesmas variáveis, estudando a espécie *K. ivorensis*. Portanto, na população de estudo, pode-se dizer que um possível caractere a ser explorado para seleção em programas futuros é o volume, que por sua vez, envolve o diâmetro e a altura. A acurácia do teste foi de 0,58, 0,18 e 0,57 para as variáveis altura, diâmetro da base e altura do primeiro verticílio, respectivamente. A acurácia diz respeito ao quanto o valor estimado se aproxima do real e são consideradas de baixa magnitude ($25\% < r_{aa} < 75\%$) (RESENDE, 2002).

A variabilidade genética individual (CV_{gi}) (ALT 26,23%, D 5,64% e APGF 19,86%), foram altas para as variáveis ALT e APGF e baixa para D. O CV_{gi} expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter (RESENDE et al., 1991). Quanto mais elevados os valores de CV_{gi} , maiores serão as chances de ganhos com a seleção (AGUIAR et al., 2010).

Sebbenn et al. (1998), relatam que os coeficientes de variação genética acima de 7% são considerados altos. Os coeficientes de variação genética entre progênies (CV_{gp}) foram baixos, pois explora no máximo $\frac{1}{4}$ da variação individual aditiva (ALT 13,41%, DB 2,82% e APV 9,93%). Os valores obtidos indicam que para os caracteres altura e altura do primeiro galho ou folha existe maior variabilidade genética em nível de progênies a ser explorada em

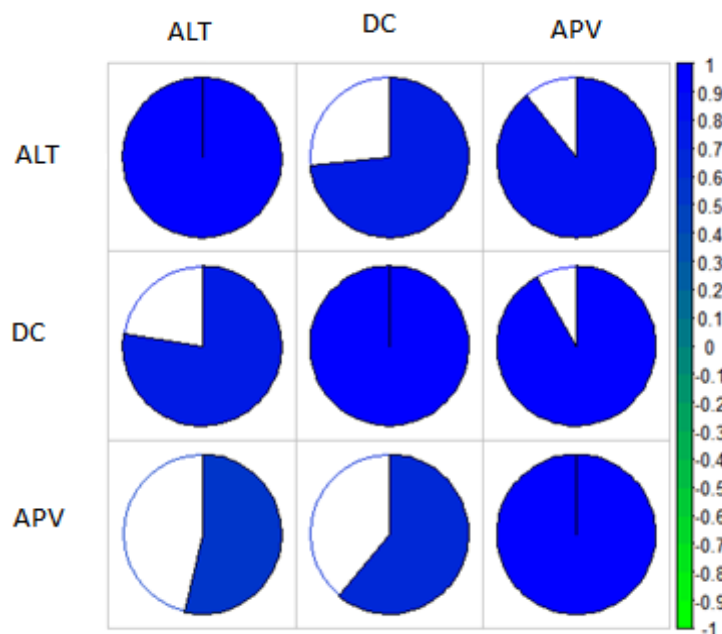
futuros programas de melhoramento, buscando dentro desse grupo aqueles indivíduos superiores, com valores acima da média em altura e com inserções de galhos mais altas. Esses indivíduos podem servir como árvores matrizes clonais ou em cruzamentos controlados.

O coeficiente de variação relativa (CV_r), que indica a razão entre CV_{gi} e CV_e , significa que quanto maior este parâmetro, maior é o controle genético do caráter e menor é a influência dos fatores ambientais no fenótipo (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Segundo Resende (2002), o coeficiente de variação relativa é considerado baixo quando apresenta valores entre 0 e 0,25, intermediário para valores entre 0,25 e 0,5, altos para valores entre 0,5 e 0,75 e muito altos para valores acima de 0,75 (RESENDE, 2002a). A partir desta classificação, pode-se afirmar que o coeficiente de variação relativa para os caracteres analisados foi baixo para D (0,11) e intermediários para ALT (0,43) e APGF (0,40).

Oliveira (2019) estudou a variabilidade genética de duas procedências de *Khaya grandifoliola*, utilizando a mesma metodologia (REML/BLUP) e obteve variação genética de 0,34 e 0,48 para os caracteres altura e diâmetro, respectivamente, o que é considerado de baixa magnitude, indicando a necessidade de inserção de novos genótipos para o aumento da variabilidade e maiores ganhos genéticos.

Os valores de correlação genotípica e fenotípica foram positivos e altos para todos os caracteres (Figura 4), sendo que as menores estimativas de correlação fenotípica envolveram a característica altura do primeiro verticílio (APV), o que indica que uma seleção envolvendo esta característica promoveria pequenas variações nas demais. Canuto (2015) obteve valores semelhantes (0,74) ao deste estudo para este parâmetro, entre diâmetro médio do caule e altura da planta em um teste de progênies de *Dipteryx alata*. Santos (2018) obteve resultados significativos e altos (0,90 e 0,94) para correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres altura e DAP em progênies de *Cordia trichotoma*. Santos (2016), também obteve correlação de alta significância (0,92) entre os caracteres de crescimento em *Pinus caribaea var. hondurensis*.

Figura 4. Correlação genotípica (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) para os caracteres diâmetro à 30 centímetros, altura e altura do primeiro galho ou folha para o teste de progênes de *Khaya senegalensis* aos dois anos de idade em Garça-SP.



Fonte: do autor (2021).

A dissimilaridade e similaridade entre as progênes de *K. senegalensis*, para as variáveis silviculturais, foram estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis (D2). Este valor representa para cada progênie, qual a sua maior e menor distância em relação às demais progênes (Tabela 4).

Tabela 4. Medidas de dissimilaridade (distâncias generalizadas de Mahalanobis = D2) entre as progênes de *Khaya senegalensis*, aos dois anos de idade, em Garça-SP.

D2 de Mahalanobis				
Distâncias Area 2				
Progênie	Maior	Progênie	Menor	Progênie
3	18,98	9	2,00	7
10	14,61	13	0,36	22
6	19,95	14	0,58	10
12	8,63	9	0,33	7
21	14,71	3	0,63	27
7	12,06	9	0,33	12
17	16,26	14	0,54	16
18	11,82	13	0,62	27
13	16,82	14	2,44	20
20	13,15	14	0,77	12
8	18,15	3	0,26	9
15	9,54	3	0,37	11
9	19,34	14	0,26	8
11	9,11	14	0,28	16
16	11,49	14	0,28	11
1	14,46	3	1,46	14
14	19,95	6	1,46	1
22	12,16	14	0,36	10
27	10,07	14	0,39	22
Maximo: 19,95		Progênes: 6 e 14		
Minimo: 0,26		Progênes: 3 e 9; 14 e 8		

Fonte: do autor (2021).

As estimativas das distâncias de Mahalanobis, indicam que dentre as progênes do ensaio, as mais divergentes foram as 6 e 14 ($D2 = 19,95$) e as menos divergentes foram os pares 3 e 9 e 14 e 8, que apresentaram distância entre si de 0,26. A partir deste resultado, pode-se dizer que para realização de cruzamentos controlados, os ganhos seriam maiores ao utilizar as progênes 6 e 14, que divergem mais entre si.

O agrupamento das progênes de acordo com os caracteres foram realizadas utilizando o Método de Otimização Tocher (Tabela 5), considerando a distância de Mahalanobis.

Tabela 5. Formação de grupos com base no método de aglomeração (Otimização de Tocher) em altura, diâmetro à 30 centímetros e altura do primeiro galho ou folha de progênies de *Khaya senegalensis* aos dois anos de idade, em Garça - SP.

Grupos	Progênies	Progênies
1	10 6 12 21 7 17 18 13 20 8 15 9 11 16 1 22 27	17
2	3	1
3	14	1
Total		19

Fonte: do autor (2021).

As 19 progênies do ensaio se dividiram em três grupos, sendo que o primeiro deles agrupa 17 delas. Esse agrupamento indica a similaridade entre as progênies, que por ser decorrente da sua origem a partir de uma população ancestral comum, ou ainda, que essas populações possam ter sofrido ação antrópica, dispersão de frutos via animais ou polinização cruzada (SIQUEIRA et al., 1993).

Para desenvolvimento de híbridos intraespecíficos, o indicado é realizar cruzamentos entre indivíduos contrastantes e com maior desempenho produtivo. Em contrapartida, quando o que se deseja a partir dos cruzamentos é a recuperação de alelos, deve-se dar preferência às progênies mais próximas geneticamente, ou a realização de retrocruzamentos (DIAS; RESENDE, 2001). Com base no resultado desta análise, em caso de uso das progênies do estudo para melhoramento genético visando maior expressão da heterose, o recomendado seria o cruzamento entre os grupos 1 e 3.

4. CONCLUSÃO

O percentual de sobrevivência do teste foi alto, indicando que houve uma boa adaptabilidade das progênies no local de instalação do teste, com exceção da família 19, que apresentou 100% de mortalidade.

Com base nas análises genético-estatísticas realizadas a partir dos dados coletados em campo, pode-se concluir que a variabilidade genética a ser explorada em possíveis programas

de melhoramento dentro deste teste de progênies de *Khaya senegalensis* é mediana, fazendo-se necessária a inserção de novos indivíduos, com o intuito de aumentar este parâmetro para maiores ganhos.

A correlação entre os caracteres de crescimento é significativa e alta, podendo-se obter ganhos indiretos em uma característica a partir da seleção em outra.

A dissimilaridade e a similaridade entre as progênies e o agrupamento, obtidos pelos métodos de Mahalanobis e Tocher, respectivamente, indicam que as progênies de estudo possuem proximidade genética, o que implica em menos ganhos genéticos obtidos entre cruzamentos entre os indivíduos presentes no teste.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V.; SOUZA, V. A.; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênes de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, p. 62, p. 107-117, 2010.
- CANUTO, D. S. O. et al. 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.
- CARNEIRO, J. M. et al. Avaliação de métodos de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 2, p. 328-336, 2004.
- CPTEC - Centro de Previsão de Tempo e Estudos Climáticos.
<https://www.cptec.inpe.br/previsao-tempo/sp/garca> < Acesso em 23/04/2021 >.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético** Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2001. 390 p.
- DIAS, L. A. S.; RESENDE, M. D. V. **Estratégias e métodos de seleção**. In: DIAS, L. A. S. (Ed.). Melhoramento genético do cacauzeiro. Viçosa: FUNAPE, 2001. p. 217-287.
- FALESI, I. C.; BAENA, A. R. C. Mogno-africano *Khaya ivorensis* A. Chev. em sistema silvipastoril com leguminosa e revestimento natural do solo. **Embrapa Amazônia Oriental- Documentos (INFOTECA-E)**, 1999.
- FARIAS, P.R. S. et al. Ocorrência de *Aleurocanthus woglumi* em área de eflorestamento com mognoafricano na Amazônia Oriental. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 54, n. 1, p. 85-88, 2011.
- FARIAS NETO, J. T. ; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, M. S. P.. Seleção simultânea em progênes de açaizeiro irrigado para produção e peso do fruto. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 2, p. 532-539, 2011.
- FERREIRA. R. A. et al. Análise do potencial de crescimento inicial de espécies arbóreas florestais, implantadas em área de preservação permanente, próximo a um córrego no município de Garça-SP. **Revista Científica Eletrônica De Engenharia Florestal**, n. 11, 2008.
- FIGUEIREDO, E. O.; OLIVEIRA, L.C.; BARBOSA, L. K. F. Teca (*Tectona grandis* Lf): principais perguntas do futuro empreendedor florestal. **Rio Branco: Embrapa Acre**, 2005.
- IBÁ** [Indústria Brasileira de Árvores] Histórico do Desempenho do Setor, 2019. Disponível em :< <http://iba.org/pt/biblioteca-iba/historico-do-desempenho-do-setor> >. Acesso em mar/2021.

PINHEIRO, A. L. et al. Ecologia, silvicultura e tecnologia de utilização dos mognos-africanos (*Khaya* spp.). **Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Agrossilvicultura**, 2011.

MARTINEZ, D. T. et al. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2012.

OLIVEIRA, L. G. M. et al. Variabilidade genética de duas procedências de mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev) no cerrado Genetic variability of two provenances of African mahogany (*Khaya ivorensis* A. Chev) in the cerrado. **Scientia Forestalis**. Piracicaba, v. 47, n. 124, p. 624-631, 2019

RESENDE, M.D.V.; SILVA, H. D. Estratégia de melhoramento para ervamate baseada no coeficiente de repetibilidade. In: **CONGRESSO FLORESTAL E DO MEIO AMBIENTE DO PARANÁ**. 1991. p. 241-251.

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

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

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B. et al. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, 2009.

SANTOS, A. M. et al. Estimação de parâmetros genéticos em teste de procedência e progênie de cedro australiano. In: **Embrapa Florestas-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2013, Uberlândia

SANTOS, W. dos et al. Divergência genética entre progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* a partir de caracteres quantitativos. **Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2016.

SEBBENN, A. M. et al. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva–*Myroxylon peruiferum* LF Allemão. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 53, p. 31-38, 1998.

SIQUEIRA, C.M.F., NOGUEIRA, J.C.B., KAGEYAMA, P.Y. Conservação dos recursos genéticos *ex situ* do cumbaru *Dipteryx alata* Vog. - Leguminosae. **Revista do Instituto Florestal** 5: 231-243, 1993.

SOARES S. D. **Diversidade genética em população de melhoramento de mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev.)**. 2014, 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

TEIXEIRA, V. C. M.. **Avaliação da usinagem da madeira de mogno africano (*Khaya ivorensis* A. Chev.)**. 2011, 45 p. Monografia (Engenheiro Florestal)-Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro Instituto de Florestas, Seropédica.

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