

## **Divergência Genética Entre Progênes de *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze em Itapeva, SP**

Erica Cristina Bueno da Silva<sup>1</sup>, Larissa Delazari Deniz<sup>2</sup>, Ananias de Almeida Saraiva<sup>3</sup>, Ananda Virgínia Aguiar<sup>4</sup>, Valderês Aparecida de Sousa<sup>5</sup>, Alex Sandro Lopes de Moraes<sup>6</sup>, Miguel Luiz Menezes Freitas<sup>7</sup>, Mario Luiz Teixeira de Moraes<sup>8</sup>, Alexandre Magno Sebbenn<sup>9</sup>

### **Resumo**

O objetivo desse trabalho foi estimar a divergência genética entre progênes *A. angustifolia* a partir de caracteres silviculturais (DAP, altura e volume) medidos aos 21 anos de idade. O delineamento experimental do teste foi em blocos completos ao acaso, sendo três blocos e 10 plantas por parcela. O experimento é composto por um total de 3300 plantas/ha, as progênes são procedentes de populações naturais de Bom Jardim (RJ), Campos do Jordão (SP), Cunha (SP), Itararé (SP), e São Joaquim (SC). As mensurações foram realizadas aos 21 anos de idade: o diâmetro à altura do peito (DAP em cm) e altura total (m). A partir desses dados foi o volume (m<sup>3</sup>/arv./ano). As estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e de divergência genética foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o programa genético-estatístico SELEGEN. Os indivíduos mais produtivos das progênes que apresentaram maior divergência genotípica poderão ser usados em programas de desenvolvimento de híbridos intrapopulacional visando à produção de madeira.

### **Introdução**

O melhoramento de plantas é a mais valiosa estratégia para o aumento da produtividade de forma sustentável e ecologicamente equilibrada. Pode ser definido como a arte e a ciência que visam à modificação genética de plantas para torná-las mais úteis aos homens, animais e ambiente (BORÉM e MIRANDA, 2009). No melhoramento de plantas perenes, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição de parâmetros genéticos (valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos a seleção), propiciando uma seleção mais acurada. Tais técnicas são relevantes tanto para o melhoramento intrapopulacional quanto interpopulacional visando à utilização de híbridos heteróticos (RESENDE, 2000).

Apesar do Brasil ter uma grande diversidade de espécies arbóreas, poucas possuem um programa de melhoramento genético efetivo visando a seleção de materiais mais produtivos para estimular seu plantio em escala comercial. A araucária é espécie que apresenta potencial econômico, além da sua importância ambiental e social, especialmente, para região sul do Brasil. Atualmente, o uso desta espécie é restrito, devido ao risco de extinção advinda da sua exploração indiscriminada (SOUSA e AGUIAR, 2012). Assim, a proposta desse trabalho foi estimar a divergência genética entre procedências e progênes *A. angustifolia* a partir de caracteres silviculturais visando identificar indivíduos mais divergentes para compor as populações bases dos programas de melhoramento e conservação genética.

### **Material e Métodos**

Em 1980 um teste de progênes de araucária foi instalado em Itapeva, SP a partir de mudas originadas de sementes coletadas em povoamentos naturais procedentes de: Bom Jardim (RJ), Campos do Jordão (SP), Cunha (SP), Itararé (SP), e São Joaquim (SC).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos ao acaso, sendo três blocos, dez plantas por parcela (progênes de diferentes procedências), no espaçamento 3 m x 2 m e bordadura externa composta

<sup>1</sup> Mestranda do Programa de Pós-graduação em Agronomia, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/UNESP. Bolsista FAPESP. E-mail: erica\_cbs@yahoo.com.br

<sup>2</sup> EMBRAPA FLORESTAS, Colombo - PR – BRASIL. E-mail: lari.delazari@gmail.com

<sup>3</sup> INSTITUTO FLORESTAL DE SÃO PAULO, São Paulo - SP – BRASIL.

<sup>4</sup> EMBRAPA FLORESTAS, Colombo – PR - BRASIL. E-mail: ananda@cnpf.embrapa.br

<sup>5</sup> EMBRAPA FLORESTAS, Colombo – PR - BRASIL E-mail: valderes@cnpf.embrapa.br

<sup>6</sup> INSTITUTO FLORESTAL DE SÃO PAULO, São Paulo - SP – BRASIL.

<sup>7</sup> INSTITUTO FLORESTAL DE SÃO PAULO, São Paulo - SP – BRASIL. E-mail: mlfreitas@yahoo.com.br

<sup>8</sup> Professor Titular, Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS/UNESP, Ilha Solteira - SP - BRASIL. E-mail: teixeira@agr.feis.unesp.br

<sup>9</sup> INSTITUTO FLORESTAL DE SÃO PAULO, São Paulo - SP – BRASIL.. E-mail: alexandresebbenn@yahoo.com.br

por 3 árvores, totalizando 3.300 plantas/ha (2,4 ha). Aos 21 após o plantio, foi avaliado o diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total (m). O volume real individual foi calculado conforme a expressão em que:  $V_c$  é o volume real, DAP é o diâmetro à altura do peito e  $h$  é a altura total da planta.

Primeiramente foi realizada a análise das estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), empregando-se o programa genético-estatístico SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por RESENDE (2002 e 2007b), utilizando a metodologia do modelo linear misto (aditivo univariado) – REML/BLUP que foi aplicado na avaliação de várias populações e com avaliações realizadas ao nível de indivíduos dentro de parcelas, delineamento blocos completos, várias populações, progênies de meios irmãos em um local, com base no procedimento proposto por RESENDE (2002 e 2007a):  $y = Xr + Za + Wp + Ts + e$ , em que  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios),  $s$  é vetor dos efeitos de população ou procedência (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Após a obtenção da matriz de distância (D2) de Mahalanobis, foi aplicado um método de agrupamento como o objetivo de definir grupos de progênies homogêneas. Para tanto, foi utilizado o Método de Otimização de Tocher, descrito por Cruz e Regazzi (2001) em que se adota como critério, que a média dos valores de D2 (intracluster) deve ser menor que os valores de D2 (inter-cluster).

## Resultados e Discussão

Com base nas análises de divergência verificou-se a formação de cinco grupos distintos, sendo que 90% das progênies se encontram no primeiro grupo. A maioria das progênies das cinco procedências encontra-se no grupo I, indicando que mesmo sendo de regiões distintas as progênies são semelhantes para os caracteres avaliados. O grupo II reúnem-se as progênies de Itararé, SP (2413), Campos do Jordão, SP (2106), Cunha (2012) e São Joaquim, SP (2224 e 2207). No grupo III estão as progênies originadas de Bom Jardim, SP (2318 e 2316), Campos do Jordão, SP (2116) e Itararé, SP (2409). As progênies de São Joaquim-SC formam os grupos IV e V (Tabela 1).

Silva (2005) cita que os pares mais divergentes devem ser utilizados para a geração de híbridos mais heteróticos, enquanto os menos divergentes, diferenciados basicamente pelo gene a ser transferido, permitem recuperar o genitor recorrente mais rapidamente por meio de retrocruzamento.

A separação de acessos em grupos distintos é muito importante para o melhoramento genético (Abreu et al., 2009). Segundo os autores, a partir destes resultados, é possível realizar cruzamentos entre indivíduos de diferentes grupos visando a obtenção da heterose para os caracteres quantitativos de interesse econômico. Se confirmados os resultados e a presença de heterose, a estratégia ideal de melhoramento será a seleção recorrente recíproca, mantendo em isolado duas populações de melhoramento e avaliando os híbridos entre elas (Abreu et al., 2009).

Os indivíduos mais produtivos das progênies de araucária, e que apresentaram maior divergência genotípica poderão ser usados em programas de desenvolvimento de híbridos intrapopulacional visando a produção de madeira. Além disso, os resultados nortearão a coleta de sementes nas populações mais divergentes para programas de melhoramento e conservação genética.

Tabela 1. Grupos formados com base no método de aglomeração: Otimização de Tocher pela distância de Mahalanobis, a partir dos caracteres silviculturais (DAP, altura e volume), em progênies de *A. angustifolia* em Itapeva, SP.

## Agradecimentos

Aos funcionários do Instituto Florestal de São Paulo e da Embrapa Florestas pelo apoio na coleta dos dados e a FAPESP pela bolsa de mestrado.

## Referências

Abreu FB, Resende MDV, Anselmo JL, Saturlno HM, Brenha JAM, Freitas FB (2009) Variabilidade genética entre acessos de pinhão-mansão na fase juvenil. *Magistra*, Cruz das Almas-BA, v.21, n.1, p.036-040.

Borém A, Miranda GV. (2009) Melhoramento de plantas. Editora UFV: Viçosa – MG, 5ª edição revisada e ampliada. 529p.

Lorenzi H (2000) Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, v.1, 3ªed, 2000. 352p.

Rao CR (1952) Advanced statistical methods in biometric research. New York: J. Wiley and Sons. 390 p.

Resende MDV (2000) Análise estatística de modelos mistos ia REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47). ISSN 1517-536X

Resende MDV (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 975p.

Resende MDV (2007a) Matemática e estatística na análise de experimento e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas. 362p.

Resende MDV (2007b) Software SELEGEM – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas. 359p.

Silva JM (2005) Análises genéticas em progênies de Pinus caribaea Morelet var. caribaea por caracteres quantitativos e marcadores moleculares. Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp, para a obtenção do Título de Mestre em Agronomia – Área de Concentração: Sistemas de Produção. 129p.

Sousa VA e Aguiar AV (2012) Programa de melhoramento genético de araucária da Embrapa Florestas: situação atual e perspectivas. Embrapa Florestas – Colombo/PR, Documentos 237, 40p. (ISSN 1980-3958, 237).

Wendling I, Delgado ME (2008) Produção de Mudas de Araucária em Tubetes. Embrapa Florestas – Colombo/PR - Comunicado Técnico 201, p.8. (ISSN 1517-5030).