

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CRESCIMENTO EM PROGÊNIES DE DUAS PROCEDÊNCIAS DE *Roupala montana* var. *brasiliensis* (PROTEACEAE)¹

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH IN PROGENIES FROM TWO PROVENANCES OF *Roupala montana* var. *brasiliensis* (PROTEACEAE)

Fernanda Bortolanza PEREIRA^{2,11}; David Henry BOSHIER³; Bruno César ROSSINI⁴; Celso Luis MARINO⁵; Miguel Luís Menezes de FREITAS⁶; Edson Vidal SILVA⁷; Guilherme Ferreira MELCHERT⁸; Jessyca SPEROTTO⁹; Evandro Vagner TAMBARUSSI¹⁰

RESUMO - *Roupala montana* var. *brasiliensis* (carvalho-brasileiro) é uma espécie de potencial madeireiro que foi extensivamente explorada e com pouca informação sobre suas populações naturais. Dessa forma, a presente pesquisa teve como objetivo estimar parâmetros genéticos quantitativos na fase de viveiro, a partir de um teste de procedências e progênies. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com três blocos e um número variável de plantas por parcela, num total de 201 mudas para sete tratamentos (progênies). Os caracteres avaliados aos 60, 120 e 180 dias foram o diâmetro do colo (DC) e altura (ALT). As herdabilidades no sentido restrito foram consideradas medianas a altas para DC e altas para altura, enquanto a herdabilidade média foi alta para ambas as variáveis. O coeficiente de variação ambiental resultou alto para todas as avaliações, embora o coeficiente de variação genética indique a existência de alta variabilidade genética. Os resultados indicam existência de variabilidade genética nas progênies avaliadas. O teste de progênies foi implantado no Campus Irati da Unicentro.

Palavras-chave: altura; características de crescimento; diâmetro de colo; herdabilidade; variância genética.

ABSTRACT - *Roupala montana* var. *brasiliensis* (brazilian-oak) is a potential timber species that has been extensively exploited, but little information is available about their natural populations. As the genetic breeding of native tree species offers an interesting alternative for conservation, the present study aimed to estimate quantitative genetic parameters at the nursery phase of a *R. montana* var. *brasiliensis* progeny test. The experimental design was randomized blocks, with three blocks and a variable number of plants per plot, for a total of 201 seedlings across seven treatments (progenies). The evaluated traits at 60, 120, and 180 days were root collar diameter (DC) and height (ALT). Results for narrow-sense heritability were considered median to high for DC and high for height, while average heritability was high for both variables. The coefficient of environmental variation was high for all estimates, while the coefficients of genetic variation indicate high levels of genetic variability. Genetic divergence between provenances was considered low. The results show the existence of genetic variability in progeny tests, as well as the need to expand collection to include a greater number of matrices and populations to increase both the genetic basis for use in pre-breeding and better elucidate the representativeness of the results observed here. The progeny test was established at the Irati Campus of Unicentro.

Keywords: diameter; genetic variance; growth characteristics; height; heritability.

¹Recebido para análise em 29.11.2022. Aceito para publicação em 31.05.2023. Publicado em 30.06.2023.

²GenomaA Biotech, Rua Cezira Giovanoni Moretti, n. 600, Santa Rosa, CEP 13414-167, Piracicaba, São Paulo, Brasil.

³Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, Faculdade de Ciências Agrônomicas, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Av. Universitária, nº 3780, Altos do Paraíso, CEP 18610-034, Botucatu, SP, Brasil.

⁴Department of Plant Sciences, University of Oxford, Oxford, UK.

⁵Departamento de Genética, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Distrito de Rubião Júnior, s/n, CEP 18618-970, Botucatu, São Paulo, Brasil.

⁶Instituto de Biotecnologia (IBTEC), Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Botucatu, São Paulo, Brasil.

⁷Instituto de Pesquisas Ambientais, Estação Experimental de Tupi, Rodovia Luiz de Queiroz, Km149 - Tupi, CEP 13428-000, Piracicaba, São Paulo, Brasil

⁸Programa de Pós-Graduação em Recursos Florestais, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Av. Pádua Dias, 11, CEP 13418-900 Piracicaba, SP, Brasil.

⁹Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Estadual do Centro-Oeste (Unicentro), Rua Professora Maria Roza Zanon de Almeida Engenheiro, Gutierrez, CEP 84505-677, Irati, PR, Brasil

¹⁰Departamento de Produção Vegetal, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Av. Universitária, 3780, Altos do Paraíso, CEP 18610-034, Botucatu, SP, Brasil.

¹¹Autor para correspondência: Fernanda Bortolanza Pereira - fbp.engflorestal@gmail.com

1 INTRODUÇÃO

A fragmentação florestal e o manejo inadequado promovem a redução da diversidade genética, do tamanho populacional e da variabilidade genética das populações, bem como das funções ecológicas das mesmas, podendo em longo prazo levar à extinção das espécies (Young et al., 2001; Lacerda et al., 2013; Haddad et al., 2015), pelo isolamento reprodutivo das mesmas e redução do fluxo gênico e, conseqüentemente, levando à endogamia por cruzamentos aparentados e/ou autofecundação, reduzindo a resiliência adaptativa dos indivíduos e aumentando a diferenciação genética entre populações (Young et al., 2001; Frankhan, 2012).

Do Bioma Mata Atlântica, considerado hotspot de biodiversidade, restam apenas 12,4% de remanescentes com tamanho acima de três hectares, considerando toda sua área de ocorrência (Fundação SOS Mata Atlântica; INPE, 2021). No Estado do Paraná, a Floresta Ombrófila Mista (FOM), ecossistema componente do Bioma Mata Atlântica, era a formação vegetal principal, cobrindo originalmente cerca de 37% da área total do Estado (Maack, 1981), ocupando atualmente cerca de 2,7 milhões de hectares em diferentes estágios sucessionais (SFB, 2018).

Dentre as espécies que ocorrem sob as copas de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze, árvore símbolo da FOM, está a *Roupala montana* var. *brasiliensis* (Klotzsch) K.S. Edwards (Proteaceae), conhecida como carvalho-nacional-brasiliense ou carvalho-brasileiro, dentre outros nomes comuns, devido à sua madeira de elevada qualidade (Carvalho, 2003; Rego, 2009). A *Roupala montana* var. *brasiliensis* é uma espécie semi-caducifólia, com árvores que podem chegar a alturas de 20 a 30 m e diâmetro à altura do peito (DAP) variando de 30 cm a 100 cm (Boeger et al., 2006; Rego, 2009). Seu cerne é róseo-arroxeadado a róseo-acastanhado, caracterizado por longos raios, superfície lustrosa, brilhante nas faces radiais, textura grossa, grã ondulada; com cheiro e sabor imperceptíveis (Rego, 2009). Apresenta porte arbustivo no cerrado e em florestas de galerias, possuindo regeneração natural em florestas secundárias (Gonzalez et al., 2004). Hermafrodita, segundo a literatura, os períodos de floração e frutificação podem variar conforme a região, ocorrendo o florescimento em São Paulo e Minas Gerais entre junho e agosto, enquanto o amadurecimento dos frutos ocorre desde final de agosto até outubro (Carvalho, 2003; Lorenzi, 2008; Campos Filho; Sartorelli, 2015).

De ocorrência ampla na América Latina (Carvalho, 2003), substituiu no mercado

internacional a madeira de *Cardwellia sublimis* (northern silky oak), quando esta se tornou escassa na Austrália, e por sua vez foi substituída por *Panopsis rubescens* (Gaia vermelha), de maior disponibilidade (World Timbers Inc., 2019), fatos estes que ilustram a exploração predatória e irracional de *R. montana* var. *brasiliensis*. Comparado ao carvalho-europeu (*Quercus robur* L.), devido à sua madeira de boa qualidade e densa (Mainieri, 1973; Carvalho, 2003), é recomendado para manufatura de móveis, objetos de adorno, construção civil e naval (Carvalho, 2003), além de produzir lenha e carvão de boa qualidade (Paula e Alves, 1997). Também é recomendada para plantios de recuperação de ecossistemas degradados e reposição de mata ciliar em locais onde não ocorre inundação (Carvalho, 2003).

Num contexto de paisagem degradada e espécie explorada, a conservação *ex situ* se apresenta como uma estratégia para preservar populações de espécies da extinção, sendo fundamental ainda expandi-la por meio de reflorestamentos, garantindo maior conservação das espécies (Sebbenn et al., 2007; Tambarussi et al., 2015). Para isto é fundamental fornecer subsídios para o uso sustentável, manejo dos recursos madeireiros e não madeireiros dessas espécies, melhoramento genético, bem como inclusão da espécie em programas de recomposição da paisagem, o que pode ser feito pelo acesso às informações genéticas das populações, permitindo direcionar e aperfeiçoar o manejo e a coleta de sementes (Degen e Sebbenn, 2014; Tambarussi et al., 2015). Assim, etapas de pré-melhoramento permitem conhecer genética e silviculturalmente a espécie de interesse, gerando informações úteis como a identificação de genes de interesse nos germoplasmas (Nass e Paterniani, 2000). Deste modo, o pré-melhoramento contribui para a formação de uma base genética conhecida para possível obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento (Duvick, 1990), bem como permite a tomada de decisões visando a manutenção da espécie na paisagem.

Apesar de existirem alguns exemplos de programas de melhoramento genético em espécies nativas estabelecidos, desde objetivando a produção de madeira, fibra celulósica e sementes/frutos/castanhas, como em *Bertholletia excelsa* Bonpl. (castanha-do-Brasil) (Wadt e Kainer, 2009), *Didymopanax morototom* (Aubl.) Decne. & Planch. (morototó) (Kanashiro, 1992), *A. angustifolia* (Reitz e Klein, 1966; Sousa e Aguiar, 2012), *Euterpe oleracea* Mart. (açazeiro) (Oliveira et al., 2009), *Ilex paraguariensis* A.St.-Hill (erva-mate) (Costa et al., 2009; Wendling et al., 2009;

Floss et al., 2022), *Hevea brasiliensis* L. (seringueira) (Lima et al., 2020), podemos considerar como escassos os estudos com espécies nativas de potencial madeireiro ou não-madeireiro considerando a enorme biodiversidade da flora nacional.

Assim, tendo em vista o potencial madeireiro de *R. montana* var. *brasiliensis*, associado ao risco que a espécie pode estar sofrendo em função do habitat fragmentado, o desenvolvimento de um programa de pré-melhoramento da espécie visando viabilizar tanto uso da espécie com vistas à exploração comercial, quanto em projetos de recuperação e restauração da FOM, pode se apresentar como uma alternativa para sua conservação. Para tanto, o presente trabalho objetivou avaliar em fases iniciais a variabilidade genética de sete progênies obtidas em duas procedências distintas, de modo a subsidiar estudos subsequentes de aspectos relativos ao sistema reprodutivo, diversidade genética e ocorrência de depressão por endogamia nas populações da espécie.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Áreas de coleta de sementes e amostragem

Por dois anos consecutivos (2017-2018), quatro populações de carvalho-brasileiro em área de FOM foram acompanhadas quanto ao desenvolvimento das fases fenológicas para obtenção de sementes e consequente composição do teste de progênies. Entretanto, apenas duas populações apresentaram, em 2018, produção de sementes: i) População FI – localizada em área experimental (25 ha) da Floresta Nacional de Irati (FLONA-Irati), composta por 14 indivíduos adultos (coordenadas centrais: 25°23'14"S; 50°34'45"O); ii) População IB – distribuída em mosaico rural, composto por remanescentes florestais (áreas de preservação permanente e reserva legal) em propriedades rurais familiares participantes do projeto “Imbituvão” (25°31'20"S; 50°33'30"O), onde observou-se oito indivíduos adultos. Ambas as áreas estão localizadas no município de Fernandes Pinheiro, Estado do Paraná.

Conforme recomendado por Carvalho (2003), os frutos foram coletados quando a coloração esverdeada e consistência carnosa mudam para castanho-parda ou castanho-esverdeada e consistência lenhosa-coriácea, no início do processo de deiscência e disseminação das sementes. As coletas, via escalada das matrizes e com auxílio de podão, foram realizadas durante os meses de novembro e dezembro de 2018. De cada

população, foram coletados frutos de quatro árvores, num total de oito matrizes, que compreendeu todas as árvores que apresentaram frutificação. Ainda, de uma das matrizes da FLONA-Irati, apenas três sementes germinaram, de modo que esta progênie foi desconsiderada na montagem do experimento. Os frutos coletados foram levados para o Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal da UNICENTRO e acondicionados em temperatura ambiente ao ar livre para finalizar o processo de deiscência e obtenção das sementes.

2.2 Produção de mudas e delineamento experimental do teste de progênies

Para a produção das mudas, foram utilizados tubetes de 280 cm³, preenchidos com substrato comercial Carolina Soil ®. Para germinação, os tubetes foram acondicionados em casa de vegetação no viveiro florestal da UNICENTRO. À medida que iam germinando, as plântulas foram movidas para a casa de sombra, até o momento da montagem do experimento; este processo ocorreu durante os meses de dezembro de 2018 e janeiro de 2019. Após a implantação do experimento foram feitas duas aplicações de N-P-K (28-14-14), com um período de um mês entre cada aplicação, para promoção do crescimento foliar das plântulas.

Após a germinação das plântulas, estas foram dispostas em um delineamento experimental em blocos ao acaso, com três blocos, sete tratamentos (progênies), com número variável de plantas por parcela (três a 20 mudas), totalizando 234 plantas no início do experimento. O desbalanceamento entre os tratamentos foi em função da diferença na quantidade efetiva de mudas obtidas para cada tratamento, como consequência do número variável de frutos que cada matriz produziu. O experimento foi estabelecido na data de 1º de março de 2019, na casa de sombra do viveiro florestal da UNICENTRO.

As avaliações de diâmetro de colo e altura, em milímetros, foram feitas aos 60, 120 e 180 dias após implantação do experimento, entre março e outubro de 2019, com auxílio de um paquímetro digital (*Carbon Fiber Composites Digital Caliper*), com precisão de três casas decimais. A partir destas avaliações foi possível estimar os parâmetros genéticos dos indivíduos do experimento.

2.3 Estimativas de parâmetros genéticos

As análises estatísticas foram realizadas em ambiente R (R CORE TEAM, 2018), com auxílio

do pacote *lme4* (Bates et al., 2015), empregando-se o seguinte modelo linear misto:

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

em que y é o vetor de dados observados, r é o vetor dos efeitos de repetição (fixos) somados à média, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatório), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatório), s é o vetor dos efeitos de procedência (aleatório) e e é o vetor de resíduos. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência dos respectivos efeitos.

Estimaram-se as variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), entre parcelas ($\hat{\sigma}_p^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), a partir das quais obteve-se os valores para herdabilidades no sentido restrito ($\hat{h}_a^2 = \frac{4\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$),

dentro das parcelas ($\hat{h}_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_e^2}$) e média ($\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_p^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{JK}}$, em que J é o número médio de repetições

e K é o número médio de plantas por parcela). Também foi estimado o desvio padrão para

herdabilidade no sentido restrito $\hat{s}(\hat{h}_a^2) = \sqrt{\frac{32\hat{h}_a^2}{nbp}}$,

em que nbp é o número total de plantas avaliadas. Visando corrigir o efeito de sistema reprodutivo nas estimativas e, partindo-se do pressuposto de sistema misto de reprodução para a espécie em função das suas estruturas florais (flores hermafroditas), as herdabilidades foram estimadas como $\hat{h}_{ac}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2/\hat{\theta}}{\hat{\sigma}_f^2}$ (sentido restrito corrigida) e $\hat{h}_{ac}^2 = \frac{(1-\hat{\theta})\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_e^2}$ (dentro das parcelas corrigida). O coeficiente de coancestria de Loiselle et al. (1995) adotado foi de $\hat{\theta} = 0,18$, obtido a partir de 27 marcadores microsatélites genotipados para 34 adultos de quatro populações de carvalho-brasileiro (dados não mostrados), com auxílio do programa Spagedi (Hardy e Vekemans, 2002).

Ainda, estimaram-se os coeficientes de variação

genética ($CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{m}} \cdot 100$), genética aditiva

individual ($CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{4\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{m}} \cdot 100$), ambiental

($CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{m}} \cdot 100$), coeficiente de variação

genética aditiva individual ($CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{4\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{m}} \cdot 100$), em que $\bar{m}$ é a média observada para o caráter avaliado.

Para a diferenciação genética das populações empregou-se a expressão $\hat{Q}_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2}$, em que

$\hat{\sigma}_d^2$ é a variância genética dentro de progênies. As correlações genéticas entre os caracteres avaliados em nível de plantas individuais foram estimadas

por $\hat{r}_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxgy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2 \hat{\sigma}_g^2}}$, em que σ_{gxgy} é o produto

genético cruzado dos caracteres x e y , estimados por análise de covariância; σ_{gx}^2 e σ_{gy}^2 são as variâncias genéticas entre procedências para os caracteres x e y , respectivamente. A análise de Deviance foi realizada em ambiente R, com auxílio da função *ranova* do pacote *lme4*, que gera uma tabela estilo ANOVA para os testes com efeitos aleatórios do modelo, bem como traz as informações para os efeitos fixos.

3 RESULTADOS

Das oito matrizes que tiveram sementes coletadas, apenas sete resultaram em número de mudas suficientes para a instalação do teste de progênies. Um total de 873 sementes foram colocadas para germinar. Destas, obtivemos 234 (26,8%) mudas no início do experimento, restando ao final dos 180 dias de avaliação, 161 plantas (18,4%) viáveis. As sementes germinadas por matriz variaram de 8% a 52%, enquanto as mudas viáveis foram de 4,0% a 46,0%.

A análise de Deviance para os efeitos avaliados indicou que apenas os efeitos de progênie foram significativos, para todas as variáveis e períodos de avaliação (Tabela 1). Os parâmetros genéticos estimados (Tabela 2) indicam que a componente ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foi a que apresentou maior contribuição para ambos os caracteres em todas as avaliações. Os $CV_e(\%)$ variaram de 25,55% (H aos 120 dias) a 57,14% (H aos 180 dias), indicando expressivo efeito do ambiente sobre os componentes de variância, enquanto o coeficiente de variação genético ($CV_g(\%)$), variou de 9,23% (H aos 180 dias) a 21,43% (DC aos 60 dias). Para coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}(\%)$), foram obtidos valores entre 13,92% e 42,85%.

A herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) corrigida variou de 0,47 para diâmetro de colo aos 120 dias e 0,63 para altura aos 60 dias de avaliação. Das herdabilidades dentro de parcelas ($\hat{h}_d^2$), corrigidas para sistema reprodutivo, a variação foi entre 0,34 e 0,49, enquanto para a herdabilidade média ($\hat{h}_m^2$), os valores apresentaram variação de menor amplitude, entre 0,85 e 0,89. A estimativa de divergência genética entre procedências ($\hat{Q}_{ST}$) variaram de 0,18 a 0,23.

Tabela 1. Análise de Deviance para dados de diâmetro de colo (DC, mm) e altura (H, mm) de mudas seminais de *Roupala montana* var. *brasiliensis* de duas populações, FLONA-Irati e Imbituvão, avaliados aos 60, 120 e 180 dias após o estabelecimento do teste de progênes.Table 1. Deviance analysis for root collar diameter (DC, mm) and height (H, mm) for seminal seedlings of *Roupala montana* var. *brasiliensis* from two populations, FLONA-Irati and Imbituvão, assessed at 60, 120 and 180 days after the establishment of the progeny test.

Efeito	npar	logLik	AIC	LRT	gl	Pr	npar	logLik	AIC	LRT	gl	Pr	npar	logLik	AIC	LRT	gl	Pr
	60 dias						120 dias						180 dias					
	DC (mm)																	
Modelo completo	7	-1,746	17,492				7	83,997	-				7	123,02	-			
Progênes	6	-6,896	25,791	10,300	1	0,001**	6	80,033	-	153,99	7,928	1	0,005**	6	119,79	-	232,04	
População	6	-1,746	15,492	0,000	1	0,999	6	83,997	-	148,07	0,000	1	1,000	6	123,02	-	227,58	6,465
Parcela	6	-1,746	15,492	0,000	1	0,999	6	83,997	-	155,99	0,000	1	1,000	6	122,95	-	234,04	0,000
Bloco				F = 0,311	2	0,733			-	155,99	F = 0,581	2	0,561			-	233,91	0,133
																	F = 2	0,165
																	2,274	
	H (mm)																	
Modelo completo	7	-611,10	1236,2				7	-419,37	852,74				7	-324,89	663,78			
Progênes	6	-617,76	1247,5	13,332	1	<0,001***	6	-424,16	860,32	9,574	1	0,002**	6	-329,91	671,83	10,047	1	0,002**
População	6	-611,10	1234,2	0,000	1	1,000	6	-419,37	850,74	0,000	1	0,999	6	-324,89	661,78	0,000	1	1,000
Parcela	6	-611,10	1234,2	0,000	1	0,999	6	-419,37	850,74	0,000	1	0,999	6	-324,89	661,78	0,000	1	0,999
Bloco				F = 0,424	2	0,6548				F = 3,091	2	0,048*				3,241	2	0,042*

npar: número de parâmetros do modelo; logLik: log-verossimilhança do modelo; AIC: o critério de informação de Akaike para o modelo avaliado ($2*(\log\text{Lik} - \text{npar})$); LRT: a estatística do teste de razão de verossimilhança; duas vezes a diferença na verossimilhança logarítmica, que é assintoticamente qui-quadrado distribuída; gl: graus de liberdade para o teste de razão de verossimilhança; Pr: o valor-p.

npar: number of model parameters; logLik: the log-likelihood for the model; AIC: the Akaike information criterion for the model evaluated as $-2*(\log\text{Lik} - \text{npar})$; LRT: the likelihood ratio test statistic; twice the difference in log-likelihood, which is asymptotically chi-square distributed; gl: degrees of freedom for the likelihood ratio test; Pr: the p-value.

Tabela 2. Parâmetros genéticos estimados para mudas seminais de *Roupala montana* var. *brasiliensis* de duas populações, FLONA-Irati e Imbituvão, avaliadas aos 60, 120 e 180 dias após o estabelecimento do teste de progênies, para diâmetro de colo (DC) e altura (H), ambos em mm.**Table 2.** Estimated genetic parameters for seminal seedlings of *Roupala montana* var. *brasiliensis* from two populations, FLONA-Irati and Imbituvão, assessed at 60, 120 and 180 days after the establishment of the progeny test, for stem diameter (DC) and height (H), both in mm.

Parâmetros genéticos	Idade das mudas/caracteres					
	60 dias		120 dias		180 dias	
	DC (mm)	H (mm)	DC (mm)	H (mm)	DC (mm)	H (mm)
Variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$)	0,019	23,699	0,004	4,608	0,002	2,188
Variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$)	0,052	61,714	0,016	15,737	0,008	6,842
Variância genética entre parcelas ($\hat{\sigma}_p^2$)	0	0	0	0	<0,001	6,97e-10
Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$)	0,071	85,413	0,020	20,345	0,010	9,030
Coeficiente de variação genética ($CV_g(\%)$)	21,43	18,79	18,40	13,82	16,71	9,23
Coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}(\%)$)	42,85	37,57	36,81	27,65	33,43	13,92
Coeficiente de variação ambiental ($CV_e(\%)$)	35,16	30,32	35,77	25,55	31,04	57,14
Herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}_a^2 \pm \hat{s}(\hat{h}_a^2)$)	1,08±0,33	1,11±0,33	0,84±0,32	0,90±0,33	0,88±0,34	0,97±0,36
Herdabilidade no sentido restrito corrigido ($\hat{h}_a^2$)	0,61	0,63	0,47	0,51	0,50	0,55
Superestimativa em $\hat{h}_a^2$	77,0%	76,2%	78,7%	76,5%	76,0%	76,4%
Herdabilidade dentro das parcelas ($\hat{h}_d^2$)	1,11	1,15	0,79	0,88	0,87	0,96
Herdabilidade dentro das parcelas corrigido ($\hat{h}_d^2$)	0,47	0,49	0,34	0,37	0,37	0,41
Superestimativa em $\hat{h}_d^2$	136,2%	134,7%	132,4%	137,8%	135,1%	134,2%
Herdabilidade média ($\hat{h}_m^2$)	0,89	0,89	0,85	0,86	0,85	0,87
Divergência genética entre procedências (Q_{ST})	0,22	0,18	0,19	0,23	0,19	0,20
Média	1,52	67,51	1,59	85,40	1,99	90,79

As correlações fenotípicas entre DC e H para cada período de avaliação resultaram em valores iguais a 0,34 aos 60 dias (DC4 x Alt4), 0,50 aos 120 dias (DC8 x Alt8) e 0,91 aos 180 dias (DC12 x Alt12) (Figura 1A). Já as correlações genéticas,

resultaram em valores iguais a 0,36 aos 60 dias (DC4 x Alt4), 0,30 aos 120 dias (DC8 x Alt8) e 0,72 aos 180 dias (DC12 x Alt12) (Figura 1B).

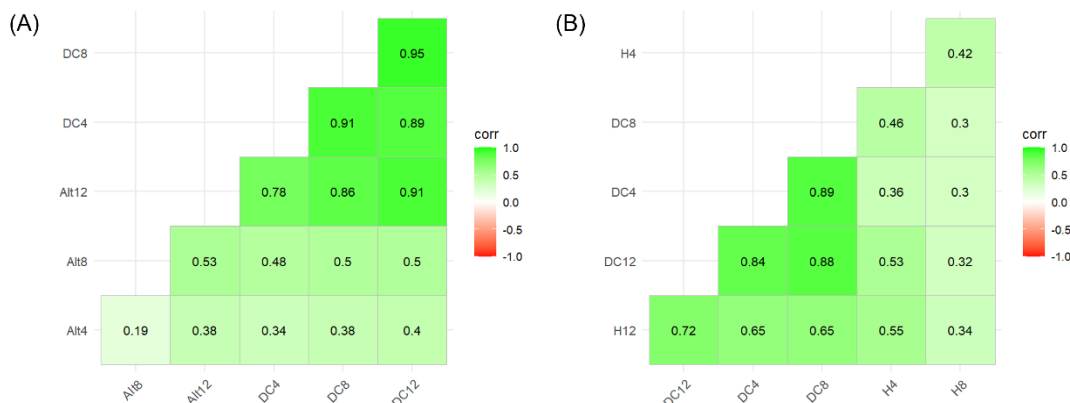


Figura 1. Correlações fenotípicas (A) e genéticas (B) para diâmetro de colo (DC) e altura (H), ambos em mm, de mudas seminais de *Roupala montana* var. *brasiliensis* de duas populações, FLONA-Irati e Imbituvão, estimadas aos 60, 120 e 180 dias após o estabelecimento do teste de progênies (índices 4, 8 e 12, respectivamente).

Figure 1. Phenotypic (A) and genetic (B) correlations for root collar diameter (DC) and height (H), both in mm, of seminal seedlings of *Roupala montana* var. *brasiliensis* from two populations, FLONA-Irati and Imbituvão, estimated at 60, 120 and 180 days after the establishment of the progeny test (indices 4, 8 and 12, respectively).

4 DISCUSSÃO

As taxas de mortalidade foram superiores aos 120 e 180 dias das mudas (23,38 e 31,34%, respectivamente), enquanto a mortalidade inicial (3,4% aos 60 dias) foi similar ao apresentado por Paiva e Poggiani (2000) para diferentes espécies nativas Ipê-Roxo (*Tabebuia avellanedae* Lor. ex Griseb), Angico Vermelho (*Anadenanthera macrocarpa*), Guatambú (*Aspidosperma parvifolium* A. DC.), Jatobá (*Hymenaea courbaril* L. var. *stilbocarpa* (Hayne) Lee et Lang) e Cedro (*Cedrela fissilis* Vell.), aos 12 meses de idade, onde as taxas de mortalidade variaram de 1,25% a 5%.

A alta taxa de mortalidade observada para *R. montana* var. *brasiliensis* no viveiro em comparação aos resultados de Paiva e Poggiani (2000) associado ao baixo número de árvores que floresceram e frutificaram, pode indicar um efeito de depressão por endogamia (DE) nas mudas em função de uma indução de maior taxa de autofecundação como estratégia para perpetuação da espécie. Outro fator que pode ter influenciado foi a ocorrência de geadas no período de crescimento das mudas, comum na Região Sul do País, podendo as plântulas jovens apresentarem menor resistência.

Segundo a classificação de Ziegler e Tambarussi (2022), a herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) corrigida para diâmetro de colo foi considerada

muito alta aos 60 dias ($\hat{h}_a^2 = 0,61$), 120 dias ($\hat{h}_a^2 = 0,47$) e 180 dias ($\hat{h}_a^2 = 0,50$) de avaliação. Em relação à avaliação de altura das mudas, todas as $\hat{h}_a^2$ foram classificadas como muito altas ($>0,50$). Das herdabilidades dentro de parcelas ($\hat{h}_d^2$), corrigidas para sistema reprodutivo, todas resultaram em valores classificados como altos, variando de 0,34 a 0,49, enquanto para a herdabilidade média ($\hat{h}_m^2$), os valores são classificados como muito altos, para ambas as variáveis consideradas, variando de 0,85 a 0,89.

Os valores observados para herdabilidades, considerando as corrigidas para sistema reprodutivo, no presente estudo estão de acordo com o encontrado na literatura para espécies florestais nativas. Em Ipê-Amarelo (*Tabebuia chrysotricha* Standl) aos 90 dias de idade em viveiro, para altura a $\hat{h}_m^2$ foi de 0,84 (Costa et al., 2007), valor similar ao observado no presente estudo. Para *Jacaranada cuspidifolia* Vell, conhecido popularmente como jacarandá-caroba, os valores de $\hat{h}_m^2$ foram de 0,72 e 0,48 para diâmetro de colo e de 0,54 e 0,53 para altura aos 12 e 24 meses de idade, respectivamente (Moraes et al., 2013). Menegatti et al. (2016) estudando bracinga (*Mimosa scabrella* Benth) aos 12 meses de idade em quatro locais, obtiveram valores de herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) para diâmetro do colo em torno de 0,53, similar aos valores observados em carvalho-brasileiro. Além

disso, as alterações observadas nas herdabilidades com o avanço da idade das mudas de *R. montana* var. *brasiliensis*, com tendência à redução ao longo do tempo, é um padrão observado em estudos com outras espécies florestais (e.g. Wendling et al., 2009; Moraes et al., 2013), e podem ser atribuídas ao aumento na competição entre plantas ou pela redução relativa do espaço.

Ao estudar a variabilidade genética existente, considerar o sistema reprodutivo da espécie em trabalho é uma premissa essencial para a obtenção de estimativas confiáveis dos parâmetros genéticos de relevância (Tambarussi et al., 2018). Na presente avaliação, mesmo em tenra idade das mudas, ao desconsiderarmos o sistema reprodutivo da espécie, os valores das herdabilidades foram superestimados em 76,0% a 78,7% para herdabilidade no sentido restrito, e entre 132,4% e 137,8% para herdabilidade dentro das parcelas, gerando valores $\hat{h}^2$ acima da unidade, o que não possui sentido biológico. Além disso, a correção do sistema reprodutivo em casos como o do presente trabalho, que apesar de a amostragem abranger todas as matrizes e sementes possíveis em um determinado evento reprodutivo resultar em baixo número de plantas para avaliação, reitera a importância de se estudar a priori o sistema reprodutivo de espécies que se pretendem utilizar tanto em programas de melhoramento quanto para conservação genética (Tambarussi et al., 2018).

Em relação aos valores de CV_e (%) estimados para *R. montana* var. *brasiliensis* (43,20% - 57,14%), estes foram similares ao observado por Canuto et al. (2015) para altura aos 12 meses (39,86% - 52,36%) em mudas de baru (*Dipteryx alata* Vogel.), também classificados como muito altos (>30%) segundo a classificação de Gomes (2000) para análise de experimentos. Apesar dos valores de CV_e (%) observados indicarem alto controle ambiental sobre as variáveis estudadas na condição avaliada (viveiro), é esperado que este seja reduzido após a estabilização das mudas no ambiente (Ledo et al., 2003). Além disso, a análise de significância do efeito dos blocos indicou que, com exceção da variável altura aos 120 e 180 dias, as condições locais foram homogêneas e, portanto, não tiveram efeito significativo sobre os tratamentos (progênies).

Segundo a classificação proposta por Ziegler e Tambarussi (2022), os valores observados para CV_g são altos a partir de 10,97% e 13,93% para diâmetro e altura, respectivamente, indicando existência de variabilidade genética nas progênies e populações estudadas. Assim, apesar do elevado coeficiente de variação ambiental, o (CV_g (%)) foi considerado de moderado (9,23% para H aos 180

dias) a alto ($13,93 < CV_g$ (%) $\leq 18,54$) para altura, e como muito alto (CV_g (%) $> 14,06$) para diâmetro, indicando variabilidade genética nas progênies e procedências estudadas. Corroborando com este resultado, os valores do coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi} (%)) também indicam que a variabilidade genética existente pode ser manejada a fim de buscar ganhos genéticos.

Avaliar a divergência genética entre progênies e procedências distintas a partir de estudos de genética quantitativa é uma etapa fundamental em programas que enviesam o uso da variabilidade genética, seja para produção ou conservação, por permitir um direcionamento mais acurado da estratégia a ser adotada, bem como explorar cruzamentos e recombinações entre populações e indivíduos via hibridação, por exemplo, e ampliar a base genética disponível para geração de ganhos genéticos (Silva et al., 2012; Homczinski et al., 2022). Os valores observados para *R. montana* var. *brasiliensis* foram baixos. Contudo, avaliações em idade precoce para obtenção da estimativa da divergência genética entre procedências ($\hat{Q}_{ST}$) pode não ser um indicativo adequado por não refletirem a divergência genética em idades mais avançadas (Sebbenn et al., 2003), devendo, portanto, as avaliações terem continuidade ao menos até a idade de interesse para o programa de melhoramento, caso seja o objetivo. Neste interim, o teste de progênie sob estudo foi implantado no campo, visando a continuidade das avaliações, bem como início do pré-melhoramento da espécie.

Ainda em relação ao objetivo de estabelecer o pré-melhoramento do carvalho-brasileiro, as correlações fenotípicas e genéticas estimadas entre diâmetro de colo e altura das mudas resultaram moderadas para as idades de 60 e 120 dias das mudas. Aos 180 dias, a correlação fenotípica foi classificada como muito forte, enquanto a genética foi forte. Contudo, dado a tenra idade das plantas, o recomendável é estimar estas correlações em diferentes idades em experimentos de campo.

Além disso, recomenda-se a realização de estudos sobre a fenologia reprodutiva da *R. montana* var. *brasiliensis*, com coleta de sementes de um maior número de árvores matrizes, para ampliação tanto da base genética para uso no pré-melhoramento, quanto melhoria na representatividade dos resultados aqui observados.

5 CONCLUSÕES

O presente estudo indica a existência de variabilidade genética nas progênies obtidas de *R. montana* var. *brasiliensis*, apesar do baixo número

de árvores que floresceram no evento reprodutivo considerado. O teste de progênies foi implantado na área experimental da Unicentro (Irati, PR) e servirá para obtenção de maiores informações relevantes nos aspectos silviculturais e genéticos da espécie.

6 AGRADECIMENTOS

Este estudo faz parte da tese de doutorado de Fernanda B. Pereira. Agradecemos também a Tiago Grespan, Isabel Homczinski e Jessyca Sperotto pelo apoio no trabalho de campo. Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, Universal 402420/2016-0) pelo apoio financeiro para esta pesquisa. O estudo foi parcialmente financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código Financeiro 001. Alexandre M. Sebbenn (bolsa nº 304650/2020-0) e Evandro V. Tambarussi (bolsa nº 407175/2021-0) são financiados por bolsas de pesquisa do CNPq.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BATES, D. et al. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015.
- BOEGER, M.R.T. et al. Estrutura foliar de seis espécies de sub-bosque de um remanescente de Floresta Ombrófila Mista. **Hoehnea**, v. 33, p. 521-531, 2006
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies Arbóreas Brasileiras**. Brasília: Embrapa Informações Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2003. v. 1, 1039 p.
- CAMPOS FILHO, E.M.; SARTORELLI, P.A.R. **Guia de identificação de espécies-chave para a restauração florestal na região do Alto Teles Pires, Mato Grosso**. São Paulo: The Nature Conservancy, p. 202-203. 2015.
- CANUTO, D.S.O. et al. Caracterização genética de um teste de progênies de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 42, n. 4, p. 641-648, 2015.
- COSTA, R.B. et al. Melhoramento genético de erva-mate nativa do Estado de Mato Grosso do Sul. **Bragantia**, v. 68, n. 3, p. 611-619, 2009.
- COSTA, R.B. et al. Desenvolvimento inicial de progênies de Ipê amarelo (*Tabebuia chrysotricha* (Mart. ex A.DC.) Standl.) no município de Campo Grande, MS, Brasil. **Ensaios e Ciência: Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde**, v. 11, n. 2, p. 39-45, 2007.
- DEGEN, B.; SEBBENN, A.M. Genetics and tropical forest. In: PANCEL, L.; KOHL, M. **Tropical Forest Handbook**. Heidelberg: Springer-Verlag, 2014. p. 1-30.
- DUVICK, D.N. Genetic enhancement and plant breeding. In: JANICK, J.; SIMON, J.E. (eds.). **Advances in new crops**. Portland: Timber Press, 1990. p. 90-96.
- FLOSS, P.A. et al. Genetic improvement of *Ilex paraguariensis* in western Santa Catarina State: estimate of phenotypic and genetic parameters. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 3, e1711326084, 2022.
- FRANKHAN, R. How closely does genetic diversity in finite populations conform to predictions of neutral theory? Large deficits in regions of low recombination. **Heredity**, v. 168, p. 167-178, 2012.
- FUNDAÇÃO SOS MATA ATLÂNTICA; INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS. Atlas dos Remanescentes Florestais da Mata Atlântica - Período 2019- 2020, relatório técnico. São Paulo: Fundação SOS Mata Atlântica, 2021. 73 p.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: Degaspari, 2000. 477 p.
- GONZALEZ, C.C.; GANDOLFO, M.A.; CÚNEO, R.N. Leaf architecture and epidermal characters of the Argentinean species of Proteaceae. **International Journal of Plant Sciences**, v. 165, n. 4, p. 521-536, 2004.

HADDAD, N.M.; BRUDVIG, L.A.; CLOBERT, J.; et al. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science Advances**, v. 1, n. 2, e1500052, 2015.

HARDY, O.; VEKEMANS, X. SPAGeDI: a versatile computer program to analyze spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, v. 2, n. 4, p. 618-620, 2002.

HOMCZINSKI I. et al. Molecular and quantitative genetic analysis of the neotropical tree *Campomanesia xanthocarpa* (Mart.) O. Berg. **Annals of Forest Research**, v. 65, n. 1, p. 111-126, 2022.

KANASHIRO, M. Genética e melhoramento de essências florestais nativas: aspectos conceituais e práticos. **Revista do Instituto Florestal**, v. 4, n. 4, p. 1168-1178, 1992.

LACERDA, A.E.B. de; ROBERTA NIMMO, E.; SEBBENN, A.M. Modeling the long-term impacts of logging on genetic diversity and demography of *Hymenaea courbaril*. **Forest Science**, v. 59, n. 1, p. 15-26, 2013.

LEDO, C.A.S.; SILVA, S.O.; CONCEIÇÃO, K.S. Avaliação do coeficiente de variação na experimentação com bananeira. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE BANANICULTURA, 5., 2003, Paracatu. **Anais [...]**. Brasília: Embrapa, p. 238-240, 2003.

LIMA, W.A.A. et al. **Desempenho de genótipos de pés-francos de seringueira do Bioma Amazônico em condições ambientais de Cerrado**. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento). Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2020. 19 p.

LOISELLE, B.A. et al. Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). **American Journal of Botany**, St. Louis, v. 82, n. 11, p.1420-1425, 1995.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 5. ed. São Paulo: Nova Odessa, 2008. v. 1.

MAACK, R. **Geografia Física do Estado do Paraná**. 2. ed. Rio de Janeiro: José Olympio, 1981.

MAINIERI, C. **Madeiras do litoral Sul: São Paulo, Paraná e Santa Catarina**. São Paulo: Instituto Florestal, 1973. 86 p.

MENEGATTI, R.D.; MANTOVANI, A.; NAVROSKI, M.C. Parâmetros genéticos para caracteres de crescimento inicial de progênies de bracinga em Lages, SC. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 87, p. 235-243, 2016.

MORAES, M.A. et al. Variação genética em progênies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando o delineamento sistemático tipo “leque”. **Scientia Forestalis**, v. 41, n. 98, p. 175-183, 2013.

NASS, L.L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 581-587, 2000.

OLIVEIRA, M.S.P.; MOCHIUTTI, S.; FARIAS, N.J.T. Domesticação e melhoramento do açaizeiro. In: BOREM, A.; LOPES, M.T.G.; CLEMENT, C. R. (org.). **Domesticação e melhoramento: espécies amazônicas**. Viçosa: Editora UFV, 2009. p. 207-236.

PAIVA, A.V.; POGGIANI, F. Seedlings growth of native tree species in plantation in the understory of a forest fragment, **Scientia Forestalis**, n. 57, p. 141-151, 2000.

PAULA, J.E.; ALVES, J.L.H. **Madeiras nativas: anatomia, dendrologia, dendrometria, produção e uso**. Brasília: Fundação Mokiti Okada – MOA, 1997. 543 p.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Viena: R Foundation for Statistical Computing, 2018. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 06 mar. 2019.

REGO, G. M. **Monitoramento da fenologia de espécies arbóreas das florestas brasileiras**. Colombo: Embrapa Florestas, 2009. n.p.

REITZ, R.; KLEIN, R. M. Araucariáceas. In REITZ, R. (ed.). **Flora Ilustrada Catarinense**, parte I, fasc. Arau. Itajaí, Herbário ‘Barbosa Rodrigues’, 1966, 62 p.

SEBBENN, A.M. et al. Variação genética entre e dentro de procedências de *Araucaria angustifolia* no sul do Estado de São Paulo. **Revista do Instituto Florestal**, v. 15, n. 2, p. 109-124, 2003.

SEBBEN, A.M. et al. Conservação ex situ e pomar de sementes em banco de germoplasma de *Balfourodendron riedelianum*. **Revista Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 101-112, 2007.

SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO. **Inventário Florestal Nacional**: principais resultados: Paraná. Brasília, DF: MMA, 2018. 84 p. (Série Relatórios Técnicos- IFN). Disponível em: <<http://www.florestal.gov.br/publicacoes>>. Acesso em: 18 abr 2023.

SILVA, J. M. et al. Divergência genética entre progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SOUSA, V. A.; AGUIAR, A. V. **Programa de melhoramento genético de araucária da Embrapa Florestas: situação atual e perspectivas**. Colombo: Embrapa Florestas, 2012. n.p.

TAMBARUSSI, E. V. et al. Are tree breeders properly predicting genetic gain? A case study involving *Corymbia* species. **Euphytica**, v. 214, n. 8, 150, 2018.

_____. et al. Paternity analysis reveals significant isolation and near neighbor pollen dispersal in small *Cariniana legalis* Mart. Kuntze populations in the Brazilian Atlantic Forest. **Ecology and Evolution**, v. 5, n. 23, p. 5588-5600, 2015.

WADT, L. H. O.; KAINER, K. A. Domesticação e Melhoramento de Castanheira. In: BOREM, A.; LOPES, M. T. G.; CLEMENT, C. R.; (ed.). **Domesticação e melhoramento de espécies Amazônicas**. 1. ed. 2009. p. 297-317.

WENDLING, I. et al. Seleção de matrizes e tipo de propágulo na enxertia de substituição de copa em *Ilex paraguariensis*. **Árvore**, v. 33, n. 5, p. 811-819, 2009.

WORLD TIMBERS INC. Wood database and searchable library. **Roupala brasiliensis**. Disponível em: https://www.woodworkerssource.com/online_show_wood.php?wood=Roupala%20brasiliensis. Acesso em: 26 dez. 2019.

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 10, p. 413-418, 2001.

ZIEGLER, A. C. F.; TAMBARUSSI, E. V. Classifying coefficients of genetic variation and heritability for *Eucalyptus* spp. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, artigo e40372222, 2022.