

MOEMA BARBOSA DE SOUSA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE FRUTOS E SEMENTES E USO DO
MICROORGANISMO SIMBIONTE NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE
PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth.**

**RECIFE
Pernambuco-Brasil
Dezembro – 2021**

MOEMA BARBOSA DE SOUSA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE FRUTOS E SEMENTES E USO DO
MICRORGANISMO SIMBIONTE NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE
PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth.**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais da Universidade Federal Rural de Pernambuco, para obtenção do título de Mestre em Ciências Florestais, Área de Concentração: Ciências Florestais.

Orientadora: LÚCIA DE FÁTIMA DE CARVALHO CHAVES D.Sc.

Co-orientadores: RICARDO GALLO D.Sc.

SÉFORA GIL GOMES DE FARIAS D.Sc.

RECIFE
Pernambuco-Brasil
Dezembro – 2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S725d

Sousa, Moema Barbosa de

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE FRUTOS E SEMENTES E USO DO MICRORGANISMO SIMBIONTE NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth. / Moema Barbosa de Sousa. - 2021. 114 f. : il.

Orientadora: Lucia de Fatima de Carvalho Chaves.

Coorientador: Ricardo Gallo e Sefora Gil Gomes de Farias.

Inclui referências e apêndice(s).

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais, Recife, 2021.

1. Espécie arbórea nativa. 2. Morfometria de frutos e sementes. 3. Populações naturais. 4. Análise genética. 5. Análise multivariada. I. Chaves, Lucia de Fatima de Carvalho, orient. II. Farias, Ricardo Gallo e Sefora Gil Gomes de, coorient. III. Título

CDD 634.9

MOEMA BARBOSA DE SOUSA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE FRUTOS E SEMENTES E USO DO
MICRORGANISMO SIMBIONTE NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE
PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth.**

Aprovada:22/09/2021

Banca examinadora

Bruna Anair Souto Dias

Prof.^a. Dr.^a Bruna Anair Souto Dias-UFPI

Eliane Cristina Sampaio de Freitas

Prof.^a. Dr.^a. Eliane Cristina Sampaio de Freitas-UFRPE

Orientadora:

Lúcia de Fatima de Carvalho Chaves

Prof.^a Dr.^a Lúcia de Fatima de Carvalho Chaves-(UFRPE/PPGCF)

RECIFE
Pernambuco-Brasil
Dezembro – 2021

DEDICATÓRIA

Ao criador de todas as coisas por me conceder a dádiva da vida e a minha família e amigos por depositar confiança e me impulsionar sempre ao crescimento, aplicando uma dose diária de animação e alegria.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Desde início da minha nova vida ao ingresso na universidade, havia uma lacuna aberta, no qual somente poderia ser preenchida pelo conhecimento, tal abertura nunca será preenchida por completo, pois a busca por conhecimento jamais cessará. Neste momento, somente sou consumida por gratidão por tudo que Deus tem me proporcionado.

Aos meus pais, avós, tios(as) e aos meus irmãos, pela dedicação, apoio financeiro e emocional, companheirismo, conselhos e confiança. Estar aqui hoje é resultado do esforço deles, em que jamais poderei expressar o tamanho da minha gratidão e orgulho de tê-los me apoiando o tempo todo. E a minha família de coração (Bianca, Aurenice, Bruno, Gabriela, Claudia, Joelma, Letícia, Ludmila e Lívia).

À Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) e ao Programa de Pós-graduação em Ciências Florestais (PPGCF), pela oportunidade de cursar o Mestrado em Ciências Florestais e, a todos os professores do programa, agradeço por todo conhecimento repassado ao longo dessa jornada.

A minha orientadora, Lúcia de Fatima de Carvalho Chaves, pela grande confiança depositada em mim nos momentos que nem eu mesma acreditava, pela credibilidade, apoio, orientação e amizade.

Aos meus coorientadores, Séfora Gil Gomes de Farias e Ricardo Gallo, pela ajuda, apoio nas análises, apoio pessoal em meio ao cenário caótico em que vivemos esse último ano. Muito obrigada pelo apoio, sem a ajuda e incentivo dos senhores nada disso seria possível.

Em especial, queria deixar meu agradecimento ao Instituto Agrônômico de Pernambuco, na pessoa do pesquisador Dr. José de Paula, não tenho com expressar em palavras o quão grata sou pelo apoio e ajuda incondicional, muito, muito obrigada.

A minha amiga Raynara Ferreira, por toda ajuda, por estar comigo nos momentos difíceis, de alegrias, de loucura e que, mesmo na correria, nunca deixou de me apoiar. Muito obrigada minha amiga. Muito grata por ter seu apoio incondicional durante essa jornada.

Gratidão: reconhecimento por benefícios recebidos. Acredito que isso resume tudo que quero demonstrar para essas pessoas maravilhosas que encontrei durante esse percurso de mestrado, são elas: Grazielle Nunes, em especial, por estarmos sempre uma apoiando a outra durante todo esse percurso, muito obrigada minha amiga. Além de pessoas especiais que me

ajudaram muito nesse percurso, Paula Barbosa, Ianny Parente, Nathan Castro, Rafaela Santos, seu Fernando, seu Miguel, Elton (UFPE), Cíntia, Aluísio Costa.

Aos professores, que me honraram com participação na banca de defesa e contribuições ao trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Brasil, Código de Financiamento 001. "This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Brasil, Finance Code 001.

A obtenção dos frutos e sementes utilizados nesse estudo, contou com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - processo: 461950/2014-6.

Por mais que não consiga demonstrar com palavras o quanto estou agradecida, espero que saibam que todos compartilharam momentos inesquecíveis comigo durante o período de pós-graduação, os quais ficarão marcados por toda minha vida. Levarei todos vocês no coração, muito grata por tudo.

SOUSA, MOEMA BARBOSA. **Divergência genética de frutos e sementes e uso do microrganismo simbiote no crescimento de mudas de progênies de *Parkia platycephala* Benth.** 2021. Orientadora: Lúcia de Fatima de Carvalho Chaves. Coorientadores: Ricardo Gallo e Séfora Gil Gomes de Farias.

RESUMO

A caracterização morfológica de frutos e sementes se apresenta como processo essencial e de importante valor ecológico, pois auxilia na diferenciação de espécies e pode ser usado na determinação da divergência genética entre progênies de uma mesma população. Bem como, a utilização da inoculação de fungos micorrízicos arbusculares (FMAs) em materiais genéticos pode contribuir com o aumento da qualidade e otimização do crescimento das mudas. Para tal, objetivou-se com a presente pesquisa, avaliar a divergência genética de frutos e sementes e verificar a influência da inoculação com o FMA *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler sobre o crescimento de mudas de progênies de *Parkia platycephala* Benth. Para responder ao objetivo proposto, os frutos maduros foram coletados de 10 progênies pré-selecionadas advindas de duas populações no município Bom Jesus-PI (cinco progênies em cada população). Logo após, os frutos foram encaminhados ao Laboratório de Ecofisiologia e Sementes Florestais (LESF/UFPI) para a realização dos processos de extração e beneficiamento das sementes e estudos biométricos (largura, espessura e comprimento de frutos e sementes) e número de sementes por fruto. Foram selecionados, aleatoriamente, 100 frutos de cada progênie, extraídas as sementes e contabilizado o número de sementes por fruto. Em seguida, foi realizada a mistura das sementes procedentes dos frutos e foram tomadas amostras de 100 sementes de cada progênie para biometria com auxílio de um paquímetro e fita métrica. Após esses processos, as sementes foram encaminhadas para o laboratório de Biologia do Solo do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, para realização da superação da dormência tegumentar e desinfestação das sementes para produção das mudas. Posteriormente, o experimento foi conduzido em casa de vegetação na sede do IPA, onde foi produzido o inoculante de FMA. Os tratamentos foram representados pelo delineamento, casualizados em blocos, dispostos em esquema fatorial 2x10, correspondendo a duas condições de inoculação com e sem *C. etunicatum* e dez progênies, com 6 repetições e 3 plantas por parcela, totalizando 360 mudas. O substrato utilizado foi solo proveniente do campo da Estação Experimental de Itapirema previamente autoclavado. Após a quebra de dormência das sementes por escarificação mecânica com lixa nº 80, a semeadura foi realizada em sementeiras e posterior transplantio para vasos com capacidade para 1,7 L de substrato e utilização de solo com inóculo para os tratamentos com *C. etunicatum*, onde o solo foi adicionado diretamente em contato com as raízes das plântulas. Os dados biométricos de frutos e sementes e número de sementes por fruto foram utilizados para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância, utilizando a metodologia de modelos mistos. A análise indicou a existência de similaridade entre as procedências e dissimilaridade entre as progênies. A taxa de colonização das raízes de mudas das progênies de *P. platycephala*, foi alta, atingindo percentuais acima de 80%, na qual, as progênies diferem quanto ao DC, H, à MSPR, MST, S% e TC%, existindo diferença na resposta entre e dentro de populações em relação à associação micorrízica com *C. etunicatum*. Por meio dos parâmetros genéticos, não foi observado efeitos significativos para herdabilidade, não havendo diferenciação entre as populações avaliadas, somente entre as parcelas avaliadas.

Palavras-chave: Espécie arbórea nativa, morfometria de frutos e sementes, populações naturais, análise genética, análise multivariada.

SOUSA, MOEMA BARBOSA. **Genetic divergence of fruits and seeds and use of symbiont microorganism in the growth of progeny seedlings of *Parkia platycephala* Benth.** 2020. Adviser: Lúcia de Fatima de Carvalho Chaves. Comitê: Ricardo Gallo and Séfora Gil Gomes de Farias.

ABSTRACT

The morphological characterization of fruits and seeds is an essential process and of important ecological value, as it helps in the differentiation of species and can be used to determine the genetic divergence between progenies of the same population. As well as, the use of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) inoculation in genetic materials can contribute to increasing the quality and optimizing the growth of seedlings. To this goal, the objective of this research was to evaluate the genetic divergence of fruits and seeds and to verify the influence of inoculation with the AMF *Claroideoglossum etunicatum* (WN Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler on the growth of seedlings. progenies of *Parkia platycephala* Benth. To meet the proposed objective, ripe fruits were collected from 10 pre-selected progenies from two populations in the municipality of Bom Jesus-PI (five progenies in each population). Soon after, the fruits were sent to the Laboratory of Ecophysiology and Forest Seeds (LESF/UFPI) to carry out the extraction and processing of seeds and biometric studies (width, thickness and length of fruits and seeds) and number of seeds per fruit, one hundred fruits of each progeny were randomly selected, the seeds were extracted and the number of seeds per fruit was counted. Then, the mixture of seeds from the fruits was carried out and samples of 100 seeds from each progeny were taken for biometrics with the aid of a caliper and measuring tape. After these processes, the seeds were sent to the Soil Biology Laboratory of the Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, to overcome the integumentary dormancy and disinfest the seeds for the production of seedlings. Subsequently, the experiment was conducted in the greenhouse at the IPA headquarters, where the inoculant of AMF was produced. The treatments were represented by the randomized block design, arranged in a 2x10 factorial scheme, corresponding to two inoculation conditions with and without *C. etunicatum* and 10 progenies, with 6 replications and 3 plants per plot, totaling 360 seedlings. The substrate used was previously autoclaved soil from the Itapirema Experimental Station field. After breaking the dormancy of the seeds by mechanical scarification with sandpaper N° 80, sowing was carried out in seedbeds and later transplanted into pots with a capacity of 1.7 L of substrate and use of soil with inoculum for treatments with *C. etunicatum*, where the soil was added directly in contact with the seedling roots. Biometric data of fruits and seeds and number of seeds per fruit were used to extract genotypic values and variance components, using the mixed model methodology. The analysis indicated the existence of similarity between the origins and dissimilarity between the progenies. The colonization rate of seedling roots of *P. platycephala* progenies was high, reaching percentages above 80%, in which the progenies differ in terms of DC, H, MSPR, MST, S% and TC%, with a difference in the response between and within populations in relation to mycorrhizal association with *C. etunicatum*. Through genetic parameters, no significant effects were observed for heritability, with no differentiation between the populations evaluated, only between the parcels evaluated.

Keywords: Native tree species, fruit and seed morphometry, natural populations, genetic analysis, multivariate analysis.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	13
2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	16
2.1. <i>Parkia platycephala</i> Benth.	16
2.2. DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR MEIO DA BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES	17
2.3. MELHORAMENTO GENÉTICO	19
2.4. FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES E SUA IMPORTÂNCIA COMO AGENTES PROMOTORES DE CRESCIMENTO DE MUDAS	21
3. REFERÊNCIAS	28
CAPÍTULO I	34
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES E POPULAÇÕES DE <i>Parkia platycephala</i> Benth. POR MEIO DA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS E SEMENTES	34
1. INTRODUÇÃO	37
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
2.1 Seleção de árvores matrizes e obtenção de frutos e sementes	40
2.2 Análises genéticas	42
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
3.1 Análise de Deviance e estimativa de parâmetros genéticos	46
3.2 Correlação das variáveis, análise de componentes principais e agrupamentos	52
3.2.1 Correlação linear de Pearson	52
3.2.2 Contribuições das variáveis e Análise de componentes principais (PCA)	54
3.2.3 Agrupamento pelo método de Tocher, Agrupamento pelo método UPGMA e Gráfico em heatmap	56
4. CONCLUSÕES	61
5. REFERÊNCIAS	62

CAPÍTULO II.....	67
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE POPULAÇÕES DE MUDAS DE PROGÊNIES MEIO-IRMÃOS DE <i>Parkia platycephala</i> Benth., INOCULADAS COM <i>Claroideoglossum etunicatum</i> (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler	67
1. INTRODUÇÃO.....	70
2. MATERIAL E MÉTODOS	72
2.1 Seleção e obtenção de frutos e sementes	72
2.2 Preparo, instalação, condução e desativação do experimento	73
2.3 Análises estatísticas e genéticas.....	85
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	87
3.1 Crescimento inicial, sobrevivência e taxa de colonização.....	87
3.2 Componentes de variância, componentes principais e agrupamentos.....	91
4. CONCLUSÕES.....	103
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	104
6. REFERÊNCIAS	105
APÊNDICES	109

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Aspectos gerais da árvore (A), inflorescência (B)(C), frutos (D)(E) e sementes (F) de *Parkia platycephala* Benth. 17

Figura 2 - Ciclo simbiótico dos FMAs (fora de escala). 23

Figura 3 - Micorrizas, uma antiga e perfeita relação simbiótica entre fungos do solo e raízes: uma estratégia de sobrevivência e evolução da biota terrestre. 25

CAPÍTULO I

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES E POPULAÇÕES DE *Parkia platycephala* Benth. POR MEIO DA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS E SEMENTES

Figura 4 - Localização das progênies oriundas de matrizes pré-selecionadas e áreas de coleta de sementes de *Parkia platycephala* Benth. População 1: EG – Eugenópolis e População 2: BJ – Bom Jesus, no estado do Piauí. 40

Figura 5 - Biometria de frutos e sementes e determinação do número de sementes por fruto das progênies de *Parkia platycephala* Benth. A – Contagem do número de sementes por fruto. B – Mensuração dos frutos em mm. C – Mensuração das sementes em mm. 42

Figura 6 - Coeficiente de correlação genética de Pearson (r) para as variáveis biométricas e número de sementes por fruto de progênies de *Parkia platycephala* Benth. (* $p < 0,05$) pelo teste t, para: tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF). A coloração do quadrado indica a direção da correlação genética, sendo vermelho para negativa e azul para positiva. O tamanho do quadrado e a intensidade de coloração indicam a magnitude de cada correlação. 53

Figura 7 - Análise de componentes principais (PCA), comparando as características: tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) e sua respectiva contribuição para os dois componentes principais (CP1 e CP2) das procedências em progênies de *Parkia platycephala* Benth. 54

Figura 8 - Análise de componentes principais (PCA) comparando as variáveis, tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) de progênies de *Parkia platycephala* Benth. 56

Figura 9 - Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 genótipos de *Parkia platycephala* Benth. obtidos, com base na distância euclidiana média genética padronizada. 58

Figura 10 - Gráfico em heatmap para os grupos: (1) composto pelas progênies BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG17, EG5, EG12; (2) pelas progênies por BJ45 e EG4; (3) pela progênie EG1, para as características tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) das progênies de *Parkia platycephala* Benth..... 59

CAPÍTULO II

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE POPULAÇÕES DE MUDAS DE PROGÊNIES MEIO-IRMÃOS DE *Parkia platycephala* Benth., INOCULADAS COM *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler

Figura 1 - Etapas do teste germinativo das sementes das progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth. A – escarificação das sementes; B – disposição das sementes nas caixas plásticas; C – emissão da radícula das sementes; D – formação das plântulas.....75

Figura 2 – Processo de peneiramento e autoclavagem do solo para posterior produção das mudas das populações e progênies de *Parkia platycephala* Benth. A – peneiramento do solo; B - solo peneirado; C - mistura de solo com vermiculita; D – pesagem e acondicionamento em sacos plásticos da mistura de solo com vermiculita; E – acondicionamento do substrato na autoclave; F – autoclave utilizada.....76

Figura 3 – Processos de preparação das sementes e plântulas das progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth. A – esterilização das sementes após escarificação; B – sementes dispostas na sementeira para germinação; C e D – visão geral das plântulas transplantadas...78

Figura 4 – Procedimento de extração de glomerosporos de *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., pela técnica da decantação e peneiramento úmido e da centrifugação e flutuação em sacarose. A – peneiras com abertura de malhas diferenciadas (0,168, 0,150 e 0,037 mm); B – pesagem de solo-inóculo; C- diluição do solo para suspensão dos glomerosporos. D – peneiramento para retenção dos glomerosporos nas peneiras; E – coleta dos glomerosporos na peneira de malha fina; F – pesagem dos tubos da centrífuga com o solo diluído em água; G – alocação dos tubos com solo diluído; H – descarte do sobrenadante; I – solo contendo os glomerosporos; J – adição de sacarose à 50% ao tubo; K – pesagem dos tubos com sacarose e solo; L – agitação do solo mais a sacarose; M – centrifugação do solo mais a sacarose; N – passagem do sobrenadante em peneira de menor abertura de (0,037 mm); O – lavagem e coleta dos glomerosporos para béquer de 50 mL; P – contagem do número de glomerosporos na placa de anéis concêntricos; De Q a S – glomerosporos vistos ao microscópio estereoscópio com aumento de 40x e ocular de 10x. Q, R e S – *C. etunicatum*.....80

Figura 5 - Demonstração do processo de propagação em tecido metabolicamente ativo utilizando solo-inóculo de *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler. A – alocação do solo-inóculo em contato direto com o solo; B – transplântio das plântulas após aplicação do tratamento com fungo; C e D – visão geral do experimento na casa de vegetação.....81

Figura 6 – Coleta de material para avaliação da taxa de colonização de raízes de *Parkia platycephala* Benth., inoculadas com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., aos 90 dias após inoculação. A – materiais e recipientes usados para alocação das raízes finas; B – retirada do solo do sistema radicular das mudas; C – retirada de aproximadamente 1 g de raízes finas das mudas; D – armazenamento das raízes finas em conservante (Álcool 70%); E e F – recipientes em que as raízes foram armazenadas com o conservante.....82

Figura 7 - Procedimento para determinação da matéria seca das mudas de progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após a inoculação. A – separação de parte aérea e raiz; B e C – alocação do sistema radicular e parte aérea nos sacos de papel Kraft.....83

Figura 8 – Representação do processo de clareamento e coloração das raízes e montagem das lâminas das mudas de progênies de *Parkia platycephala* Benth., inoculadas com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., para avaliação da taxa de colonização micorrízica: A – amostra das raízes em KOH; B – drenagem do KOH e lavagem das raízes; C – raízes em H₂O₂; D – drenagem do H₂O₂ e lavagem das raízes; E – raízes em HCl; F – drenagem do HCl e lavagem das raízes; G – raízes de Trypan blue; H – montagem em lâminas.....85

Figura 9 - Análise de componentes principais (PCA) para os valores genotípicos comparando as variáveis, diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSPR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) e sua respectiva contribuição para os dois componentes principais (CP1 e CP2) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.....97

Figura 10 - Análise de componentes principais (PCA) para os valores genotípicos comparando as variáveis, diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSSR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.....99

Figura 11 - Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Glomus etunicatum* Becker & Gerd., obtidos com base na distância euclidiana média genética.....101

Figura 12 - Gráfico em heatmap para os grupos 1, composto pelas progênies BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG5, EG1; grupo 2, por EG12 e EG4; grupo 3, pela progênie BJ45; grupo 4, pela progênie EG17, em relação às variáveis diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSSR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.....102

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES E POPULAÇÕES DE *Parkia platycephala* Benth. POR MEIO DA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS E SEMENTES

Tabela 1 - Localização geográfica das progênies oriundas de matrizes pré selecionadas e informações de coleta de frutos e sementes de *Parkia platycephala* Benth. (Fava de bolota). 42

Tabela 2 - Componentes de variância (CV) para os caracteres tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS), tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF) e número de sementes por fruto (NSF) de progênies de *Parkia platycephala* Benth 47

Tabela 3 - Agrupamento de *Parkia platycephala* Benth. de 10 genótipos, pelo método de Tocher, com base na distâncias euclidianas medias genéticas 58

CAPÍTULO II

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE POPULAÇÕES DE MUDAS DE PROGÊNIES MEIO-IRMÃOS DE *Parkia platycephala* Benth INOCULADAS COM *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler

Tabela 1 - Localização geográfica das progênies e informações de coleta de frutos e sementes de *Parkia platycephala* Benth..... 73

Tabela 2 - Caracterização química do solo utilizado como substrato para produção de mudas de *Parkia platycephala* Benth., coletado na Estação Experimental de Itapirema, do Instituto Agrônômico de Pernambuco – IPA, em Goiana-PE..... 76

Tabela 3 - Médias de crescimento em diâmetro do coleto (DC), altura (H), sobrevivência (S) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies (P) e duas populações (M/EG – Média de Eugenópolis; M/BJ – Média de Bom Jesus), de *Parkia platycephala* Benth., sem (SI) e com (CI) inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler..... 88

Tabela 4 - Médias de produção de massa seca da parte aérea (MSPA), de raiz (MSPR), total (MST) e relação raiz/parte aérea (RRPA), de mudas de 10 progênies (P) e duas populações (M/EG – Média de Eugenópolis; M/BJ – Média de Bom Jesus), de *Parkia platycephala* Benth., sem (SI) e com (CI) inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler..... 89

Tabela 5 - Componentes de variância (CV) para os caracteres diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca da parte da raiz (MSPR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia*

platycephala Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglopus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.....93

Tabela 6 - Agrupamento pelo método de Tocher, com base nas distâncias euclidianas médias genéticas de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglopus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.....100

1. INTRODUÇÃO GERAL

As espécies vegetais nativas ainda são pouco pesquisadas, principalmente em relação às características morfológicas, como biometria e número de sementes por fruto, estrutura e adaptação às condições edafoclimáticas, dificultando a realização de pesquisas voltadas para conservação e propagação dessas espécies (BEZERRA et al., 2020). Trabalhos que tratam da obtenção dessas informações básicas auxiliam no melhoramento dessas espécies nativas culminando na seleção de indivíduos baseada nas características morfológicas superiores, tais como, maiores espessuras, comprimento e largura, o que pode gerar indivíduos com maiores tecidos de reserva e maiores quantidades de sementes por fruto.

A avaliação e seleção de plantas, baseadas nessas características morfométricas geneticamente superiores, obtidas por meio de parâmetros genéticos, otimizam e provêm um aumento na produtividade dessas espécies, visto que a maioria das espécies nativas necessitam desse tipo de caracterização (ALFARO-SOLÍS et al., 2020).

Como as espécies nativas apresentam uma ampla gama de distribuição geográfica, as características morfológicas nas plantas ocorrem de diferentes tipos, essas variações fenotípicas são atribuídas a três fatores: diferentes ambientes em que essas espécies estão crescendo e se desenvolvendo, diferenças genéticas entre as árvores e interação entre os genótipos das árvores e o ambiente (MUNTHALI; CHIRWA; AKINNIFESI, 2012). Segundo esses autores, estes fatores podem culminar no antagonismo na morfologia dos frutos e sementes entre as populações e progênies.

Estudos de divergência genética, utilizando traços morfológicos, constituem-se em importante subsídio para caracterização e diferenciação entre e dentro de populações de uma mesma espécie (NYOKA et al., 2015). Conhecimentos sobre essa divergência genética entre populações e progênies de *Parkia platycephala* Benth., podem contribuir para um pré-melhoramento genético da espécie, por meio da geração de informações importantes das características morfométricas de frutos e sementes, para fins de conservação genética, bem como fornecer base para programas de melhoramento (MAVUSO et al., 2016).

A ocorrência de *Parkia platycephala* Benth., abrange áreas de transição do Cerrado ou Caatinga e as campinas da região Amazônica (NUNES et al., 2019). É uma espécie arbórea nativa e endêmica do Brasil de grande importância, pois serve para fins paisagísticos e tem potencial forrageiro, cujas vagens maduras constituem excelente fonte de suplementação alimentar para todos os ruminantes, além da madeira ser utilizada para caixotaria, tabuados

para divisões internas em pequenas construções, bem como para lenha e carvão (OLIVEIRA; HOPKINS, 2020). Por estar distribuída em regiões em que geralmente enfrentam chuvas irregulares, o que leva à escassez de forragens para os animais, essa espécie pode ser utilizada como uma fonte alternativa de alimentação para substituir os ingredientes tradicionais (como o milho) e reduzir os custos de alimentação (BATISTA et al., 2020).

Em vista disto, a geração dessas informações pode contribuir para estabelecimento de populações e definição de estratégias para coleta de sementes com maior variabilidade genética, condição essencial para fins de restauração florestal, principalmente no cenário atual, visando, atender às demandas previstas de restauração florestal. A ONU declarou o período de 2021 a 2030 como a década da restauração, onde ocorre uma retomada da discussão dos acordos internacionais voltados à conservação ambiental, a exemplo da contribuição nacionalmente determinada ao acordo de Paris, visando promover a restauração de paisagens florestais (WRI BRASIL, 2021).

Dada a importância de avaliar as características morfométricas dos frutos e sementes, bem como o número de sementes por fruto, outro processo relevante a se avaliar é o crescimento e qualidade de mudas de diferentes progênies, fato este, que vai de encontro com as demandas por mudas de qualidade para atender as demandas atuais de restauração florestal. Aliado a esse processo, a inoculação de fungos micorrízicos arbusculares em materiais genéticos é de extrema importância, visto que a utilização desses microrganismos pode favorecer a absorção de alguns nutrientes e maior índice de estabelecimento das mudas. Nesse sentido, os fungos micorrízicos são considerados de grande importância quando utilizados na produção de mudas, visando a qualidade morfofisiológica das mudas que é um dos fatores mais importantes para o sucesso do estabelecimento dos povoamentos florestais (RODRIGUES; BARROSO; FIQUEIREDO, 2018).

Informações sobre o crescimento de progênies de *P. platycephala*, bem como sua associação simbiótica com microrganismos, são incipientes, sendo desenvolvido somente um trabalho a cerca dessa temática para essa espécie, avaliando o crescimento e qualidade das mudas associadas a quatro espécies de FMAs (*Gigaspora rosea* SPL 101A, *Gigaspora margarita* SCT 077A, *Acaulospora koskei* SCT 042A e *Acaulospora morrowiae* SCT 048B) com duas condições de irrigação (PORTO et al., 2020). Porém, com fungos diferentes do que foi utilizado nesse estudo.

Neste sentido, desenvolveu-se a proposta do presente estudo, tendo como objetivo geral: avaliar a divergência genética entre e dentro de populações por meio da caracterização

morfológica dos frutos e sementes, bem como a influência da inoculação com fungo micorrízico arbuscular *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler, no crescimento e sobrevivência de mudas de progênies de *Parkia platycephala* Benth., bem como, responder às seguintes hipóteses: 1) os materiais genéticos apresentam divergência genética entre e dentro de populações em relação à biometria de frutos e sementes e número de sementes por fruto; 2) o crescimento, biomassa seca e sobrevivência das mudas de *P. platycephala* apresenta divergência entre e dentro das populações; e 3) existe diferença entre e dentro das populações na resposta em relação à associação micorrízica com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler.

Para responder às hipóteses propostas, o trabalho foi estruturado em dois capítulos: Capítulo I: Divergência genética de progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth., por meio da caracterização morfológica de frutos e sementes; Capítulo II: Divergência genética entre e dentro de populações de mudas de progênies de meios-irmãos de *Parkia platycephala* Benth., inoculadas com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1. *Parkia platycephala* Benth.

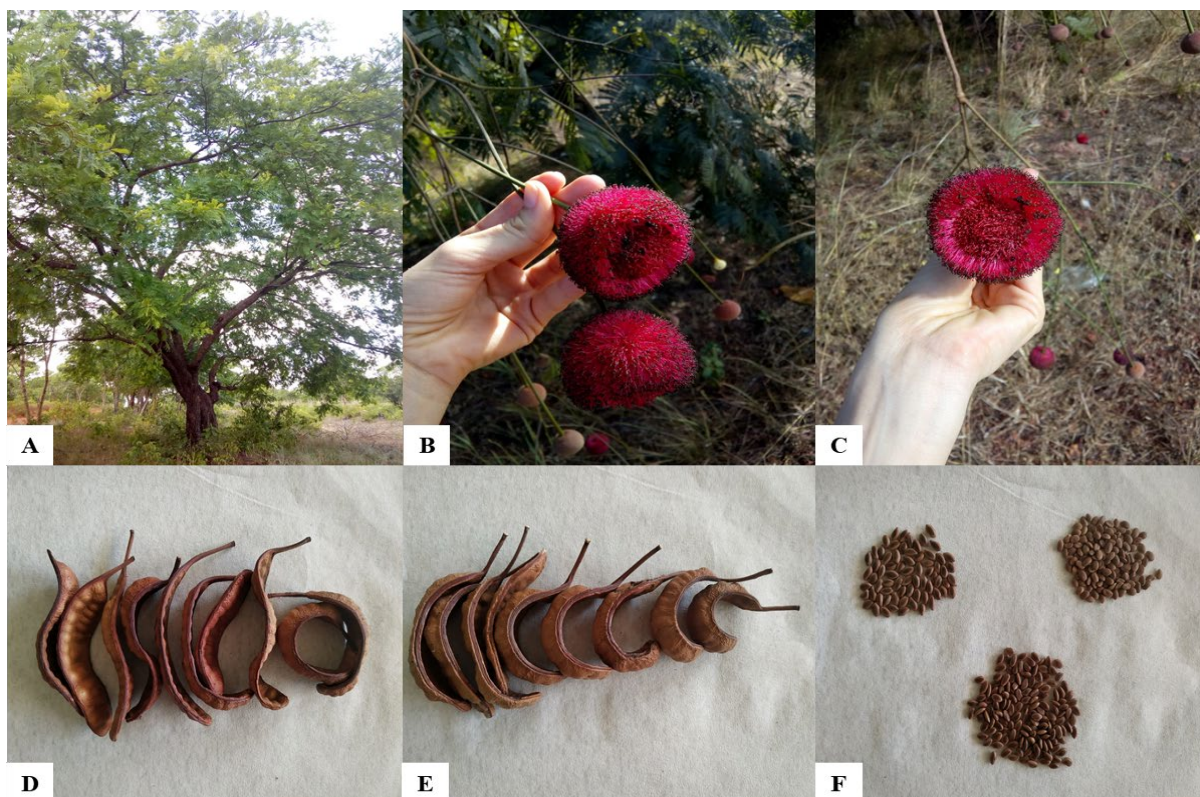
Pertencente à Família Fabaceae e subfamília Mimosoideae, a espécie é comumente conhecida como fava-de-bolota, faveira, faveira-de-bolota, visgueiro, fava-da-boi. Apresentando características morfológicas como altura variando de 8 a 18 metros, folhas compostas bipinadas, alternas ou opostas, inflorescências em capítulos globosos, fruto legume achatado indeiscente, glabro, frequentemente enrolado, com sementes em duas séries ou fileiras (Figura 1). Sua ocorrência abrange a região Nordeste, Norte e Centro-Oeste do País, nos domínios fitogeográficos Amazônia, Caatinga e Cerrado, e na transição do Cerrado ou da mata para a Caatinga (agreste) (LORENZI, 2013). É endêmica do Brasil e sua madeira é empregada para caixotaria, tabuado para divisões internas em pequenas construções, forros, confecção de brinquedos, bem como para lenha e carvão (OLIVEIRA; HOPKINS, 2020).

A *Parkia platycephala* Benth., é uma espécie nativa e apresenta sua dispersão primária do tipo autocórica (PILON et al., 2015), em que os seus principais agentes polinizadores são os morcegos e abelhas, sendo o primeiro identificado como o principal agente polinizador (COSTA et al., 2011). No que se refere aos seus aspectos ecológicos, a espécie é considerada chave para compor programas de restauração, pelo fato de ser pioneira, fixadora de nitrogênio, cumprindo um papel de facilitadora para desenvolvimento e estabelecimento de outras espécies (CABRAL, 2017; LORENZI, 2013).

É uma leguminosa arbórea que, além de suas diversas utilidades como espécie madeireira, produz vagens muito utilizadas na suplementação alimentar de ruminantes, podendo ser uma opção vantajosa principalmente na região semiárida. A produção de vagens da *P. platycephala* varia de 26,1 a 95,0 kg árvore⁻¹, apresentando alto potencial produtivo (ARAÚJO et al., 2019). Suas vagens apresentam digestibilidade acima de 70%; teor de proteína bruta por volta de 10%; 13% de fibra bruta; 2,0% de minerais; 2,5% de gordura; e 75 % de extrativo não nitrogenado, sendo classificadas como alimentos energéticos, com valores nutricionais semelhantes ao milho (MOTA et al., 2015).

Uma característica relevante, estudada por diversos pesquisadores, é que as Angiospermas desenvolveram auto-incompatibilidade (SI) como um sistema genético para prevenir a consanguinidade e, assim, promover cruzamento para gerar diversidade genética. Constatou-se que a *Parkia platycephala* apresenta esse mecanismo responsável por favorecer a alogamia e a diversidade genética (IWANO; TAKAYAMA, 2012).

Figura 1 - Aspectos gerais da árvore (A), inflorescência (B)(C), frutos (D)(E) e sementes (F) de *Parkia platycephala* Benth.



Fonte: (SOUSA, 2021)

2.2. DIVERGÊNCIA GENÉTICA POR MEIO DA BIOMETRIA DE FRUTOS E SEMENTES

Os estudos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas são essenciais para o reconhecimento das espécies em campo, estudos de recuperação de áreas degradadas e catalogação de espécies (BARRETTO; FERREIRA, 2011). Com isso, a biometria de frutos e sementes fornece informações sobre essas espécies vegetais e auxilia na sua identificação e classificação, na produção de sementes, nos estudos de sucessão ecológica e na regeneração dos ecossistemas florestais e exploração dos recursos de valor econômico, permitindo um incremento contínuo da busca racional e uso eficaz dos frutos e sementes (SOBRINHO et al., 2017).

As variações nas dimensões dos frutos podem ser atribuídas à variabilidade genética, aos fatores ambientais (bióticos e abióticos), bem como a interação genótipo-ambiente (SANTANA; TORRES; BENEDITO, 2013).

Já a caracterização das sementes está intimamente relacionada com as propriedades de dispersão e com o estabelecimento de plântulas, sendo utilizada como um importante subsídio na estimativa de tamanhos ou pesos, constituindo-se em uma estratégia que se adotada corretamente pode ser usada para uniformizar a emergência das plântulas e o tamanho das mudas (CARVALHO; NAKAGAWA, 2000). Jaisankar et al. (2014) afirmaram que um programa de melhoramento de espécies florestais de maior sucesso é aquele em que foram utilizadas fontes de sementes adequadas, ou seja, com características morfológicas superiores.

Existe uma grande variabilidade nas espécies arbóreas tropicais em relação às características morfológicas dos frutos e sementes, fato que vem sendo comprovada por diversos autores (DUTRA et al., 2019; GOMES et al., 2019; SANTOS et al., 2019; SOBRINHO et al., 2017). Estudos que viabilizem a obtenção das informações acerca destas espécies podem fornecer bases para programas de melhoramento da espécie, bem como identificar, de forma única, cada indivíduo presente numa mesma área, assim como detectar variações existentes entre espécies de mesmo gênero, através de caracterização morfológica.

Os estudos voltados à morfologia de frutos e sementes possibilitam o provimento de informações sobre suas estruturas, as quais servem para identificar espécies que se encontram em contínuo decréscimo no número de indivíduos (DINIZ et al., 2015). Por meio dessas descrições, pode-se auxiliar a conservação das espécies florestais, bem como otimizar o processo de produção de mudas. Desse modo, pesquisas voltadas à biometria de frutos e sementes se caracterizam como uma importante ferramenta por conta da facilidade, economicidade e rapidez na obtenção destes dados (ARAÚJO et al., 2012).

Igualmente, a morfologia externa dos frutos e sementes, aliada às observações das mudas, oferece, aos laboratórios, subsídios à interpretação correta dos testes de germinação e identificação das espécies (FERREIRA; BARRETTO, 2015). Diante disso, esses estudos têm sido realizados em espécies florestais, como: *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan e *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong) (BARRETTO; FERREIRA, 2011), *Amburana cearensis* A. C. Smith (SILVA et al., 2013), *Mimosa setosa* Bentham (SPERANDIO; LOPES; MATHEUS, 2013) e *Stryphnodendron adstringens* (Mart.) Coville (FREITAS; VIEGAS; LOPES, 2014).

As características biométricas como tamanho e peso são importantes na separação de sementes em classes, sendo que aquelas com melhor qualidade fisiológica, ou que apresentam maior porcentagem de germinação e vigor, normalmente apresentam maior tamanho ou densidade e embriões bem formados e com maiores quantidades de reservas (CARVALHO;

NAKAGAWA, 2012). Este comportamento foi observado na formação de mudas de *Tamarindus indica* L., em que sementes de maior tamanho apresentaram mudas de maior porte (PEREIRA et al., 2008). Similarmente, observou-se uma maior qualidade fisiológica de sementes de *Caesalpinia leiostachya* (Benth) Ducke (BIRUEL; PAULA; AGUIAR, 2010) e de *Brosimum gaudichaudii* Tréc (FARIA; ALBUQUERQUE; COELHO, 2013), em função das sementes com maiores dimensões.

O tamanho das sementes, em muitas espécies, pode ser um importante indicativo de sua qualidade fisiológica. Dentro do mesmo lote, as sementes pequenas apresentam menores valores de germinação e vigor que as de tamanhos médio e grande (BIRUEL; PAULA; AGUIAR, 2010). O tamanho da semente, definido pelo comprimento, largura e espessura é uma das características com maior grau de variabilidade em um lote de sementes (BIRUEL; PAULA; AGUIAR, 2010).

Outro grande fator relevante, ligado à biometria, é o fato de esta constituir um importante instrumento para detectar a variabilidade genética dentro de populações de uma mesma espécie, e as relações entre esta variabilidade e os fatores ambientais, como também em programas de melhoramento genético (GONÇALVES et al., 2013). Na prática, a caracterização morfométrica pode auxiliar na determinação de diferentes parâmetros fenotípicos e genotípicos entre progênies de uma mesma população, constituindo importantes instrumentos na detecção da divergência genética e fornecendo informações para os programas de melhoramento genético..

2.3. MELHORAMENTO GENÉTICO

Os programas de melhoramento genético no Brasil tiveram início com o auxílio de Navarro de Andrade, juntamente com Carlos Arnaldo Krug, que com observações rotineiras, percebeu que as florestas plantadas eram muito heterogêneas e apresentavam baixas produtividades (CARVALHO, 1997). A partir de então, as atividades que eram lideradas por Navarro, na Companhia Paulista de Estrada de Ferro passaram a ser administradas pelo Instituto Florestal do Estado de São Paulo. Assim, o programa de melhoramento genético se iniciou embasado na seleção de indivíduos superiores e um programa de certificação de sementes (CARVALHO, 1997).

No Brasil, esses programas tradicionais têm se baseado principalmente na seleção entre e dentro de famílias, a chamada seleção individual. Partindo disso, caracterizam-se, em uma primeira etapa, as famílias superiores com base na média das parcelas. No caso de

famílias de meios-irmãos, são explorados apenas 25% da variância aditiva total na seleção entre famílias (SAMPAIO; RESENDE; ARAÚJO, 2002). Segundo os autores, na etapa seguinte, selecionam-se, nas famílias superiores, as plantas de melhor desempenho.

A fim de atingir estes resultados superiores, as estratégias do melhoramento são organizadas em etapas e a seleção de progênies superiores na fase de muda é um dos processos cruciais nos programas de melhoramento genético. Estudos que associem a seleção desses materiais genéticos ao uso de microrganismos são de extrema importância, pois além de fornecer materiais genéticos superiores, podem também fornecer indivíduos com maior qualidade não só em termos de crescimento. Em termos nutricionais, estes microrganismos podem favorecer o desenvolvimento dessas mudas em campo, em ambientes pouco favoráveis para o crescimento e desenvolvimento.

Com isso, para a obtenção destes genótipos superiores, é necessária a reunião de uma série de atributos favoráveis desde a seleção de sementes, mudas até o indivíduo adulto, que confirmem melhor performance e satisfaçam as exigências do mercado. Por isso, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (YOKOMIZO et al., 2016).

Estimativas de parâmetros genéticos e previsão de ganhos em progênies têm sido de grande ajuda para determinar estratégias para melhorar a seleção e / ou recombinação de indivíduos e progênies para um novo ciclo de seleção (ENGEL et al., 2016). Para tal, uma das ferramentas que auxiliam no melhoramento genético são os programas computacionais específicos destinados especialmente para essa função. Dentre eles, destaca-se o software Selegen- Reml/Blup, o qual se refere ao melhoramento de plantas perenes. Esse sistema analisa os experimentos a partir de variáveis dependentes entre si, em um modelo matemático por meio de diferentes parâmetros, como herdabilidade, variância fenotípica e genética e coeficiente de determinação entre progênies e procedências (RESENDE, 2007).

Com as estimativas desses parâmetros, é possível prever os ganhos genéticos para caracteres de interesse florestal, com vistas à obtenção de uma maior confiabilidade na aquisição de informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres, auxiliando na base para a avaliação dos planos de melhoramento (COSTA et al., 2011).

Visando a obtenção de informações que subsidiem os planos de melhoramento genético, o conhecimento das espécies arbóreas nativas que proporcionem respostas positivas à associação simbiótica com micorrizas é fator importante para o sucesso de projetos de

recuperação de áreas degradadas e reflorestamentos com fins econômicos, dado que, em grande parte dos locais onde tais projetos são instalados, ocorrem limitações físicas, biológicas e químicas para o desenvolvimento e estabelecimento das mudas em campo (SUGAI; COLLIER; SAGGIN-JÚNIOR, 2011). Dada a necessidade de busca dos melhores indivíduos para atender às finalidades do mercado, é de suma importância a seleção de materiais genéticos superiores por meio dos parâmetros genéticos (herdabilidade aditiva, herdabilidade individual, entre outros), para a produção de mudas de boa qualidade.

Em se tratando da espécie *P. platycephala*, estudos que focam, tanto na caracterização morfológica quanto na produção de mudas, ainda são incipientes. Até o momento, foram verificados os trabalhos de SILVA et al. (2017), analisando a germinação e vigor de plântulas de *Parkia platycephala* Benth. em diferentes substratos e temperaturas, (SILVA, 2020) avaliando a variabilidade genética de teste de procedências e progênes de *P. platycephala*, e (CARDOSO et al., 2021) avaliando a possibilidade de definição de área de coleta de sementes de *Parkia platycephala* com variabilidade genética adequada à restauração florestal.

Quando se trata de dados referentes à divergência entre e dentro de populações por meio da caracterização morfológica de frutos e sementes de *P. platycephala* ainda não foram identificados resultados na literatura. Além disso, quando se trata da avaliação do crescimento de mudas da espécie associado à inoculação com FMAs só foi verificado o estudo de Porto et al. (2020), que avaliou fungos micorrízicos arbusculares no crescimento inicial e nutrição de *P. platycephala*. sob estresse hídrico. Este, portanto, é um estudo pioneiro quando se trata da avaliação desses caracteres para verificar divergência genética.

2.4. FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES E SUA IMPORTÂNCIA COMO AGENTES PROMOTORES DE CRESCIMENTO DE MUDAS

Os fungos que formam as micorrizas arbusculares (MAs) pertencem ao filo Glomeromycota, que engloba exclusivamente fungos que não apresentam septos e que colonizam as raízes de plantas de quase todos os gêneros das Gimnospermas e Angiospermas (BRUNDRETT, 1991). Em quase todos os ecossistemas terrestres, são conhecidas 250 espécies e 38 gêneros de fungos micorrízicos arbusculares (FMAs) (IBG, 2016). Essas MAs são caracterizadas pela formação de uma estrutura simbiótica nas raízes com colonização intracelular do córtex, formação de hifas enroladas e outras profundamente ramificadas, que crescem solo adentro além da rizosfera (BRUNDRETT, 1991).

As micorrizas surgiram há mais de 400 milhões de anos, quando as plantas iniciaram o processo de colonização do habitat terrestre (RAYNER, 1927). Embora sejam de ocorrência generalizada, somente em meados do século XIX, esta simbiose começou a ser tratada, cientificamente, quando o pesquisador alemão Bernard Frank, em 1885, empregou, pela primeira vez, o termo “micorriza”, ilustrou suas bases morfológicas e propôs a natureza mutualista da relação (RAYNER, 1927).

A relação mutualista é bem conhecida em ajudar a plantas terrestres a se adaptarem a diferentes condições bióticas e abióticas, para uma melhor sobrevivência, crescimento e desenvolvimento. Estes simbioses oferecem uma alternativa ecológica quanto ao uso de fertilizantes químicos e pesticidas, e, portanto, mantendo a planta com qualidade e alta produtividade na agricultura, horticultura e silvicultura, mesmo sem uso de produtos químicos (SHUAB et al., 2018).

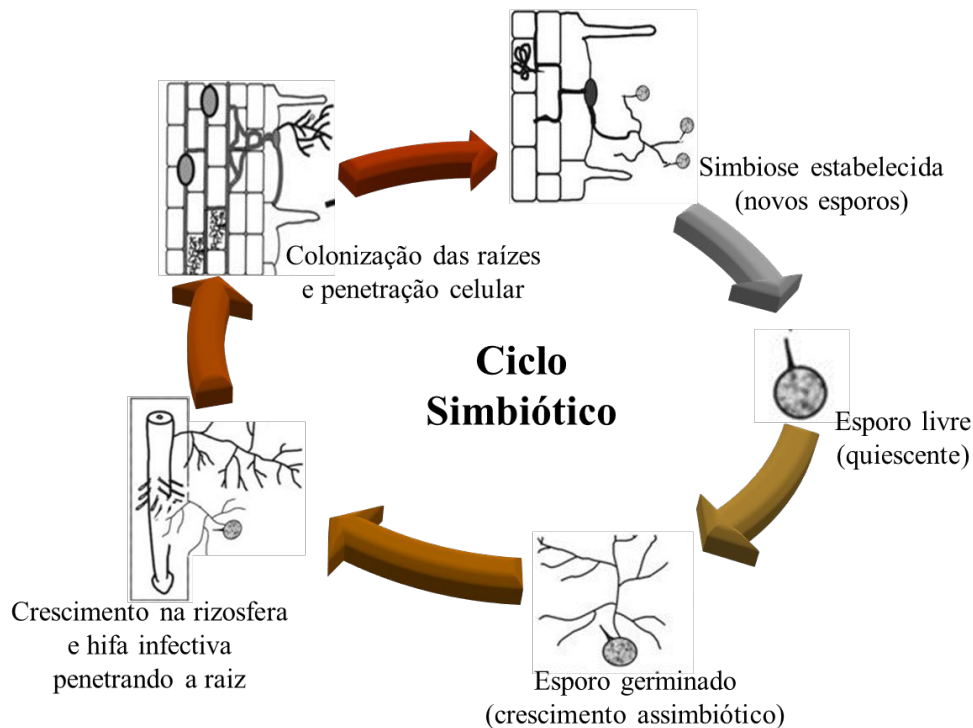
Na natureza, os fungos micorrízicos apresentam um ciclo simbiótico (SIQUEIRA; SOARES; SILVA, 2007), onde se pode distinguir várias fases na vida do fungo (Figura 2): **Fase assimbiótica**, caracterizada pela formação de esporos livres que podem permanecer viáveis por longo período; **Fase pré-simbiótica**, onde ocorre a germinação dos esporos com crescimento micelial abundante e desenvolvimento de hifas e apressório, estrutura pela qual penetram nas raízes susceptíveis à colonização; **Fase simbiótica**, onde se dá a formação das estruturas funcionais e desenvolvimento de uma matriz interfacial entre as paredes do fungo e do hospedeiro por meio da penetração da raiz e células do córtex, onde ocorre um grau de maturidade na associação do fungo com o hospedeiro; e **Esporulação**, que é a fase reprodutiva, final do ciclo do fungo, gerando esporos para início de um novo ciclo.

A simbiose nos FMAs, é bem complexa e muito sensível às interferências ambientais impostas pelos diferentes ecossistemas, tais como, estresse hídrico, temperatura, disponibilidade de nutriente, hospedeiro, entre outros (SIQUEIRA; SOARES; SILVA, 2007). De acordo com os autores, a colonização das raízes é um processo dinâmico, que tem início na superfície da raiz, com penetração resultante da combinação de pressão mecânica e degradação enzimática da parede celular vegetal, esse processo também é influenciado por alguns fatores, como condições físicas, químicas e biológicas do solo.

Diante da sua complexidade, ainda existem controvérsias quanto à capacidade ativa de transferir nutrientes para seu hospedeiro, e que a planta hospedeira, com seu fornecimento de carbono estimula esse transporte (BUCKING; KAFLE, 2015). Segundo os autores, os benefícios a respeito da absorção de nutrientes, ao crescimento e sobrevivência das plantas

são inquestionáveis, devido aos diferentes mecanismos e efeitos, podendo eles serem nutricionais e não-nutricionais, os quais possibilitam a diversificação no seu uso, seja para fins paisagísticos, uso agrícola e em programas com fins de recuperação de áreas degradadas.

Figura 2 - Ciclo simbiótico dos FMAs (fora de escala).



Fonte: modificado de Moreira e Siqueira (2006).

As micorrizas podem também contribuir com a maior tolerância pelas plantas a metais pesados presentes no solo, estresse hídrico e a microrganismos fitopatogênicos (GUO et al., 2013). Em contrapartida, as micorrizas são associações simbióticas, porém, nem sempre mutualistas. A dependência micorrízica de uma planta varia com a espécie de fungo inoculada.

Os fungos micorrízicos arbusculares constituem parte significativa da biomassa microbiana do solo e estão envolvidos diretamente em processos essenciais da interface solo-planta como a manutenção das características dos solos, pois estão relacionados a processos-chave que mantêm a estrutura e a fertilidade, como sua participação na decomposição da matéria orgânica (RODRIGUES; BARROSO; FIQUEIREDO, 2018).

Esses microrganismos apresentam benefícios tanto para o ambiente quanto para as plantas, pois permitem aumento ou manutenção da sustentabilidade de agro ecossistemas, seja

pela sua contribuição nos ciclos biogeoquímicos, seja pela formação do solo ou mesmo pelo aumento da absorção de nutrientes (MENDES; REIS JUNIOR, 2010).

As MAs aumentam a tolerância à baixa concentração de nutrientes e à seca, exercendo um papel biocontrolador, quando reduzem a severidade ou amenizam os danos causados por patógenos, estabilizando o solo e melhorando o crescimento e o desenvolvimento das plantas (SHUAB et al., 2018). Todos esses benefícios são importantes para a recuperação de áreas degradadas, sendo sua magnitude determinada por uma série de fatores do sistema ambiente-planta-microrganismo.

Além dessa importante função biocontroladora, o uso destes microrganismos também apresenta funções biorreguladoras e biofertilizantes que atuam na melhoria da absorção e utilização de nutrientes, melhoria na relação água-planta, promovem alterações bioquímicas e fisiológicas, auxilia no balanceamento da nutrição da planta através de mecanismos diversos, facilitando assim a revegetação ou reflorestamentos. Com o emprego e uso correto desses novos mecanismos, baseado no grau de dependência micorrízica da planta, da eficiência simbiótica dos fungos e de condições ambientais, as respostas à inoculação são extremamente variáveis (SIQUEIRA; SAGGIN, 1995; JOHNSON; GRAHAM; SMITH, 1997).

A relação que se estabelece entre micorrízica arbuscular e a planta hospedeira fornece benefícios mútuos. Estabelecer essa interação e manter este benefício pode afetar significativamente a homeostase celular, modulando a resposta de defesa do hospedeiro, bem como influenciando o desenvolvimento fisiológico e processos metabólicos do hospedeiro (KHODAVANDI; ALIZADEH, 2015).

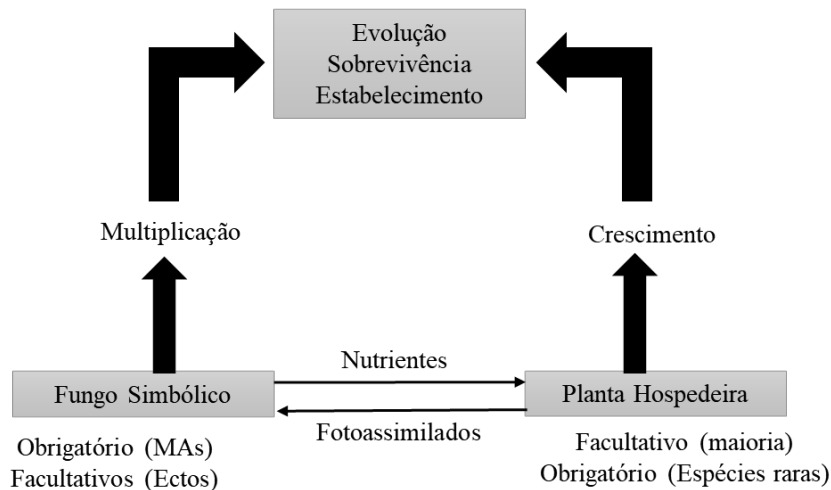
Diante dos diversos fatores benéficos que a utilização dos fungos micorrízicos arbusculares acarretam, muitos trabalhos estão sendo desenvolvidos para comprovação desses benefícios na melhoria no processo de produtivo de espécies florestais. Lin et al. (2015) realizaram uma meta-análise que concluiu que a inoculação de FMA em plantas individuais de uma comunidade (levantamento bibliográfico), melhora não só o crescimento, mas também a produtividade.

Resultado semelhante também foi relatado por Birhane et al. (2014), estudando os impactos dos fungos micorrízicos arbusculares nas interações competitivas entre mudas de *Acacia etbaica* Schweinf e *Boswellia papyrifera* (Del.) Hochst sob estresse hídrico, constatando que a inoculação melhora o crescimento dessas mudas. Também Huante et al. (2012), em seu experimento com *Swietenia humilis* Zucc., *Hintonia latiflora* Sesse & Moc. ex DC. Bullock, *Cordia alliodora* (Ruiz and Pav.) Oken, *Tabebuia donnell-smithii* Rose, *Ceiba*

pentandra (L.) Gaertn. e *Guazuma ulmifolia* Lam., mostraram que a inoculação com FMA tem um bom efeito no crescimento de mudas e mais significativamente em espécies de árvores de crescimento lento.

Essas relações mutualistas, vindas desde a antiguidade, proporcionaram os fungos a adquirir capacidade de regular não só a síntese enzimática como também a atividade de enzimas hidrolíticas que causam citólise e necroses das células do hospedeiro, tornando-se mutualista bem balanceado em termos fisiológicos com alta compatibilidade funcional (Figura 3), caracterizado pela formação de estrutura extra e intracelulares típicas (SIQUEIRA; SOARES; SILVA, 2007).

Figura 3 - Micorrizas, uma antiga e perfeita relação simbiótica entre fungos do solo e raízes: uma estratégia de sobrevivência e evolução da biota terrestre.



Fonte: Adaptado de Ceretta et al. (2007).

Entre as espécies catalogadas de FMAs, destaca-se a *Glomus etunicatum* Becker & Gerd., reclassificada como do gênero *Claroideglomus*, sendo denominada recentemente, *Claroideoglomus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler (MARINHO et al., 2018). Foi utilizada em diversos experimentos, destacando-se, e o de Camara et al. (2017), que estudaram a influência do substrato e inoculação micorrízica com *C. etunicatum* na produção de mudas de *Colubrina glandulosa* Perkins., e mais recentemente, Oliveira et al. (2020), avaliando o crescimento de *Kielmeyera rubriflora* Cambess inoculado com *C. etunicatum* em substratos de extração de ferro; o de Honorato et al. (2020), que avaliou a inoculação de *C. etunicatum* na produção de mudas de espécies nativas da caatinga.

É uma espécie muito complexa, devido à estrutura de parede de esporos inconstantes, com presença de paredes finas e hifas sutilmente frágeis. O *C. etunicatum* é provavelmente mundialmente difundido (BLASZKOWSKI, 1990).

Esse processo de colonização da planta começa com a sinalização entre parceiros simbióticos, seguida por adesão e a penetração do fungo na raiz córtex e subsequente desenvolvimento ramificado, estruturas conhecidas como arbúsculos, no interior das células corticais, ou seja, as espécies se beneficiam pelo aumento da capacidade absorptiva do micélio fúngico que, ao se associar às raízes, garante e amplia a função das raízes que é essencial à sua sobrevivência e evolução (KHODAVANDI; ALIZADEH, 2015).

Partindo desse ponto, os FMAs podem ter efeito positivo, uma vez que desempenham uma possível capacidade de aumentar a absorção de nutrientes, principalmente aqueles de baixa mobilidade no solo (NOGUEIRA; CARDOSO, 2000).

Diante disso, estudos avaliando os efeitos dos FMAs no crescimento das mudas de acácia (*Acacia mangium* Willd.), sesbânia (*Sesbania virgata* (Cav.) Pers.) e eucalipto (*Eucalyptus camaldulensis* Dehnh.), em casa-de-vegetação, comprovam a eficácia do uso destes fungos para otimizar o crescimento das espécies e aumentar a qualidade das mudas (SCHIAVO; MARTINS; RODRIGUES, 2010).

Neste contexto, Brito et al. (2017) comprovaram a eficiência do uso desses microrganismos no crescimento de mudas de paricá - *Schizolobium parahyba* var. *amazonicum* (Huber ex Ducke) Barneby; constataram que a colonização micorrízica arbuscular, juntamente com dose de fósforo, influencia o crescimento de mudas de guanadi - *Calophyllum brasiliense* Camb; Porto et al. (2020), observaram o crescimento inicial e nutrição (absorção de P, Mg, Mn e Zn) de *Parkia platycephala* Benth., sob estresse hídrico, foram favorecidos pela utilização de fungos micorrízicos arbusculares.

Machineski et al. (2009), avaliando o crescimento de mudas de *Aspidosperma polyneuron* M. Arg. em resposta à inoculação com fungos micorrízicos arbusculares verificaram que as mudas apresentaram maior crescimento, indicando o potencial da inoculação desses fungos na produção de mudas. Do mesmo modo, Coelho et al. (2012), estudando o uso de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) na promoção do crescimento de mudas de *Annona squamosa* L. afirmaram que a micorrização pode ser alternativa para produção de mudas de pinheira, dispensando a fertilização.

Os principais benefícios da associação micorrízica nas espécies vegetais ocorrem pelo aumento da capacidade de absorção e utilização de nutrientes pelas hifas, especialmente os de

baixa mobilidade (RAMOS et al., 2012). Porém, para uma mesma espécie vegetal, a resposta pode variar dependendo do fungo a ela associado e também pela ação conjunta de alguns fatores como, compatibilidade genética entre planta e fungo, condições edafoclimáticas, densidade de inóculo de FMA, pH do solo, tipo de solo, entre outros, em decorrência desses fatores, tem-se a importância de se avaliar materiais genéticos (RODRIGUES; BARROSO; FIQUEIREDO, 2018).

Entretanto, ao avaliar o efeito de fungos micorrízicos arbusculares e da adubação no crescimento de mudas de *Eugenia uniflora* L., produzidas em diferentes substratos, Dalanhol et al. (2016) concluíram que a inoculação com FMAs não influenciou no crescimento das mudas, indicando a importância de se avaliar espécies e materiais genéticos diferentes, pois o comportamento simbiótico do fungo pode variar entre e dentro de uma mesma espécie.

Conforme Frater et al. (2018), a associação planta-micorriza depende de diversos fatores, incluindo disponibilidade de água e nutrientes do solo, condições edafoclimáticas, temperatura e pH do solo. Esses mesmos autores afirmam que o pH parece afetar níveis de esporulação dos FMAs com colonização máxima ocorrendo em solos com pH mais neutro, mas nem sempre são claras como as condições ambientais impactam os FMAs.

Diante disso, a fase de produção de mudas pode ser considerada a melhor fase para a inoculação, pois, ela provê os benefícios da micorriza na fase em que a planta se apresenta mais vulnerável. Os substratos utilizados para produção de mudas apresentam, em geral, baixa diversidade e número de propágulos, mas sua utilização favorece o crescimento e a nutrição, reduzindo, assim, o tempo de permanência das mudas no viveiro, aumentando a taxa de estabelecimento e sobrevivência na fase de transplante e torna as mudas mais tolerantes às condições em campo (SOUZA; SCHLEMPER; STURMER, 2017). Contudo, os autores salientam que a inoculação pode ser feita em qualquer fase do desenvolvimento da cultura sendo, porém, mais fácil e eficiente na fase de plantio, em que as primeiras raízes são formadas.

3. REFERÊNCIAS

ALFARO-SOLÍS, J. D. et al. Acrocomia aculeata fruits from three regions in Costa Rica: an assessment of biometric parameters, oil content and oil fatty acid composition to evaluate industrial potential. **Agroforestry Systems**, v. 94, n. 5, p. 1913-1927, 2020.

ARAÚJO, M. J. et al. Effect of replacing ground corn with *Parkia platycephala* pod meal on the performance of lactating Anglo-Nubian goats. **Animal Feed Science and Technology**, v. 258, p. 114313, 2019.

ARAÚJO, P. C. et al. Biometria de frutos e sementes de *Operculina macrocarpa* (L.) Urban ocorrente no semiárido Norte-rio-grandense. **Scientia Plena**, v. 8, n. 4, 2012.

BARRETTO, S. S. B.; FERREIRA, R. A. Aspectos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas de Leguminosae Mimosoideae: *Anadenanthera colubrina* (Vellozo) Brenan e *Enterolobium contortisiliquum* (Vellozo) MORONG. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 2, p. 223-232, 2011.

BATISTA, I. L. et al. Effects of *Parkia platycephala* on feeding behavior, rumen health, blood markers, and physiological responses of lactating goats. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 49, 2020.

BEZERRA, A. C. et al. Biometria de sementes de *Erythrina velutina* Willd. proveniente de diferentes matrizes do Semiárido paraibano. **Cadernos de Agroecologia**, v. 15, n. 2, p. 2-6, 2020.

BIRHANE, E. et al. Arbuscular mycorrhizal impacts on competitive interactions between *Acacia etbaica* and *Boswellia papyrifera* seedlings under drought stress. **Journal of Plant Ecology**, v. 7, n. 3, p. 298-308, 2014.

BIRUEL, R. P.; PAULA, R. C.; AGUIAR, I. B. Germinação de sementes de *Caesalpinia leiostachya* (Benth.) Ducke (Pau-Ferro) classificadas pelo tamanho e pela forma. **Revista Árvore**, v. 34, n. 2, p. 197-204, 2010.

BŁASZKOWSKI, J. Polish Endogonaceae 2. *Acaulospora rugosa*, *Glomus aggregatum*, *Glomus etunicatum*, *Glomus fasciculatum* and *Glomus occultum*. **Karstenia**, v. 30, n. 1, p. 1-13, 1990.

BRITO, V. N. et al. Fungos micorrízicos arbusculares e adubação fosfatada na produção de mudas de paricá. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 2, p. 485-497, 2017.

BRUNDRETT, M. Mycorrhizas in Natural Ecosystems. **Advances in Ecological Research**, v. 21, p. 171-313, 1991.

BUCKING, H.; KAFLE, A. Role of arbuscular mycorrhizal fungi in the nitrogen uptake of plants: Current knowledge and research gaps. **Agronomy**, v. 5, n. 4, p. 587-612, 2015.

CABRAL, E. S. **Desempenho de três espécies arbóreas nativas de cerrado introduzidas em uma área antropizada no município de Porto Nacional**. Dissertação (Mestrado em

Ecologia de Ecótonos) - Ecologia de Ecótonos da Universidade Federal do Tocantins, Porto Nacional, p. 46. 2017.

CAMARA, R. et al. Influência do substrato e inoculação micorrízica na produção de mudas de *Colubrina glandulosa* Perkins. **Floresta**, v. 47, n. 4, p. 449-458, 2017.

CARVALHO, A. D. F. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas LGN 5799 – Seminários em Genética e Melhoramento de Plantas. p. 83-84, 1997.

CARDOSO, C. R. et al. Definição de área de coleta de sementes de *Parkia platycephala* com variabilidade genética adequada à restauração florestal. *In*: CARDOSO, C. R. et al. **Pesquisas agrárias e ambientais [livro eletrônico]: volume IV**. Pesquisas agrárias e ambientais: Pantanal, 2021, p. 101-121.

CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. Sementes: ciência tecnologia e produção. 5.ed. Jaboticabal: FUNEP, 2012. 590p.

CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2000. 588p.

COSTA, F. O.; CHAVES, S. R.; SANTOS, R. R.; SILVA, A. L. G. Biologia reprodutiva de *Parkia platycephala* Benth. (Fabaceae - Mimosoideae). *In*: CONGRESSO NACIONAL DE BOTÂNICA BOTÂNICA E DESENVOLVIMENTO SUSTENTÁVEL, 62., 2011. Fortaleza. **Anais [...]** Fortaleza: UECE. 2011.

COELHO, I. R. et al. Uso de fungos micorrízicos arbusculares (FMA) na promoção do crescimento de mudas de pinheira (*Annona squamosa* L., Annonaceae). **Acta Botânica**, v. 26, n. 4, p. 933-937, 2012.

COSTA, R. B. et al. Avaliação genética em progênies de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. na região do Pantanal, estado do Mato Grosso. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 4, p. 685-693, 2011.

DALANHOL, S. J. et al. Efeito de fungos micorrízicos arbusculares e da adubação no crescimento de mudas de *Eugenia uniflora* L., produzidas em diferentes substratos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 38, n. 1, p. 117-128, 2016.

DINIZ, F. O. et al. Biometria e morfologia da semente e plântula de oiticica. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 10, n. 2, p. 183-187, 2015.

DUTRA, F. V. et al. Biometric parameters of fruits and seeds of *Sesbania virgata* (cav.) Pers. **Scientific Electronic Archives**, v. 12, n. 5, p. 51, 2019.

ENGEL, M. L. et al. Ganhos genéticos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus macarthurii* em diferentes ambientes. **Cerne**, v. 22, n. 3, p. 299-308, 2016.

FARIA, R. A. P. G.; ALBUQUERQUE, M. C. D. F. E.; COELHO, M. F. B. Tamanho da semente e sombreamento no desenvolvimento inicial de *Brosimum gaudichaudii* Trécul. **Revista Caatinga**, v. 26, n. 1, p. 9-15, 2013.

FERREIRA, R. A.; BARRETTO, S. S. B. Caracterização morfológica de frutos, sementes, plântulas e mudas de pau-brasil (*Caesalpinia echinata* Lamarck). **Revista Árvore**, v. 39, n. 3, p. 505-512, 2015.

FRATER, PAUL N. et al. Nutrients and environment influence arbuscular mycorrhizal colonization both independently and interactively in *Schizachyrium scoparium*. **Plant and soil**, v. 425, n. 1, p. 493-506, 2018.

FREITAS, V. L. O.; VIEGAS, F. P.; LOPES, R. D. M. F. Biometria de frutos e sementes, germinação e desenvolvimento inicial de barbatimão (*Stryphnodendron adstringens*). **Floresta**, v. 44, n. 1, p. 21-32, 2014.

GOMES, F. F. C. et al. Caracterização de frutos e sementes de *Dulacia candida* (Poepp.) Kuntze (Olacaceae), no Médio Teles Pires, Mato Grosso. **Revista de Ciências Agroambientais**, v. 17, n. 2, p. 71-78, 2019.

GONÇALVES, L. G. V. et al. Biometria de frutos e sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em vegetação natural na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 31-40, 2013.

GUO, W. et al. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on maize (*Zea mays* L.) and sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) grown in rare earth elements of mine tailings. **Applied Soil Ecology**, v. 72, p. 85-92, 2013.

HONORATO, A. C. et al. Mycorrhizal inoculation on the production of seedlings of native caatinga species. **Floresta e Ambiente**, v. 27, n. 2, 2020.

HUANTE, P. et al. The role of arbuscular mycorrhizal fungi on the early-stage restoration of seasonally dry tropical forest in Chamela, Mexico. **Revista Árvore**, v. 36, n. 2, p. 279-289, 2012.

IWANO, M.; TAKAYAMA, S. Self/non-self discrimination in angiosperm self-incompatibility. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 15, n. 1, p. 78-83, 2012.

IBG, The International Bank for the *Glomeromycota*. Introduction: arbuscular mycorrhiza. aug., 2016. Disponível em: <<http://www.i-beg.eu>>. Acesso em: 27 dez. 2020.

JAISANKAR, I. et al. Genetic variability and divergence studies in pod and seed traits of *Pongamia pinnata* (L.) Pierre., accessions in Bay Islands. **Journal of Forestry Research**, v. 25, n. 2, p. 351-358, 2014.

JOHNSON, N. C.; GRAHAM, J. H.; SMITH, F. A. Functioning of mycorrhizal associations along the mutualism-parasitism continuum. **The New Phytologist**, v. 135, n. 4, p. 575-585, 1997.

KHODAVANDI, A.; ALIZADEH, F. Gene expression profiling of fatty acid biosynthetic pathway during interaction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) with the mutualistic fungus *Glomus etunicatum*. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 37, n. 11, p. 1-9, 2015.

LIN, G.; MCCORMACK, M. L.; GUO, D. Arbuscular mycorrhizal fungal effects on plant competition and community structure. **Journal of Ecology**, v. 103, n. 5, p. 1224-1232, 2015.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 4. ed. São Paulo: Instituto Plantarum, 2013.

MACHINESKI, O. et al. Crescimento de mudas de peroba rosa em resposta à inoculação com fungos micorrízicos arbusculares. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 567-570, 2009.

MARINHO, F. et al. Checklist of arbuscular mycorrhizal fungi in tropical forests. **Sydowia**, v. 70, p. 107-127, 2018.

MAVUSO, C. et al. Genetic diversity analysis of *Jatropha curcas* L. accessions cultivated in Taiwan using inter simple sequence repeats (ISSR) markers. **Agroforestry Systems**, v. 90, n. 3, p. 417-431, 2016.

MENDES, I. C.; REIS JUNIOR, F. B. Microrganismos do solo e sustentabilidade dos agroecossistemas. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2010. Disponível em: <<http://www.cpac.embrapa.br/noticias/artigosmidia/publicados/188/>>. Acesso em: 20 agosto 2019.

MOTA, P. E. S. et al. Perdas e características fermentativas da silagem de capim-elefante com diferentes aditivos. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 11, n. 1, p. 126-130, 2015.

MUNTHALI, C. R. Y.; CHIRWA, P. W.; AKINNIFESI, F. K. Phenotypic variation in fruit and seed morphology of *Adansonia digitata* L. (baobab) in five selected wild populations in Malawi. **Agroforestry Systems**, v. 85, n. 2, p. 279-290, 2012.

NOGUEIRA, M. A.; CARDOSO, E. J. B. N. Produção de micélio externo por fungos micorrízicos arbusculares e crescimento da soja em função de doses de fósforo. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 24, n. 2, p. 329-338, 2000.

NYOKA, B. I. et al. Variation in growth and fruit yield of populations of *Sclerocarya birrea* (A. Rich.) Hochst. **Agroforestry Systems**, v. 89, n. 3, p. 397-407, 2015.

NUNES, G. L. et al. Crescimento de *Parkia platycephala* Benth em arranjos espaciais aos 14 meses após plantio no campo. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v. 15, n. 3, p. 208-212, 2019.

OLIVEI, L. R. et al. Growth of *Kielmeyera rubriflora* inoculated with arbuscular mycorrhizal fungi on iron mining substrates. **Floresta**, v. 50, n. 1, p. 915-922, 2020.

OLIVEIRA, L. C.; HOPKINS, M. *Parkia* in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB83548>>. Acesso em: 27 dez. 2020.

PEREIRA, P. C. et al. Influência do tamanho de sementes na qualidade de mudas de tamarindeiro. **Bioscience Journal**, v. 24, n. 4, p. 73-79, 2008.

PILON, N. A. L.; UDULUTSCH, R. G.; DURIGAN, G. Padrões fenológicos de 111 espécies de Cerrado em condições de cultivo. **Hoehnea**, v. 42, n. 3, p. 425-443, 2015.

PORTO, D. L. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi on the initial growth and nutrition of *Parkia platycephala* Benth. Under water stress. **Cerne**, v. 26, n. 1, p. 66-74, 2020.

RAMOS, M. L. G. et al. Diversidade de fungos micorrízicos e colonização radicular, em forrageiras solteiras e em consórcio com milho. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 2, p. 235-244, 2012.

RAYNER, M. C. Mycorrhiza. An account of non-pathogenic infection by fungi in vascular plants and Bryophytes. **New Phytologist**, n. 15, p. 246, 1927.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos** Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2007.

RODRIGUES, L. A.; BARROSO, D. G.; FIQUEIREDO, F. A. M. M. A. Fungos micorrízicos arbusculares no crescimento e na nutrição mineral de mudas de *Tectona grandis* L. F. **Ciencia Florestal**, v. 28, n. 1, p. 25-34, 2018.

SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 5, p. 625-636, 2002.

SANTANA, S. H.; TORRES, S. B.; BENEDITO, C. P. Biometria de frutos e sementes e germinação de melão-de-são-caetano. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 15, n. 2, p. 169-175, 2013.

SANTOS, J. C. et al. Análise biométrica multidimensional com tratamentos pré-germinativos em sementes e caracterização morfológica de plântulas de *Mimosa bimucronata* (De Candolle) Otto Kuntze. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 2, p. 131-140, 2019.

SCHIAVO, J. A.; MARTINS, M. A.; RODRIGUES, L. A. Crescimento de mudas de *Acacia mangium*, *Sesbania virgata* e *Eucalyptus camaldulensis*, inoculadas com fungos micorrízicos, em casa-de-vegetação e em cava-de-extração de argila. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 1, p. 171-178, 2010.

SHUAB, R. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi: A potential tool for restoration of degraded land. In: **Mycorrhiza - Nutrient Uptake, Biocontrol, Ecorestoration**. Fourth Edition, p. 415-434, 2018.

SILVA, D. Y. B. O. **Variabilidade genética de teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.** Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu, p. 87. 2020.

SILVA, G. L. et al. Biometria e emergência de *Amburana cearensis* (Allemão) A.C. Smith em função da coloração do fruto. **Ciencia Florestal**, v. 23, n. 4, p. 635-642, 2013.

SILVA, R B. et al. Germinação e vigor de plântulas de *Parkia platycephala* Benth. em diferentes substratos e temperaturas. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 48, p. 142-150, 2017.

SIQUEIRA, J. O.; SAGGIN-JÚNIOR, O. J. The importance of mycorrhizae association in natural low-fertility soils. In: MACHADO, A. T.; MAGNAVACA, R.; PANDEY, S.; SILVA, A. F., eds. SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE ESTRESSE AMBIENTAL: O milho em perspectiva. Sete Lagos, Embrapa, 1995. p. 240-280.

SIQUEIRA, J. O.; SOARES, C. R. F. S.; SILVA, C. A. Materia orgânica em solos de áreas degradadas. Capítulo do Livro "Fundamentos da matéria orgânica do solo", 2 ed. 2007.

SOBRINHO, S. P. et al. Caracterização física de frutos e sementes de *Lafoensia pacari*, *Alibertia edulis* e *Genipa americana*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 2, p. 382-389, 2017.

SOUZA, F. A.; SCHLEMPER, T. R.; STURMER, S. L. A importância da tecnologia de inoculação de fungos micorrízicos para a sustentabilidade na olericultura. In: **Sustentabilidade e horticultura no Brasil: da retórica à prática**, 2017. p. 223-251, 2017.

SPERANDIO, H. V.; LOPES, J. C.; MATHEUS, M. T. Superação de dormência em sementes de *Mimosa setosa* Benth. **Comunicata Scientiae**, v. 4, n. 4, p. 385-390, 2013.

SUGAI, M. A. A.; COLLIER, L. S.; SAGGIN-JÚNIOR, O. J. Inoculação micorrízica no crescimento de mudas de angico em solo de cerrado. **Bragantia**, v. 70, n. 2, p. 416-423, 2011.

YOKOMIZO, G. K. I. et al. Parameter estimates for genetic characters of assai palm trees fruits in amapá state. **Ciencia Florestal**, v. 26, n. 3, p. 985-993, 2016.

WRI Brasil. Disponível online: <https://wribrasil.org.br/pt/o-que-fazemos/florestas>. (acesso em 20 julho de 2021).

CAPÍTULO I

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE PROGÊNIES E POPULAÇÕES DE *Parkia platycephala*
Benth. POR MEIO DA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS E
SEMENTES**

RESUMO: A variabilidade genética entre caracteres morfométricos de frutos e sementes de espécies nativas podem contribuir e muito para estudos de divergência entre e dentro de populações favorecendo programas de melhoramento genético, bem como, auxiliando na definição de áreas e estratégias para coleta de sementes, com fins de restauração florestal e conservação genética das espécies. Partindo desse princípio, objetivou-se avaliar a divergência genética entre e dentro de populações de *P. platycephala*, por meio dos caracteres morfométricos de frutos e sementes, buscando responder à seguinte hipótese: os materiais genéticos apresentam divergência genética entre e dentro de populações, em relação à biometria de frutos e sementes e número de sementes por fruto. Para tal, foi realizada a caracterização morfométrica (tamanho, largura e espessura dos frutos e sementes) e contagem do número de sementes por fruto de 10 progênies oriundas de duas populações (separadas quanto à distância e facilidade de acesso), localizadas no município de Bom Jesus - PI. Foram selecionados, aleatoriamente, 100 frutos de cada progênie, extraídas as sementes e contabilizado o número de sementes por fruto. Em seguida, foi realizada a mistura das sementes retiradas dos frutos e foram tomadas amostras de 100 sementes de cada progênie para biometria, com auxílio de um paquímetro digital e fita métrica em milímetros. Os dados morfométricos de frutos e sementes foram utilizados para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância, a partir da metodologia de modelos mistos, em um delineamento inteiramente casualizado, teste de 10 genótipos não aparentados, 100 plantas por parcela, com a inserção de efeitos de duas procedências no local dos efeitos de parcelas. A análise de divergência genética indicou que existe similaridade entre as populações e dissimilaridade entre as progênies, com maior contribuição da variável número de sementes por fruto, promovendo a formação de grupos de progênies distintos com destaque para o grupo 3, representado pela progênie 1, com características de espessura dos frutos e sementes e número de sementes por fruto mais divergentes dos demais genótipos. As progênies de *P. platycephala* apresentaram divergência genética por meio da caracterização morfológica dos frutos e sementes e número de sementes por fruto.

Palavras-chave: Morfologia de frutos e sementes, espécie nativa, biometria, fava de bolota.

ABSTRACT: The genetic variability between morphometric characters of fruits and seeds of native species can greatly contribute to studies of divergence between and within populations, favoring genetic improvement programs, as well as helping to define areas and strategies for collecting seeds, with the purpose of forest restoration and genetic conservation of species. Based on this principle, the objective was to evaluate the genetic divergence between and within populations of *P. platycephala*, through the morphometric characters of fruits and seeds, seeking to answer the following hypothesis: genetic materials present genetic divergence between and within populations, in relation to the biometrics of fruits and seeds and number of seeds per fruit. To this end, morphometric characterization (size, width and thickness of fruits and seeds) and counting the number of seeds per fruit of 10 progenies from two populations (separated in terms of distance and ease of access), located in the municipality of Bom Jesus – PI, were performed, one hundred fruits of each progeny were randomly selected, the seeds were extracted and the number of seeds per fruit was counted. Then, the mixture of seeds removed from the fruits was carried out and samples of 100 seeds of each progeny were taken for biometrics, with the aid of a digital caliper and measuring tape in millimeters. The morphometric data of fruits and seeds were used to extract the genotypic values and variance components, from the mixed model methodology, in a completely randomized design, test of 10 unrelated genotypes, 100 plants per plot, with the insertion of effects of two provenances in place of the effects of parcels. The analysis of genetic divergence indicated that there is similarity between populations and dissimilarity between progenies, with greater contribution from the variable number of seeds per fruit, promoting the formation of distinct progeny groups, with emphasis on group 3, represented by progeny 1, with characteristics of fruit and seed thickness and number of seeds per fruit more divergent from the other genotypes. The progenies of *P. platycephala* showed genetic divergence through the morphological characterization of fruits and seeds and number of seeds per fruit.

Keywords: Fruit and seed morphology, native species, biometrics, acorn bean.

1. INTRODUÇÃO

Parkia platycephala Benth., popularmente conhecida como fava de bolota ou faveira, de ocorrência natural no Norte e Nordeste do Brasil, em áreas de transição entre o Cerrado ou Mata Atlântica e a Caatinga (SANTOS et al., 2019), é uma leguminosa, da família Fabaceae, cujos frutos são do tipo vagens oblongas, indeiscentes, contendo as sementes dispostas em duas séries. Sua madeira é utilizada para diversos fins, variando desde a fabricação de caixas a placas internas para decoração de interiores (SANTOS et al., 2019), como também para uso potencial na integração de sistemas agrícolas, florestais e pastoris, devido a sua plasticidade e rápido crescimento (ALVES et al., 2007), bem como a utilização dos seus frutos como fonte de alimento para ruminantes (MIRANDA, 2017; ARAÚJO et al., 2019)

A espécie possui mecanismo de autoincompatibilidade como uma estratégia para prevenir a consanguinidade e, assim, promover cruzamento, em vista disso, apresenta esse mecanismo responsável por favorecer a alogamia e a diversidade genética diminuindo assim as chances de autocruzamento (CHAVES et al., 2020). Possui flores hermafroditas e funcionalmente masculinas, seu agente polinizador efetivo é o morcego (fluxo gênico a longa distância) (CHAVES et al., 2020) e síndrome de dispersão autocórica (dispersão a curta distância) (PILON et al., 2015), fatores que, conjuntamente, podem contribuir com a divergência genética entre e dentro de populações da espécie.

Por serem caracterizadas variáveis de fácil obtenção, a espessura, largura e comprimento dos frutos e sementes, bem como o número de sementes presentes em cada fruto, são informações que podem fornecer uma base de dados de extrema relevância em relação à divergência genética entre os indivíduos e, a partir desses, obter informações necessárias e eficazes para assegurar estratégias de seleção dos melhores indivíduos de acordo com a finalidade proposta, no caso desse estudo, selecionar indivíduos com maiores divergências genéticas para posterior emprego dessas informações em programas de melhoramento genético da espécie.

Diante dessa facilidade, alguns pesquisadores já relataram importância desses estudos morfométricos como uma ferramenta fundamental para a compreensão e descrição da divergência genética entre genótipos de algumas espécies como a *Mauritia flexuosa* L. (BISPO et al., 2020), *Bertholletia excelsa* Bonpl., *Lechytidaceae* (ROELIS et al., 2019), *Copernicia prunifera* (Miller) H. E. Moore (SILVA et al., 2017), e *Passiflora edulis* Sims (RODRIGUES et al., 2017).

A divergência genética, comumente encontradas entre e dentro das populações, podem estar ligadas a fatores como dispersão de pólen e sementes, deriva genética, fluxo de alelos, faixas de distribuição geográfica e mutações silenciosas, que dão origem a significativas alterações fisiológicas e/ou morfológicas das populações (SOUZA; LOVATO, 2010). Tais fatores podem explicar as variações morfológicas, como comprimento, largura e espessura de frutos e sementes (SINGH; SOFI, 2012).

Mediante a sua utilidade, informações disponíveis na literatura sobre as características morfológicas de frutos e sementes de espécies nativas são vastas, porém, para a espécie *Parkia platycephala* ainda são incipientes, comparado ao elevado número de espécies nativas e à importância florestal e ecológica das mesmas (SOARES et al., 2017).

Embora a Regra para Análise de Sementes (RAS) ainda não tenha incorporado informações a respeito dessas características, sobretudo de espécies florestais nativas brasileiras, torna-se indispensável investir nos estudos dessas espécies. As Instruções para Análise de Sementes de Espécies Florestais (BRASIL, 2013) apresentam informações a respeito dessas características morfométricas para algumas espécies florestais, como *Pinus*, *Eucalyptus*, *Astronium urundeuva*, *Alchornea triolinervia*, entre outros.

Com isso, a obtenção dessas variáveis para caracterização genética populacional é crucial, pois, orientará a implantação de um programa de melhoramento genético com a espécie e/ou estratégias de conservação que permitem uma seleção adequada de frutos e sementes com características favoráveis à propagação sexuada (CORRÊA; SILVA; MARIGUELE, 2020).

Na busca por estratégias mais efetivas de conservação e fundar bases para subsidiar programas de melhoramento genético, é fundamental obter informações quanto às características morfométricas que podem fornecer inferências sobre a divergência genética dentro e entre indivíduos. Além disso, nos próximos anos, pode haver um incremento na demanda por sementes florestais com qualidade genética, devido às obrigações com a restauração ecológica e cumprimento da legislação ambiental (PUPIN et al., 2017).

Cardoso et al. (2021) afirmam que os projetos de restauração florestal requerem sementes como insumo básico, porém, a carência de sementes nativas de alta qualidade, que promovam a biodiversidade, é uma realidade mundial, apontada como um dos principais gargalos da restauração, para tal, a obtenção desses materiais genéticos com qualidade é de extrema importância para que as metas de restauração do País, e os compromissos internacionais assumidos sejam atingidos.

Ações que visam a restauração em larga escala requerem o desenvolvimento de um mercado de sementes nativas bem estabelecido, com base em diversas espécies e padrões de alta qualidade (URZEDO et al., 2020). Estes mesmos autores afirmam, que há uma necessidade de 3,6 a 15,6 mil toneladas de sementes nativas para atingir a meta de restauração do Brasil até 2030, dependendo da participação de cada método a ser adotado.

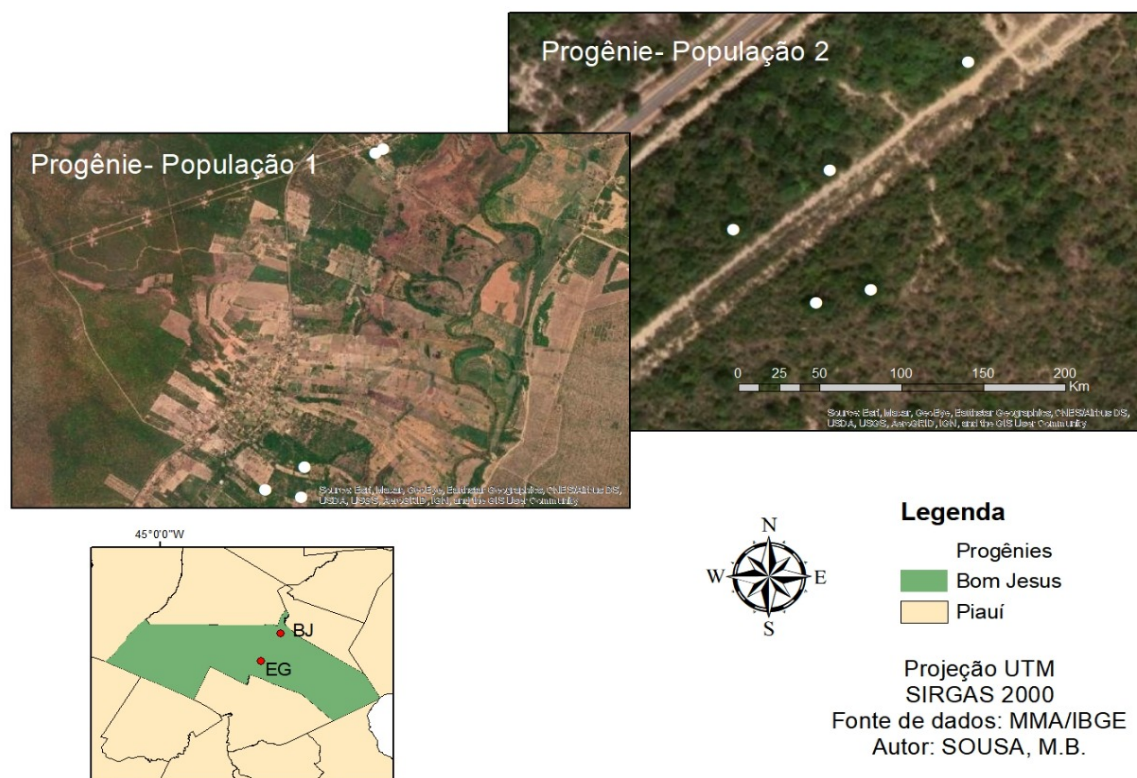
Diante do exposto, objetivou-se avaliar a divergência genética entre e dentro de populações de *P. platycephala*, a partir de caracteres morfométricos de frutos e sementes, buscando responder à seguinte hipótese: os materiais genéticos apresentam divergência genética entre e dentro de populações, em relação à biometria de frutos e sementes e número de sementes por fruto.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Seleção de árvores matrizes e obtenção de frutos e sementes

Para obtenção dos frutos e sementes de *P. platycephala*, foram selecionadas 10 progênies (sendo cinco em cada população), distanciadas, no mínimo, 100 metros entre si, em duas populações (Eugenópolis e Bom Jesus) escolhidas quanto a distância e facilidade de acesso, com 22 Km de distância entre uma população e outra, localizadas em áreas de vegetação de transição Caatinga-Cerrado, no município de Bom Jesus - PI (Figura 4).

Figura 4 - Localização das progênies oriundas de matrizes pré-selecionadas e áreas de coleta de sementes de *Parkia platycephala* Benth. População 1: EG – Eugenópolis e População 2: BJ – Bom Jesus, no estado do Piauí.



Fonte: (SOUSA, 2021)

As matrizes foram selecionadas e georreferenciadas e acompanhadas periodicamente para determinação do momento da colheita dos frutos, por meio da avaliação da coloração dos frutos (Tabela 1). Os frutos e sementes foram coletados maduros diretamente na árvore com auxílio de um podão.

Tabela 1 - Localização geográfica das progênies oriundas de matrizes pré selecionadas e informações de coleta de frutos e sementes de *Parkia platycephala* Benth. (Fava de bolota).

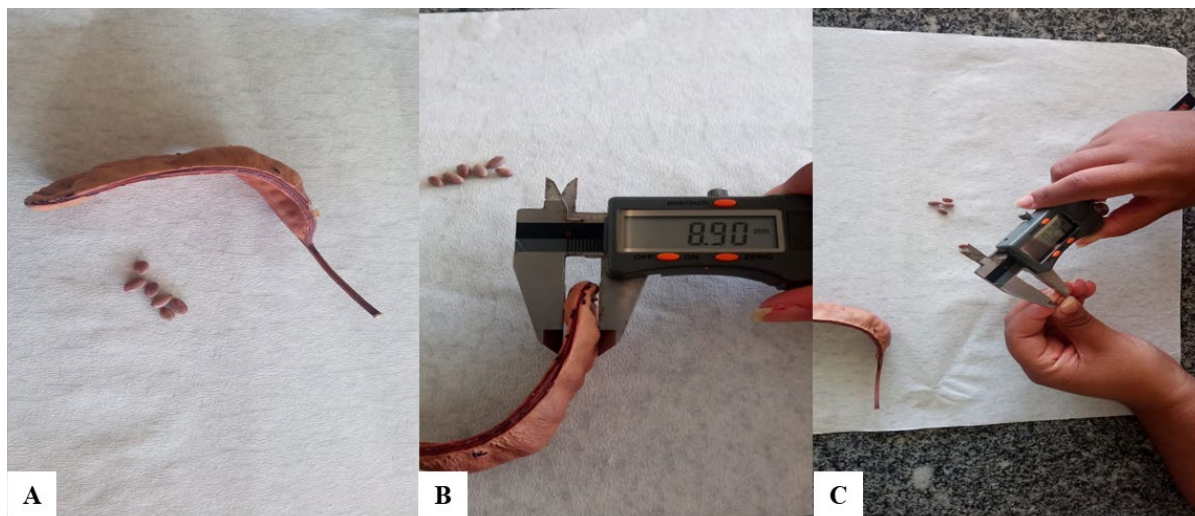
Progênies/nº	Coordenadas		Nome do Coletor	Data da Coleta	Local da Coleta
	Latitude	Longitude			
EG 1	9° 13'13,5"	44°26'16,7"	Grupo de Pesquisa: Tecnologia, produção e fisiologia de sementes e mudas de espécies florestais – UFPI/CPCE	15/10/2015	População 1- Eugenópolis EG
EG 4	9° 11'37,4"	44°25'56,1"		02/10/2015	
EG 5	9°11'36,3"	44°25'54,0"			
EG 12	9°13'20,5"	44°26'28,3"			
EG 17	9°13'18,3"	44°26'20,2"		08/10/2015	
BJ 34	9°3'37,6"	44°18'58,1"	Grupo de Pesquisa: Tecnologia, produção e fisiologia de sementes e mudas de espécies florestais – UFPI/CPCE	31/10/2015	População 2- Bom Jesus BJ
BJ 36	9°3'40,3"	44°18'58,5"			
BJ 37	9°3'41"	44°18'57,1"			
BJ 41	9°3'48,5"	44°18'46,1"			
BJ 45	9°3'37,7"	44°18'53,1"			

Fonte: (SOUSA, 2021)

Logo após a coleta dos frutos em campo, estes foram acondicionados em sacos plásticos e levados ao Laboratório de Ecofisiologia e Sementes Florestais (LESF) da Universidade Federal do Piauí, *Campus* Professora Cinobelina Elvas (UFPI-CPCE), Bom Jesus – PI, para ser realizado o processo de extração e beneficiamento das sementes.

Inicialmente, foram selecionados, aleatoriamente, 100 frutos de cada progênie, dos quais foram extraídas as sementes e contabilizado o número de sementes por fruto. Posteriormente, foi realizada a mistura das sementes procedentes dos frutos e foram tomadas amostras de 100 sementes de cada progênie, para realizar o estudo biométrico das mesmas (comprimento, largura e espessura) com auxílio de um paquímetro (com precisão de 0,01 mm) e fita métrica graduada em milímetros (Figura 5).

Figura 5 - Biometria de frutos e sementes e determinação do número de sementes por fruto das progênies de *Parkia platycephala* Benth. A – Contagem do número de sementes por fruto. B – Mensuração dos frutos em mm. C – Mensuração das sementes em mm.



Fonte: (SOUSA, 2021)

2.2 Análises genéticas

Os dados referentes às características morfológicas dos frutos e sementes (largura, espessura, comprimento e número de sementes por fruto) foram utilizados para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância, por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), em que foi considerado o modelo 81, em um delineamento inteiramente ao acaso, teste de genótipos não aparentados (10 progênies), várias plantas (100 sementes) por parcela, com a inserção de efeitos de procedências (duas procedências) no local dos efeitos de parcelas, sendo:

$$y = Xu + Zg + Wp + e$$

em que: y é o vetor de dados, u é o efeito da média geral (fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), p é o vetor dos efeitos de procedências (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X , Z , W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (u , g , p). O vetor p contempla todas as parcelas de todos os locais. É essencial que as parcelas sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xu \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2}{c_p^2}$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos}$$

genotípicos totais;

$$c_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} = \text{coeficiente de determinação dos efeitos de procedências;}$$

$$\sigma_g^2 = \text{variância genotípica;}$$

$$\sigma_p^2 = \text{variância genotípica entre procedências;}$$

$$\sigma_e^2 = \text{variância residual;}$$

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{u}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{p}' W'y]}{[N - r(x)]},$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}]}{q},$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{[\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}]}{s}, \text{ em que:}$$

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

C = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

$r(x)$ = posto da matriz X ; e

N , q , s = número total de dados, número de progênies e número de procedências, respectivamente.

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos são dados por $\mu + g$. Com os valores genotípicos, foi obtida a correlação genética de Pearson entre as variáveis analisadas e demais análises de divergência genética. Para a correlação genética de Pearson, foi considerada como significativa a correlação com $p < 0,05$ por meio do teste t considerando $n = 10$.

A significância dos efeitos aleatórios (g e p) foi obtida através da Análise de Deviance, por meio do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As deviances foram obtidas

conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos. Foi subtraída a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito, e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade a 5% de significância (3,84).

O índice de fixação entre populações/procedências (F_{ST}) foi calculado de acordo com a equação (WRIGHT, 1978):

$$F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + (2 \times \sigma_g^2)}$$

em que: F_{ST} é o índice de fixação entre populações/procedências, σ_p^2 é a variância genotípica entre procedências, e σ_g^2 é a variância genotípica.

Para o estudo da divergência genética, os valores genotípicos ($\mu + g$) das progênies para cada característica foram submetidos à análise de agrupamento pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média genética padronizada. Adotou-se o ponto de corte do eixo horizontal do dendrograma, com base nos resultados obtidos a partir do agrupamento Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014) de distância euclidiana média genética padronizada.

A análise de componentes principais genéticos e o método de Singh (1981) foram utilizados para determinação da importância das sete características no estudo da divergência genética entre as progênies. Para a apresentação gráfica *heatmap* da formação dos grupos, de acordo com as análises de agrupamento, foi realizada a padronização dos valores genotípicos para cada característica, com base na média das progênies inseridas em cada grupo, de acordo com a equação:

$$z = \frac{(x - \mu)}{\sigma}$$

em que: z é o valor genotípico padronizado; x é o valor genotípico individual; μ é a média genotípica das progênies de cada grupo; e σ é o desvio padrão amostral.

Para obtenção dos componentes de variância, valores genotípicos, correlações genéticas, análise de agrupamento genético (UPGMA e distância euclidiana genética), Tocher e componentes principais genético, foi utilizado o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). A contribuição relativa dos caracteres para divergência de Singh (1981) foi obtida pelo software Genes (CRUZ, 2013). A representação gráfica dos resultados foi

realizada via software R (R Core Team, 2020) e auxílio dos pacotes ggplot2 (WICKHAM, 2016), corrplot (WEI; SIMKO, 2017) e factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020). Isto, atendendo todos os testes de pressuposições.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de Deviance e estimativa de parâmetros genéticos

As estimativas dos caracteres tamanho do fruto, espessura do fruto, largura do fruto, tamanho da semente, espessura da semente, largura da semente e número de sementes por fruto das progênes de *Parkia platycephala* Benth., estão dispostos na Tabela 2.

Tabela 2 - Componentes de variância (CV) para os caracteres tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS), tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF) e número de sementes por fruto (NSF) de progênes de *Parkia platycephala* Benth.

CV	TS	ES	LS	TF	EF	LF	NSF
σ_g^2	0,08	0,05	0,05	2,16	1,34	0,26	10,71
σ_{popu}^2	0,01	0,01	0,04	0,01	0,01	0,03	0,05
σ_e^2	0,41	0,09	0,23	2,01	0,99	0,22	20,38
σ_f^2	0,48	0,13	0,30	4,18	2,32	0,50	31,14
h_g^2	0,14** ± 0,03	0,32** ± 0,05	0,15** ± 0,03	0,51** ± 0,06	0,57** ± 0,06	0,52** ± 0,06	0,34** ± 0,05
h_{popu}^2	0,15	0,34	0,18	0,52	0,58	0,56	0,35
c_{popu}^2	0,01 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,01 ^{ns}
CV _{gi} %	3,17	6,41	4,11	11,00	2,25	14,29	13,27
CV _e %	0,82	1,95	3,67	1,23	2,25	4,85	2,03
FST	0,01	0,04	0,28	0,01	0,01	0,06	0,01
r _{gg}	0,92	0,92	0,88	0,94	0,94	0,93	0,94
Média Geral	8,46	3,16	5,21	13,35	5,15	3,57	24,66

Variância genotípica (σ_g^2), variância genotípica entre populações (σ_{popu}^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (h_g^2), herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de populações (h_{popu}^2), coeficiente de determinação dos efeitos de populações (c_{popu}^2), acurácia genética (r_{gg}), coeficiente de variação genotípica (CV_{gi}%), coeficiente de variação residual (CV_e%), índice de fixação (FST), considerando p<0,05.

Fonte: (SOUSA, 2021)

Para as variáveis de tamanho, espessura e largura de sementes e número de sementes por fruto, as estimativas da variância genotípica (σ_g^2) foram inferiores às estimativas da variância residual (σ_e^2). Em contrapartida, para os caracteres dos frutos a variância genotípica

foi maior que a variância residual. Constata-se o mesmo comportamento, quando se observa os valores da variância fenotípica individual (σ_f^2), quando comparados aos valores da variância residual (σ_e^2) (Tabela 2). Estes resultados indicam baixa divergência genética entre as progênies, quando se avalia a biometria das sementes e o número de sementes por fruto, o que pode indicar que as características das sementes variam muito pouco entre progênies, quando comparadas às características dos frutos, sugerindo que as variações no tamanho e espessura e largura dos frutos de *P. platycephala* não são determinadas pelas características biométricas das sementes.

As características externas das sementes são pouco modificadas pelo ambiente, constituindo assim, um fator bastante favorável para a identificação de espécies, entendimento da sucessão e regeneração em ecossistemas florestais, visto que, as diferentes espécies apresentam variação de tamanho, espessura, largura de suas sementes (COSTA et al., 2006).

Quanto à variação genotípica entre populações (σ_{popu}^2), que expressa a quantidade de variação genética (componentes genéticos aditivos e não aditivos) entre os indivíduos, os valores variam de 0,01 a 0,05, indicando pouca variação genotípica entre as populações para todos os caracteres avaliados (Tabela 2).

As variações observadas entre os caracteres podem ser explicadas, principalmente, por fatores genéticos entre progênies, mas também em parte, por variações ambientais, principalmente pelas condições edafoclimáticas, já que a localização das progênies estudadas é relativamente próxima (distanciadas 22 quilômetros entre si), onde se espera que as condições macro e microambientais não sejam tão expressivas (VALDOVINOS, 2016). Embora, esses fatores possam contribuir com a grande variação dessas características, vale ressaltar que entre as espécies arbóreas tropicais, existe grande variabilidade com relação aos caracteres biométricos de frutos e sementes (VALDOVINOS, 2016).

Para todos os caracteres analisados, o teste de razão de verossimilhança (LRT) e as análises de deviances constataram efeito significativo para a herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2), indicando divergência genética entre as progênies e não significativo entre populações (h_{popu}^2). Por meio desses resultados, observa-se a presença de dissimilaridade entre progênies e similaridade entre populações, em caracteres de sementes e frutos, sugerindo uma seleção dentro e não entre populações, confirmando a possibilidade de obtenção de seleção de materiais divergentes pensando na coleta de sementes (Tabela 2).

Partindo desse princípio, o coeficiente de herdabilidade pode variar de zero a um, ou seja, a herdabilidade será igual a um quando toda variabilidade fenotípica possuir causas genéticas, e igual a zero, quando a variação for unicamente de natureza ambiental. Para tal, os resultados obtidos apresentam para algumas variáveis com valores acima de 0,32 (Tabela 2), o que indica que mais de 30% da variabilidade nas características morfológicas de frutos e sementes são de origem genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para os caracteres tamanho das sementes (TS) e largura das sementes (LS), obteve-se valores de magnitude baixa ($0,1 < h_g^2 < 0,3$), indicando que as variações em torno dessas características ocorrem na sua maior parte por efeitos do ambiente (Tabela 2).

Ao se estimar a herdabilidade individual no sentido amplo, avalia-se a dispersão genética total, a qual permite aferir sobre toda a variação genética entre as progênies (CARVALHO et al., 2016). O valor fenotípico corresponde aos valores das avaliações de campo, que podem ser influenciados pelo efeito genotípico, do ambiente e da interação entre genótipos e ambientes.

Tendo em vista sua grande importância, a seleção de características de interesse para o melhoramento genético de espécies depende diretamente da herdabilidade (CARVALHO et al., 2017). Em vista disso, os altos valores de herdabilidade (h_g^2 mais próximos de um) favorecem a seleção inicial entre progênies, acompanhada pela seleção dentro das melhores progênies selecionadas. Dessa forma, foram observadas altas magnitudes de herdabilidade ($h_g^2 > 0,5$) para as variáveis tamanho, largura e espessura do fruto, como também para espessura da semente e número de sementes por fruto (Tabela 2).

Partindo disso, a obtenção de frutos maiores pode fornecer um maior número de sementes e com maiores dimensões. Favorecendo, assim, a seleção de materiais com características superiores, visto que a divergência encontrada nesses caracteres é de origem genética. Baseado nessas características, pode-se selecionar matrizes com alta divergência genética para coleta de sementes.

Para os caracteres tamanho das sementes (TS) e largura das sementes (LS), que apresentaram valores de magnitude baixa, indica que as variações em torno dessas características ocorrem na sua maior parte por efeitos do ambiente (Tabela 2). Com isso, a seleção, quando baseada nesses caracteres, deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, pois o aumento da heterozigose propiciará um incremento na herdabilidade (BORÉM; MIRANDA, 2013).

A herdabilidade é um atributo não somente de um carácter, mas também da população e das conjunturas de ambientes às quais os indivíduos estão sujeitos, sendo o seu papel preditivo, expressando a confiança do valor fenotípico e do valor genético como as mais importantes funções deste atributo no estudo genético do carácter métrico (CAMARGO et al., 2010).

Os valores não significativos observados para o coeficiente de determinação dos efeitos de populações (c_{popu}^2), corroboram os resultados do índice de fixação (FST), indicando baixa ou não existência de divergência genética entre as populações estudadas (Tabela 2).

O índice de fixação expressa a divergência genética entre as populações, permeando um critério de classificação de divergência, de modo que, quando o índice está entre os valores 0,00 e 0,05, as populações apresentam uma divergência pequena, quando os valores estão entre 0,05 e 0,15, as populações apresentam uma divergência moderada, quando está entre 0,15 e 0,25, uma divergência alta, e, maior que 0,25, uma divergência elevada, onde as populações apresentam características distintas, devido à alta deriva genética (WRIGHT, 1978).

Para os resultados obtidos pela morfometria e contagem de número de sementes, o índice de fixação entre populações apresentou uma divergência genética pequena, indicando que, em determinadas condições, a estrutura populacional não gerou uma deriva genética suficiente para a diferenciação dessas duas populações. Porém, para variável largura da semente, obteve-se uma divergência elevada entre as populações (0,28), que, possivelmente, está atrelada ao maior efeito ambiental observado sobre este carácter, gerando assim, maior variação.

Divergência genética entre as populações, em baixos níveis para espécie, pode ser explicada devido ao fluxo gênico via pólen (longo) da espécie, o que nega, em parte, a hipótese do trabalho de que existe diferença genética entre as populações estudadas. Fatores como distância geográfica, sistema reprodutivo, agentes polinizadores e mecanismos de dispersão das sementes podem contribuir para a baixa variabilidade genética observada entre as populações.

Espécies que apresentam fluxo gênico, como a *P. platycephala* (autocórica), níveis moderados de divergência genética entre as populações e maior grau de parentesco dentro da população são resultados esperados, como os encontrados neste estudo (SEBBENN et al., 2011). Quando se trata de populações naturais, há tendência de que os indivíduos sejam mais

divergentes, o que não é observado em populações plantadas, nas quais, geralmente, as variações ambientais são menores (SILVA et al., 2017).

A baixa diferenciação genética entre as populações de *P. platycephala* pode estar relacionada aos fatores atrelados à biologia reprodutiva da espécie, que apresenta uma percentualidade de polinização cruzada superior a 95% (alógama). Devido a isso, essa espécie mantém a maior parte da sua divergência genética dentro das populações, ao invés de entre as populações (COSTA et al., 2016).

Contudo, para o caractere largura da semente, observa-se valores de F_{ST} acima 0,25 que indicam elevada divergência genética entre as populações, o que pode estar atrelado aos aspectos dimensionais que podem estar associados a aspectos reprodutivos da espécie, ou seja, em algumas espécies, sementes grandes normalmente são esperadas em frutos maiores (SANTOS et al., 2020). De acordo com esses mesmos autores, as sementes com maiores dimensões estão diretamente ligadas à maior reserva para o embrião e, conseqüentemente, para essa diferenciação, uma das populações apresenta frutos maiores que geraram sementes com maiores larguras.

Estudos a nível de conhecimento sobre dissimilaridade populacional são relevantes, pois trazem informações e recomendações importantes para a conservação de espécies nativas a longo prazo, com vistas a garantir seu potencial evolutivo, destacando possíveis locais para conservação ou para coleta de sementes (GARDINER et al., 2017). A partir destes resultados e avaliação desses caracteres por meio de parâmetros genéticos é possível selecionar os melhores indivíduos, visando a seleção de matrizes mais divergentes, auxiliando na coleta de sementes e fornecendo bases para programas de melhoramento da espécie.

Biernaski et al. (2012) apontam que, ao encontrar baixa divergência genética entre populações, considera-se a existência de uma única zona de coleta de sementes. Por meio dos resultados observados, sugere-se que a coleta de sementes para fins de restauração ambiental poderá ser realizada apenas em uma única população, seguindo todos os princípios de amostragem com vistas a garantir maior variabilidade genética do lote. Contudo, caso não haja limitações logísticas e econômicas, a coleta de sementes pode ser feita nas duas populações, representando uma maior possibilidade de ganho em termos de variabilidade genética nos lotes de sementes obtidos.

Em relação ao coeficiente de variação genotípico ($CV_{gi}\%$), valores maiores são desejáveis, pois, este permite entender sobre a quantificação da variabilidade genética presente na população em relação à média do caráter.

Os valores obtidos das variáveis indicam que as características biométricas, como tamanho e largura dos frutos, possuem menores coeficientes de variação genéticos do que os das sementes (Tabela 2), corroborando com os resultados obtidos por Silva et al. (2013) que, estudando a biometria de frutos e sementes de *Melanoxylon brauna* Schott, sugerem que as variações no tamanho das sementes dessa espécie não são determinadas pelas características biométricas dos frutos.

Similarmente, Roveri (2014), trabalhando com árvores matrizes (progênies) de *Ceiba speciosa* (A. St.-Hil.) Ravenna, constatou que os coeficientes de variação obtidos foram médios para comprimento (tamanho) do fruto (10,6%), altos para número de sementes por fruto (35%) e baixos para todos os caracteres biométricos das sementes e diâmetro dos frutos. Resultados estes que podem ser explicados pelo fato de que, os frutos pertencem a um mesmo indivíduo (única árvore), possuindo a constituição genética dessa árvore apenas, sugerindo que essas características podem não variar muito.

Para os caracteres das sementes, o coeficiente de variação residual ($CV_e\%$) apresentou valores variando de 0,82 a 3,67, já para os frutos, os valores variaram entre 1,23 a 4,85 (Tabela 2). Tais resultados podem indicar que os fatores ambientais, tais como temperatura, déficit hídrico, tipo de solos, podem influenciar no desenvolvimento dos caracteres estudados (ZUFFO et al., 2014). De acordo com estes autores, estudos, incluindo procedências, mostram como os fatores ambientais influenciam nos caracteres, devido às características edafoclimáticas de cada região.

Portanto, as estimativas observadas para os caracteres demonstram confiabilidade nos valores obtidos (Tabela 2). Como comprobatória dessa afirmativa, os valores obtidos para as estimativas da acurácia foram acima de 80%, o que revela alta qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres biométricos e número de sementes por fruto para a *P. platycephala*, sendo uma medida que está associada à precisão na seleção, a acurácia, referindo-se à correlação entre os valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (RESENDE, 2002). Baixos valores de acurácia são considerados obstáculos à obtenção de ganhos genéticos mais significativos no melhoramento (PIMENTEL et al., 2014). Nesse estudo, os resultados obtidos para acurácia mostram alta precisão na amostra.

Os parâmetros genéticos estimados possibilitam o entendimento sobre a estrutura e o potencial genético da população e, conseqüentemente, permitem a seleção mais eficiente e acurada dos indivíduos em uma população (ALKIMIM, 2017).

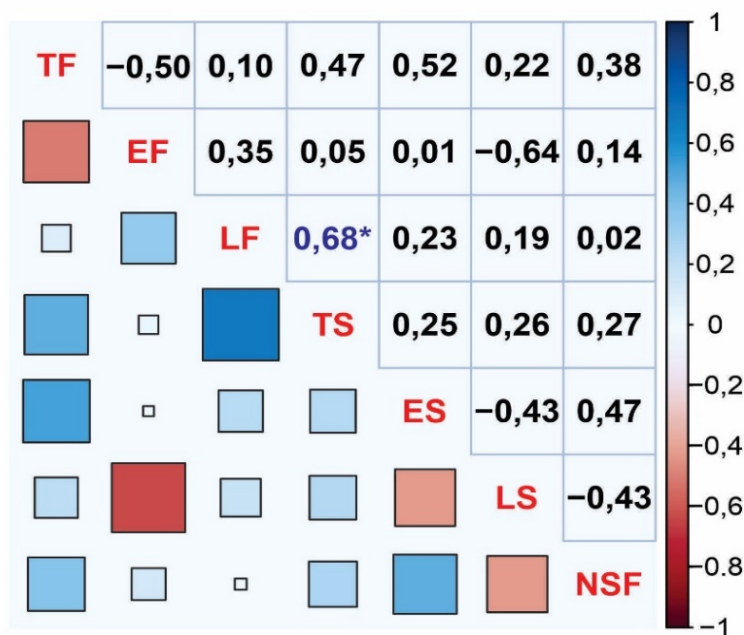
3.2 Correlação das variáveis, análise de componentes principais e agrupamentos

A análise conjunta desses métodos permite avaliar o grau de divergência genética entre as progênies, podendo fornecer resultados sobre qual característica pode ou não inibir a expressão da outra, bem como fornecer dados pela formação de grupos geneticamente similares entre si, independentemente do método de agrupamento utilizado, por meio dos caracteres tamanho, largura e espessura de frutos e sementes e número de sementes por fruto.

3.2.1 Correlação linear de Pearson

O coeficiente de correlação linear de Pearson expressa o sentido da correlação, e sua intensidade é representada por um valor numérico que varia entre -1 e 1. Em situações extremas, dois caracteres podem apresentar correlação linear negativa perfeita ($r = -1$) (ou seja, quando uma variável aumenta a outra diminui) ou positiva perfeita ($r = 1$) ou, ainda, ausência de relação linear ($r = 0$) (CARGNELUTTI FILHO et al., 2010). Baseado nisso, de acordo com os resultados, avaliando as características morfométricas dos frutos e sementes e número de sementes por fruto, pela correlação genética de Pearson (r), indicam que a maioria das correlações entre as variáveis biométricas foi não significativa, exceto entre o tamanho do fruto (TF) e largura do fruto (LF) (0,68), indicando que o tamanho do fruto é proporcional à largura do fruto (Figura 6).

Figura 6 - Coeficiente de correlação genética de Pearson (r) para as variáveis biométricas e número de sementes por fruto de progênies de *Parkia platycephala* Benth. (* p < 0,05) pelo teste t, para: tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF). A coloração do quadrado indica a direção da correlação genética, sendo vermelho para negativa e azul para positiva. O tamanho do quadrado e a intensidade de coloração indicam a magnitude de cada correlação.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Segundo Zuffo et al. (2016), o conhecimento da correlação entre as variáveis biométricas pode auxiliar no processo de seleção das espécies para programas de melhoramento genético, pois, permite definir a influência de uma característica sobre outra, seja ela de inibição ou de favorecimento de alguma característica. Portanto, deve-se conhecer e quantificar essas correlações para que se possa prever o efeito da seleção em todos os caracteres de interesse, pois, as correlações ocorrem devido à ligação física de genes que estão no mesmo cromossomo e que afetam diferentes características e pelo efeito da pleiotropia (COSTA et al., 2020).

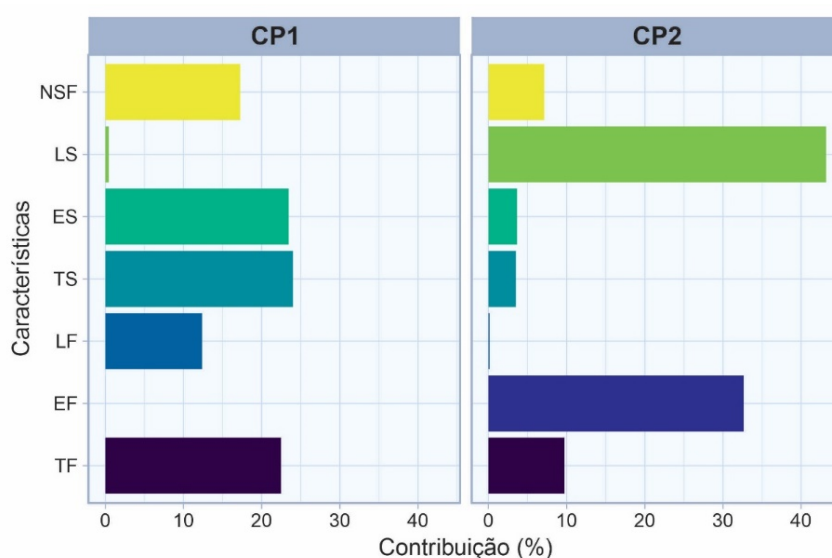
Para tal, Valdovinos (2016), avaliando a divergência genética entre árvores matrizes de *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos, a partir de caracteres biométricos de frutos e sementes e de qualidade fisiológica de sementes, constatou que não foram detectadas altas correlações entre e os caracteres biométricos de frutos e sementes, apesar de terem sido observadas correlações negativas e moderadas entre a largura de sementes com três caracteres da germinação (o índice de velocidade de germinação, o valor pico e o valor germinativo), o

que implica dizer que, mesmo com sementes maiores, a germinação pode não estar atrelada a essas características.

3.2.2 Contribuições das variáveis e Análise de componentes principais (PCA)

Analisando a contribuição das variáveis, para os componentes principais, é possível observar uma divergência genética nítida entre as progênes por meio da avaliação dos caracteres. As características que mais contribuíram foram a largura da semente (LS) com 43,21% e espessura do fruto (EF) com 32,66%, demonstrando que essas características contribuem em maior proporção em relação aos demais caracteres (Figura 7).

Figura 7 - Análise de componentes principais (PCA), comparando as características: tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) e sua respectiva contribuição para os dois componentes principais (CP1 e CP2) das procedências em progênes de *Parkia platycephala* Benth.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Os caracteres morfométricos são avaliados para identificar características que mais contribuem para detecção da divergência genética entre as progênes e entre populações por meio do método de Singh (sem padronização de dados) utilizando a matriz de distância euclidiana média genética.

Embora as características que mais contribuíram para formação dos componentes principais foram largura da semente (LS) e espessura do fruto (EF), das sete características analisadas o número de sementes por fruto foi o caractere que mais contribuiu para obtenção

da divergência entre progênies com aproximadamente (73,16%). Em contrapartida, as características que apresentaram menores contribuições foram espessura da semente, largura e tamanho da semente e largura do fruto, com 0,27%, 0,28%, 0,47% e 1,72%, respectivamente. Para o tamanho do fruto e espessura do fruto a contribuição foi de 14,88 % e 9,22%, respectivamente.

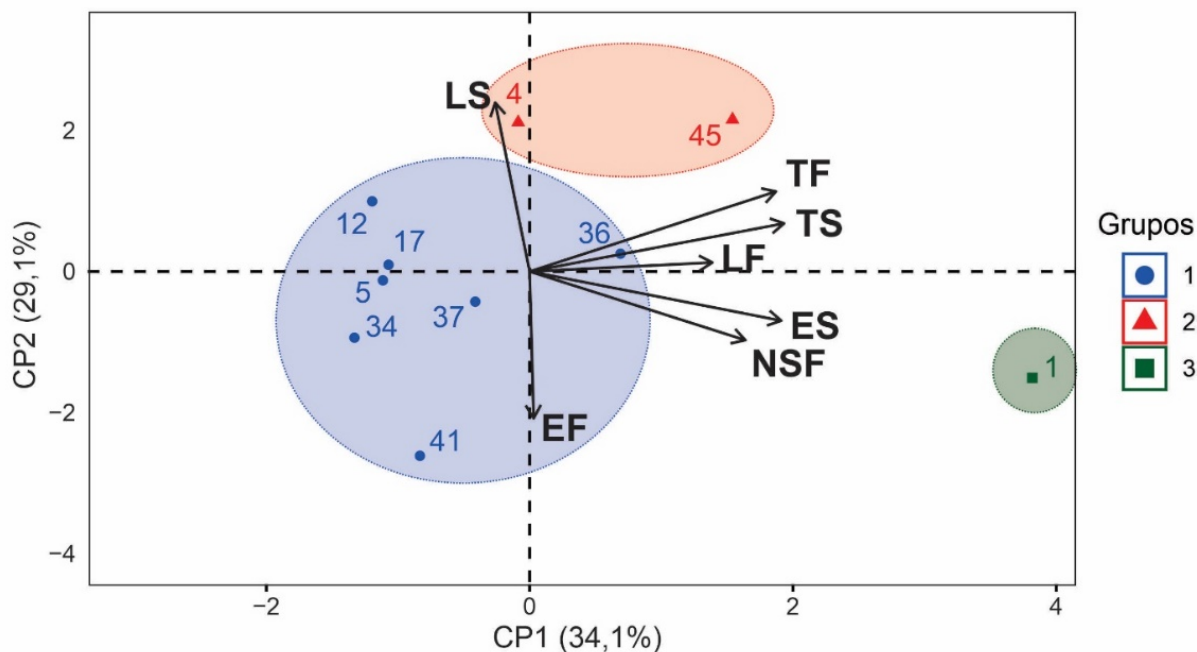
Conforme Pereira et al. (2018), a contribuição do número de sementes produzidas por fruto pode ser diretamente influenciada pelas condições ambientais, mais especificamente, pelas variações microambientais, as quais promovem uma variação desse caractere entre progênies. Além disso, os mesmos autores afirmam que, em alguns casos, a disponibilidade hídrica do ambiente em que a espécie está inserida durante o florescimento representa um fator relevante na produtividade, no número de sementes e também no tamanho. No entanto, no caso deste trabalho, não foram coletados dados meteorológicos para serem correlacionados com os dados biométricos.

Os dados demonstram que a característica mais importante entre caracteres morfométricos de *P. platycephala* é o número de sementes por fruto e que os demais caracteres contribuem em menor proporção na determinação da divergência genética para o agrupamento via metodologia da distância euclidiana média genética. A maior contribuição desse caractere indica que a análise de divergência genética, para esses determinados genótipos, pode ser avaliada pelo número de sementes por fruto, tendo em vista que sua contribuição, em relação aos demais caracteres, é maior que 70%, tornando essa característica prioritária na análise de divergência nas condições de estudo.

Quanto à análise de PCA, é possível notar que o primeiro componente principal foi correlacionado positivamente com as variáveis tamanho do fruto (TF), tamanho da semente (TS), largura do fruto (LF), espessura da semente (ES), número de sementes por fruto (NSF) e espessura do fruto (EF), e negativamente com a largura da semente (LS), desse modo, permite distinguir no gráfico aqueles genótipos (45, 36 e 1) como produtores de um maior número de sementes por fruto de maior tamanho (Figura 8).

As progênies mais próximas no plano cartesiano são as mais similares. Para fins de melhoramento, o cruzamento entre progênies mais similares reduzirá chances de obtenção de sucesso com a seleção artificial das espécies (VENCOVSKY et al., 2007).

Figura 8 - Análise de componentes principais (PCA) comparando as variáveis, tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) de progênies de *Parkia platycephala* Benth.



Fonte: (SOUSA, 2021)

O segundo componente foi correlacionado de forma negativa com o número de sementes por fruto (NSF), espessura da semente (ES) e espessura do fruto (EF), possibilitando a identificação das progênies EG1, EG5, BJ34, BJ37 e BJ41 com menores espessuras de frutos e sementes, e menores números de sementes por fruto. Já as progênies EG4, EG12, EG17, BJ36 e BJ45 apresentaram maiores valores de tamanho e largura de frutos e sementes. As progênies EG1, EG4 e BJ45, que se encontram na parte mais periférica da Figura 8, evidenciam propriedades específicas que as diferenciam das demais (a maioria) encontradas mais para o interior da figura, cujas médias estão mais próximas. Como exemplo, o genótipo EG1 apresenta valores elevados no número de sementes por fruto e espessura de frutos e sementes (Figura 8).

3.2.3 Agrupamento pelo método de Tocher, Agrupamento pelo método UPGMA e Gráfico em heatmap

Utilizando o Método de Tocher para o agrupamento de 10 genótipos de *P. platycephala* (fava de bolota), observou-se a formação de três grupos distintos (Tabela 3), sendo que os genótipos que fazem parte do mesmo grupo apresentam similaridade genética

entre os mesmos e dissimilaridade entre os grupos. O grupo 1, foi formado por 7 genótipos, destacando-se por representar 70% das progênes. O grupo 2 é representado por dois genótipos e o grupo 3, por um genótipo, mostrando que ocorre uma divergência maior entre os genótipos do que entre as populações, o que confirma o observado nos valores de σ_{proc}^2 , e FST.

Tabela 3 - Agrupamento de dez genótipos de *Parkia platycephala* Benth., pelo método de Tocher, com base na euclidiana media genética.

GRUPOS		GENÓTIPOS					
1	BJ37	BJ36	BJ34	BJ41	EG17	EG5	EG12
2	BJ45	EG4					
3	EG1						

Fonte: (SOUSA, 2021)

Grupos compostos somente por um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais (ROTILI et al., 2012). Isto promove a projeção futura dos trabalhos relacionados ao melhoramento de espécies nativas, encontrando-se genótipos distintos para os cruzamentos, com vistas à obtenção de caracteres morfológicos contrastantes para o programa de melhoramento de *P. platycephala* (fava de bolota). A elevada dissimilaridade genética observada entre os genótipos se dá em decorrência da composição genética das progênes utilizadas, pertencentes aos grupos distintos (NARDINO et al., 2017).

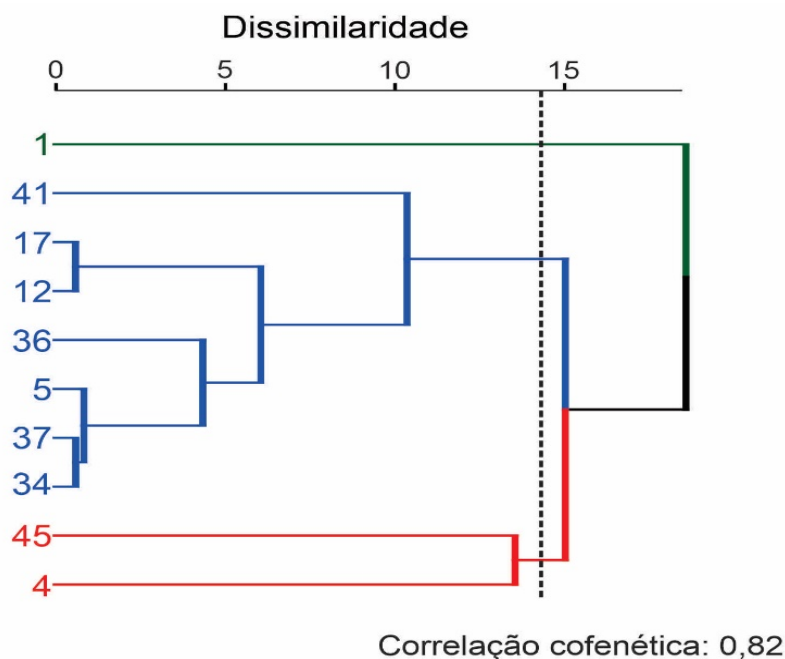
Na busca de divergência genética entre as populações, a porcentagem elevada de genótipos similares, reduz a possibilidade de obtenção de indivíduos entre populações. Diante disso, a escolha de populações de grupos que apresentem maiores divergências, pode ser usada na busca de cruzamentos, podendo, assim, explorar o fenômeno genético da heterose, sendo necessário, entretanto, que o material genético seja acessível, sobretudo no que se refere ao custo.

Em vista disso, a baixa divergência entre as populações de diferentes locais pode ser devido a sua origem, de uma população ancestral comum, ou que essas populações sofreram alguma ação antrópica, como dispersão de frutos, por meio de diferentes mecanismos e polinização cruzada (GERBER et al., 2021).

Corroborando com análise de agrupamento de Tocher, a demonstração em forma de dendrograma comprova a distinção clara de três grupos de genótipos dissimilares (Figura 9). Nele, estão dispostos linhas ligadas segundo os níveis de similaridade que agruparam pares de

genótipos. A matriz de coeficientes de similaridade representa o grau de semelhança entre pares de objetos e mostra que os mesmos foram arranjados de acordo com os respectivos graus de similaridade, de modo a ficarem agrupados segundo uma disposição hierárquica.

Figura 9 - Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 10 genótipos de *Parkia platycephala* Benth. obtidos, com base na distância euclidiana média genética padronizada.



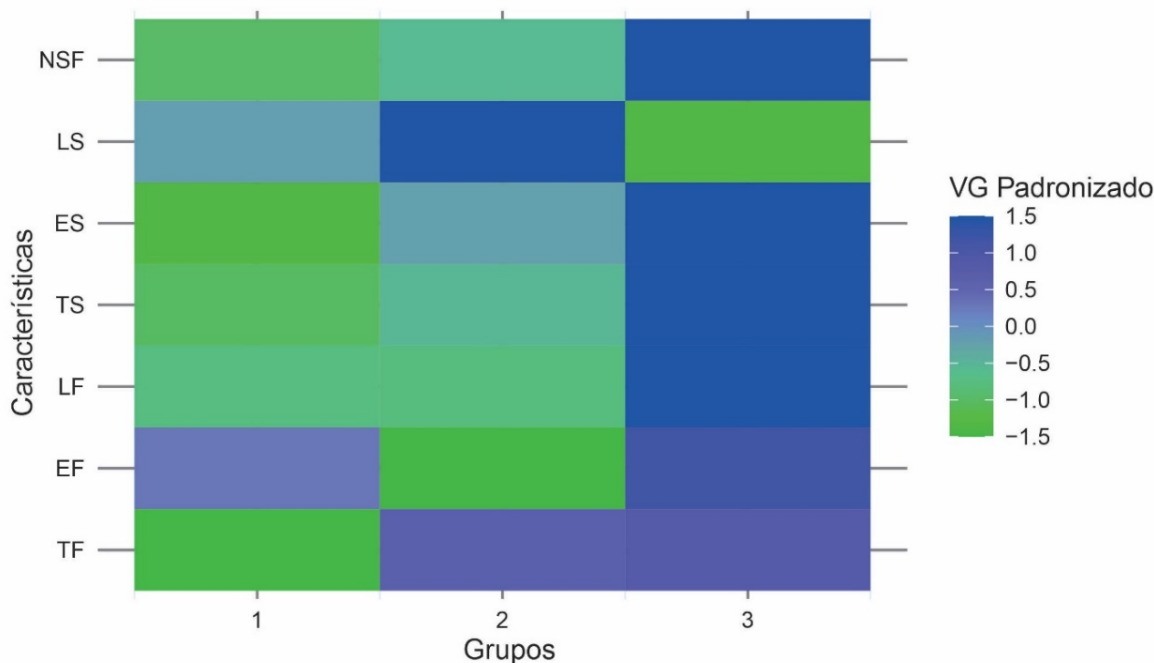
Fonte: (SOUSA, 2021)

Os valores das correlações cofenéticas obtidos pela elaboração de dendrogramas, quando apresentam magnitude elevada, como observado nesse estudo, indica que há boa representação das matrizes de dissimilaridade na forma de dendrogramas e que isso independe do método usado (ALBUQUERQUE et al., 2006), ou seja, valores abaixo de 0,30 dessa correlação podem indicar distorções. Em relação aos resultados observados no presente estudo, a correlação obtida foi de 0,82, indicando um grau de preservação das distâncias emparelhadas pelo dendrograma, em relação às distâncias originais. Formando o grupo 1 com os genótipos BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG17, EG5 e EG12, grupo 2 com os genótipos BJ45 e EG4, e grupo 3 com o genótipo EG1 (Figura 10).

De maneira geral, as representações em forma de dendrogramas apresentaram estruturas de agrupamentos de objetos homogêneos, embora não exista critério objetivo para determinar um ponto de corte no dendrograma, muitas das vezes, é decidido pelo pesquisador, para determinar quais os grupos foram formados (ALBUQUERQUE et al., 2006).

O gráfico em heatmap mostra um gradiente de cores, onde as cores mais fortes representam os maiores percentuais de contribuição da característica pelos genótipos nos grupos e as cores mais fracas são características dos indivíduos com contribuições menores para os grupos em relação aos valores genéticos padronizados (Figura 10).

Figura 10 - Gráfico em heatmap para os grupos: (1) composto pelas progênies BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG17, EG5, EG12; (2) pelas progênies por BJ45 e EG4; (3) pela progênie EG1, para as características tamanho do fruto (TF), espessura do fruto (EF), largura do fruto (LF), tamanho da semente (TS), espessura da semente (ES), largura da semente (LS) e número de sementes por fruto (NSF) das progênies de *Parkia platycephala* Benth.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Pelos dados das Distâncias Euclidianas e da Análise de Componentes Principais (PCA), infere-se que as progênies mais divergentes são a EG4, BJ45 e EG1, que se encontram visivelmente mais distantes na dispersão gráfica das demais progênies, evidenciando, desse modo, que os seus caracteres são opostos quanto aos valores das médias dos caracteres biométricos de frutos e sementes. Portanto, analisando o gráfico de heatmap é possível observar que o grupo 3 apresenta maiores valores genéticos padronizados, indicando que a progênie EG1, única formadora desse grupo, pode ser selecionada para futuros programas de melhoramento com a espécie, para todas as características avaliadas, exceto para largura da semente; o grupo 2 é preferível para escolha das progênies, com base na largura da semente e

o tamanho do fruto; e no grupo 1, deve-se fazer a escolha com base na largura da semente e espessura do fruto (Figura 10).

O mapa de calor mostra que, quanto maiores são os valores genéticos obtidos por meio dos caracteres, mais forte é a tonalidade da cor azul, e os menores valores genéticos com tons em verde. A análise deste gráfico permite definição de critérios mais precisos na formação dos grupos, resultando no estabelecimento de grupos menos individuais (CHIMELLO et al., 2017).

O estudo dos caracteres morfométricos e a contagem do número de sementes por fruto revelaram diferenças significativas quanto às dimensões e também referente ao número de sementes por fruto, fato este que está diretamente ligado à genética das progênies selecionadas e as relaciona com a divergência genética.

Portanto, variação entre indivíduos, numa mesma população, encontrados nesse estudo, pode possibilitar a seleção de indivíduos com vistas à melhoria de um dado caractere, constituindo-se numa das importantes fontes de variabilidade disponível para os melhoristas de plantas (PEREIRA et al., 2018).

4. CONCLUSÕES

As progênies de *P. platycephala* apresentaram divergência genética por meio da caracterização morfológica dos frutos e sementes e número de sementes por fruto, proporcionando uma dissimilaridade entre as progênies e similaridade entre as populações (procedências), podendo-se recomendá-las quanto às maiores dimensões de frutos e sementes bem como as maiores produtoras de número de sementes por fruto.

O número de sementes por fruto foi a variável que mais contribuiu para determinação da divergência genética entre as progênies de *P. platycephala*, indicando que, para esse estudo, é a mais relevante para detectar divergência genética entre esses genótipos avaliados.

Pela análise de agrupamento, foi observada a formação de três grupos distintos. A progênie que apresentou um valor genético elevado em relação a maioria dos caracteres avaliados foi a progênie EG1, pertencente ao grupo 3, indicando que este seria um genótipo com características mais distintas em relação às demais progênies.

Portanto, o mais adequado para obtenção de maior divergência genética é a seleção de progênies dos três grupos formados para realização de cruzamentos, com vistas à seleção para programas de melhoramento genético, que visem a produção de frutos e sementes de *P. platycephala*.

5. REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, M. A. et al. Estabilidade em análise de agrupamento: estudo de caso em ciência florestal. **Revista Árvore**, v. 30, n. 2, p. 257-265, 2006.

ALKIMIM, E. R. **Diversidade genética , ganhos com seleção e seleção genômica ampla na espécie *Coffea canephora***. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, p. 105. 2017.

ALVES, A. et al. Degradabilidade Ruminal *in situ* de vagens de faveira (*Parkia platycephala* Benth.) em diferentes tamanhos de partículas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 4, p. 1045-1051, 2007.

ARAÚJO, M. J. et al. Effect of replacing ground corn with *Parkia platycephala* pod meal on the performance of lactating Anglo-Nubian goats. **Animal Feed Science and Technology**, v. 258, p. 114313, 2019.

BIERNASKI, F. A. et al. Variabilidade genética para caracteres juvenis de progênies de *Cedrela fissilis* Vell.: subsídio para definição de zonas de coleta e uso de sementes. **Revista Árvore**, v. 36, n. 1, p. 49-58, 2012.

BISPO, R. B. et al. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Nativa**, v. 8, n. 4, p. 585-590, 2020.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 6. Ed. Viçosa: Editora UFV, 523 p, 2013.

BRAZIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento [MAPA]. Instruções para análises de sementes de espécies florestais. Brasília: MAPA. 2013, 98p.

CAMARGO, F. F et al. Variabilidade genética para caracteres morfométricos de matrizes de castanha-do-brasil da Amazônia Matogrossense. **Acta Amazônica**, v. 40, n. 4, p. 705-710, 2010.

CARDOSO, C. R. et al. Definição de área de coleta de sementes de *Parkia platycephala* com variabilidade genética adequada à restauração florestal. *In*: CARDOSO, C. R. et al. **Pesquisas agrárias e ambientais [livro eletrônico]: volume IV**. Pesquisas agrárias e ambientais: Pantanal, 2021, p. 101-121.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Tamanho de amostra para estimação do coeficiente de correlação linear de Pearson entre caracteres de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 12, p. 1363-1371, 2010.

CARVALHO, A. D. F. et al. Seleção de genótipos de cenoura para caracteres fenotípicos de raiz. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 1, p. 97-102, 2017.

CARVALHO, L. P. et al. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 314-321, 2016.

CORRÊA, L. J.; SILVA, L. C.; MARIGUELE, K. H. Parâmetros genéticos de uma população de *Astrocaryum aculeatum* Meyer de ocorrência natural em área de pastagem em Roraima – Brasil. **Revista de la Facultad de Agronomía**, v. 119, n. 2, p. 1-8, 2020.

COSTA, M. F. et al. Caracterização e divergência genética de populações de *Casearia grandiflora* no Cerrado piauiense. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387-396, 2016.

COSTA, R. S. et al. Aspectos morfológicos e influência do tamanho da semente na germinação do jambo-vermelho. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 28, n. 1, p. 117-120, 2006.

CHAVES, S. R. et al. Reproductive biology of *Parkia platycephala* Benth (Leguminosae, Caesalpinioideae, clado Mimosoideae). **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 79442-79458, 2020.

CHIMELLO, A. M. et al. Morphological descriptors and ISSR molecular markers in the evaluation of genetic variability of *Tectona grandis* genotypes. **Genetics and Molecular Research: GMR**, v. 16, n. 2, p. 1-16, 2017.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2014, v. 2, 668p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. 2012. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, v. 1, 514p.

GARDINER, L. M. et al. Population genetics data help to guide the conservation of palm species with small population sizes and fragmented habitats in Madagascar. **PeerJ**, v. 5, p. 3248, 2017.

GERBER, D. et al. Genetic variability of *Araucaria angustifolia* Bertol. initial growth: subsidy to the formation of seed orchards. **Ciência Florestal**, v. 31, n. 1, p. 310-332, 2021.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**, 2020.

MIRANDA, H. H. **Farelo da vagem de faveira (*Parkia platycephala* Benth.) na alimentação de cabras em lactação**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, p. 57. 2017.

NARDINO, M. et al. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 1, p. 164-174, 2017.

PEREIRA, M. O. et al. Qualidade de sementes e mudas de *Cedrela fissilis* Vell. em função da biometria de frutos e sementes em diferentes procedências. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 16, n. 4, p. 376-385, 2018.

PILON, N. A. L.; UDULUTSCH, R. G.; DURIGAN, G. Padrões fenológicos de 111 espécies de Cerrado em condições de cultivo. **Hoehnea**, v. 42, p. 425-443, 2015.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PUPIN, S. et al. Variabilidade genética e ganhos de seleção em progênes de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Nativa**, v. 5, n. 1, p. 59-65, 2017.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa, 2002. 975p.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RODRIGUES, D. L. et al. Contribuição de variáveis de produção e de semente para a divergência genética em maracujazeiro-azedo sob diferentes disponibilidades de nutrientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 8, p. 607-614, 2017.

ROELIS, B. V. et al. Divergência genética de Castanheira-do-Brasil por meio de caracteres biométricos de frutos e sementes. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 9, n. 8, p. 249-259, 2019.

ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 3, p. 516-521, 2012.

ROVERI, A. N. **Divergência genética entre árvores matrizes de *Ceiba speciosa* St. Hil. para características de frutos e sementes**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, p. 64. 2014.

SANTOS, J. S. et al. Aspectos dimensionais de sementes de *Dimorphandra mollis* para estudo da variabilidade entre populações de plantas. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 8, p. 56035-56052, 2020.

SANTOS, L. M. et al. Ecophysiology of germination of *Parkia platycephala* Benth. Seeds. **Floresta e Ambiente**, v. 26, n. 1, 2019.

SEBBENN, A. M. et al. Low levels of realized seed and pollen gene flow and strong spatial genetic structure in a small, isolated and fragmented population of the tropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. **Heredity**, v. 106, p. 134-145, 2011.

SILVA, M. S. et al. Biometria de frutos e sementes de *Melanoxylon brauna* Schott. (Fabaceae-Caesalpinioideae). **Cerne**, v. 19, n. 3, p. 517-524, 2013.

SILVA, R. A. R. et al. Características biométricas dos frutos e das sementes da palmeira *Copernicia prunifera* (Arecaceae). **Revista de Ciências Agroambientais**, v. 15, n. 2, p. 144-149, 2017.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.

SINGH, O.; SOFI, A. H. Variability in seed traits and genetic divergence in a clonal seed orchard of *Dalbergia sissoo* Roxb. **Journal of Forestry Research**, v. 23, n. 1, p. 109-114, 2012.

SOARES, I. D. et al. Caracterização morfológica de fruto, semente e plântula de *Psidium rufum* DC. (Myrtaceae). **Iheringia - Serie Botanica**, v. 72, n. 2, p. 221-227, 2017.

SOUZA, H. A. V.; LOVATO, M. B. Genetic diversity and structure of the critically endangered tree *Dimorphandra wilsonii* and of the widespread in the Brazilian Cerrado *Dimorphandra mollis*: implications for conservation. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 38, n. 1, p. 49-56, 2010.

TEAM, R. C. **R: A language and environment for statistical computing**. VienaR Foundation for Statistical Computing, , 2020.

URZEDO, D. I. et al. Seed networks for upscaling forest landscape restoration: is it possible to expand native plant sources in Brazil?. **Forests**, v. 11, n. 3, p. 259, 2020.

VALDOVINOS, T. M. **Divergência genética entre árvores matrizes de *Handroanthus heptaphyllus* (Vell.) Mattos a partir de caracteres biométricos de frutos e sementes e de qualidade fisiológica de sementes**. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento e Plantas) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, p. 65. 2016.

VENCOVSKY, R.; NASS, L. L.; CORDEIRO, C. M. T. Amostragem em recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília. DF: Embrapa Cenargen, 2007. p. 233-280.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix**, 2017.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**New YorkSpringer-Verlag, , 2016.

WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978. 511p.

ZUFFO, A. M. et al. Caracterização biométrica de frutos e sementes de mirindiba (*Buchenavia tomentosa* Eichler) e de inajá (*Attalea maripa* [Aubl.] Mart.) na região sul do Piauí, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 3, p. 331-340, 2016.

ZUFFO, A. M.; ANDRADE, F. R.; ZUFFO, J. M. J. Caracterização biométrica de frutos e

sementes de baru (*Dipteryx alata* Vog.) na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 37, n. 4, p. 463-471. 2014.

CAPÍTULO II

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE POPULAÇÕES DE MUDAS DE
PROGÊNIES MEIO-IRMÃOS DE *Parkia platycephala* Benth., INOCULADAS COM
Claroideoglossum etunicatum (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler

RESUMO: É de suma importância, a seleção de materiais genéticos superiores por meio da utilização de parâmetros genéticos. Também é relevante o conhecimento das espécies arbóreas nativas que proporcionem respostas positivas à associação simbiótica com micorrizas, pois, podem fornecer mudas de maior qualidade morfofisiológica. Diante disso, objetivou-se, com a realização do trabalho, avaliar o crescimento e sobrevivência de mudas entre e dentro de populações de *Parkia platycephala*, em resposta à inoculação com fungo micorrízico arbuscular (FMA) *Clarioideoglossum etunicatum*, por meio de teste de média e estimativa de parâmetros genéticos. Para isto, os frutos maduros de fava de bolota foram coletados de 10 progênies pré-selecionadas, advindas de duas populações no município Bom Jesus- PI (cinco progênies em cada população). Logo após, os frutos foram encaminhados para o Laboratório de Ecofisiologia e Sementes Florestais (LESF/UFPI) para a realização dos processos de extração e beneficiamento das sementes. Após esses processos, as sementes foram encaminhadas para o Laboratório de Biologia do Solo, do Instituto Agrônomo de Pernambuco – IPA, para realização da superação da dormência tegumentar e desinfestação das sementes para produção das mudas. O substrato utilizado foi solo proveniente do campo da Estação Experimental de Itapirema, previamente autoclavado. Após a quebra de dormência das sementes por escarificação mecânica, a semeadura foi realizada em sementeiras, com posterior transplantio para vasos com capacidade para 1,7 L de substrato e utilização de solo-inóculo para os tratamentos com *C. etunicatum*. Os tratamentos foram representados pelo delineamento casualizados em blocos dispostos em esquema fatorial 2x10, correspondendo a duas condições de inoculação, com e sem *C. etunicatum*, e dez progênies, com seis repetições e três plantas por parcela, totalizando 360 mudas. O experimento foi conduzido na casa de vegetação, na sede do IPA, onde foi produzido o inoculante. Comparando os tratamentos utilizados, com e sem inoculação, foi observado diferença estatística ($p < 0,05$) para o tratamento sem inoculação, para as variáveis diâmetro do coleto, altura, massa seca da parte aérea, massa seca da parte da raiz, massa seca total e taxa de sobrevivência das mudas. A taxa de colonização das raízes de mudas das progênies de *P. platycephala*, foi alta, atingindo percentuais acima de 80%, na qual não houve efeito da inoculação sobre as variáveis DC e H, porém houve efeito positivo sobre as variáveis de produção de biomassa. As progênies diferem quanto ao DC, H, à MSPR, MST, S% e TC%. Porém, existe diferença na resposta entre e dentro de populações em relação à associação micorrízica com *C. etunicatum*. Por meio dos parâmetros genéticos, não foi observado efeitos significativos para herdabilidade, não havendo diferenciação entre as populações avaliadas, somente entre as parcelas avaliadas. De modo geral, o ambiente teve muita influência no experimento, para todos os caracteres, onde apresentaram grande heterogeneidade ambiental entre parcelas. Ao final, não foi detectado diferenças na resposta entre e dentro de populações em relação à associação micorrízica com *C. etunicatum* por meio dos parâmetros genéticos.

Palavras-chaves: Fungo micorrízico arbuscular, taxa de colonização, espécie nativa, crescimento de mudas

ABSTRACT: The selection of superior genetic materials through the use of genetic parameters is of paramount importance. It is also relevant to know the native tree species that provide positive responses to the symbiotic association with mycorrhizae, as they can provide seedlings with higher morphophysiological quality. Therefore, the objective of this work was to evaluate the growth and survival of seedlings between and within populations of *Parkia platycephala*, in response to inoculation with arbuscular mycorrhizal fungus (AMF) *Clarioideoglossum etunicatum*, by means of a mean and estimation of genetic parameters. For this purpose, ripe acorn bean fruits were collected from 10 pre-selected progenies from two populations in the municipality of Bom Jesus-PI (five progenies in each population). Soon after, the fruits were sent to the Laboratory of Ecophysiology and Forest Seeds (LESF/UFPI) to carry out the extraction and processing processes of the seeds. After these processes, the seeds were sent to the Soil Biology Laboratory, of the Agronomic Institute of Pernambuco – IPA, to overcome the integumentary dormancy and disinfest the seeds for the production of seedlings. The substrate used was soil from the field of the Experimental Station of Itapirema, previously autoclaved. After the seed dormancy was broken by mechanical scarification, sowing was carried out in seedlings, with subsequent transplanting into pots with a capacity of 1.7 L of substrate and use of soil-inoculum for treatments with *C. etunicatum*. The treatments were represented by a randomized block design arranged in a 2x10 factorial scheme, corresponding to two inoculation conditions, with and without *C. etunicatum*, and ten progenies, with six replications and three plants per plot, totaling 360 seedlings. The experiment was carried out in the greenhouse, at the IPA headquarters, where the inoculant was produced. Comparing the treatments used, with and without inoculation, a statistical difference was observed ($p < 0,05$) for the treatment without inoculation, for the variables stem diameter, height, shoot dry mass, root dry mass, mass total drought and seedling survival rate. The colonization rate of seedling roots of *P. platycephala* progenies was high, reaching percentages above 80%, in which there was no inoculation effect on the DC and H variables, but there was a positive effect on the biomass production variables. Progenies differ in terms of DC, H, MSPR, MST, S% and TC%. However, there is a difference in the response between and within populations regarding the mycorrhizal association with *C. etunicatum*. Through genetic parameters, no significant effects for heritability were observed, with no differentiation between the populations evaluated, only between the parcels evaluated. In general, the environment had a great influence on the experiment, for all characters, where they showed great environmental heterogeneity between plots. In the end, no differences were detected in the response between and within populations in relation to the mycorrhizal association with *C. etunicatum* through genetic parameters.

Keywords: Arbuscular mycorrhizal fungus, colonization rate, native species, seedling growth.

1. INTRODUÇÃO

A implantação e estabelecimento de povoamentos florestais carece de subsídios técnicos ligados às diretrizes das operações silviculturais, com vistas a garantir melhores resultados de sobrevivência e desenvolvimento dessas espécies em campo, o que indica que, na sua maioria, são favorecidos pela utilização de mudas mais vigorosas e tolerantes a possíveis estresses pós-plantio em campo (SIMÃO SOARES et al., 2017).

Dentre essas operações silviculturais, uma das técnicas bastante utilizadas para garantir uma elevada qualidade morfofisiológica de mudas produzidas em condições de viveiro é inoculação das raízes com fungos micorrízicos arbusculares, a fim de conferir à planta melhores condições de crescimento, desenvolvimento, nutrição e tolerância a agentes ambientais adversos (MORENO; LEÓN; OSORIO, 2016). Essa metodologia de simbiose mutualística com leguminosas tem se destacado, visando principalmente os programas de recuperação de áreas degradadas (FREIRE et al., 2020). Os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) são os fungos endofíticos mais importantes que formam simbiose com raízes de plantas (HUANG et al., 2020).

Os benefícios da utilização dos fungos micorrízicos arbusculares são vastos, pois só são possíveis por meio de uma ligação física direta entre produtores primários e decompositores, atuando diretamente como extensões do sistema radicular das plantas, podendo proporcionar maior absorção de nutrientes e melhoria no estado nutricional e fisiológico das plantas, elevando a atividade fotossintética, a atividade enzimática e a produção de substâncias reguladoras de crescimento (FARIA et al., 2013).

Entretanto, as espécies podem variar significativamente quanto a sua efetividade da simbiose, em função de variações do ambiente, da eficiência do FMA inoculado em beneficiar o hospedeiro (OLIVEIRA JÚNIOR et al., 2017) e do genótipo da planta, população e/ou progênie (DIAS et al., 2012).

Com isso, a porcentagem de colonização também pode ser afetada por fatores como teor de fósforo disponível no substrato, da idade da planta, pH do solo, sistema radicular, dos propágulos dos FMAs no solo e da dependência micorrízica das espécies. A variação nas faixas de pH do solo pode afetar o desenvolvimento de algumas espécies de FMAs, solos muito ácidos podem interferir na germinação do esporo, no crescimento do tubo germinativo e na colonização de raízes de fungos micorrízicos arbusculares, sendo esta influência variável de acordo com a espécie de fungo (FREIRE et al., 2020).

Diante disso, o estudo de espécies nativas associadas a fungos micorrízicos arbusculares se torna de grande importância com vistas à otimização do processo de produção de mudas. Nesse sentido, a espécie *Parkia platycephala* Benth., que pertence à família Fabaceae, possui abrangência na região Nordeste do País, em áreas de transição entre Cerrado ou Mata Atlântica para a Caatinga (SILVA et al., 2017). Entre as várias espécies de árvores desses biomas, a *P. platycephala*, uma é leguminosa arbórea com qualidades para programas de florestamento e frutos amplamente utilizados na alimentação animal (BATISTA et al., 2020).

Embora a *P. platycephala* seja uma espécie de grande importância ecológica e apresente elevado potencial para comercialização dos seus diversos produtos, estudos acerca da variabilidade genética das suas progênies associados a fungos micorrízicos arbusculares da espécie são incipientes, sendo imprescindível sua análise perante à parâmetros genéticos com o intuito de fornecer informações importantes para sua conservação e melhoramento genético.

Contudo, para se estudar a variabilidade genética de uma espécie, deve-se, inicialmente, entender como esta variabilidade se encontra distribuída entre e dentro de populações e estruturada por meio dos resultados de anos de processos evolutivos, como migração, mutação, seleção e deriva genética (KAMPA et al., 2020).

Embora as micorrizas sejam de ocorrência mais generalizada nos ecossistemas tropicais, ainda se conhece muito pouco sobre as relações entre este simbiote e seus hospedeiros, especialmente das espécies florestais nativas (FARIA et al., 2013). Diante disso, objetivou-se, com a realização do trabalho, avaliar o crescimento e sobrevivência de mudas entre e dentro de populações de *Parkia platycephala* Benth., em resposta à inoculação com o fungo micorrízico arbuscular *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., por meio de teste de média e estimativa de parâmetros genéticos, buscando responder às seguintes hipóteses: 1) o crescimento e sobrevivência das mudas de *P. platycephala* apresenta divergência entre e dentro das populações; e 2) existe diferença entre e dentro das populações na resposta à associação micorrízica com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Seleção e obtenção de frutos e sementes

Para obtenção dos frutos e sementes de *Parkia platycephala* Benth., foram selecionadas 10 progênies (sendo cinco em cada população), distanciadas no mínimo 100 metros, em duas populações naturais, localizadas no município de Bom Jesus, escolhidas com 22 Km de distância entre si, localizadas em áreas de vegetação de transição Caatinga-Cerrado no município de Bom Jesus -PI.

As progênies foram selecionadas, georreferenciadas e acompanhadas, periodicamente, para determinação do momento da colheita dos frutos, por meio da avaliação da coloração dos frutos (Tabela 1). Os frutos e sementes foram coletados diretamente na árvore com auxílio de um podão.

Tabela 1 - Localização geográfica das progênies e informações de coleta de frutos e sementes de *Parkia platycephala* Benth.

Progênies/nº	Coordenadas		Nome do Coletor	Data da Coleta	Local da Coleta
	Latitude	Longitude			
EG1	9° 13'13,5"	44°26'16,7"	Grupo de Pesquisa: Tecnologia, produção e fisiologia de sementes e mudas de espécies florestais – UFPI/CPCE	15/10/2015	População 1- Eugenópolis
EG4	9° 11'37,4"	44°25'56,1"			
EG5	9°11'36,3"	44°25'54,0"			
EG12	9°13'20,5"	44°26'28,3"			
EG17	9°13'18,3"	44°26'20,2"			
BJ34	9°03'37,6"	44°18'58,1"	Grupo de Pesquisa: Tecnologia, produção e fisiologia de sementes e mudas de espécies florestais – UFPI/CPCE	31/10/2015	População 2- Bom Jesus
BJ36	9°03'40,3"	44°18'58,5"			
BJ37	9°03'41,0"	44°18'57,1"			
BJ41	9°03'48,5"	44°18'46,1"			
BJ45	9°03'37,7"	44°18'53,1"			

Bom Jesus (BJ), Eugenópolis (EG).

Fonte: (SOUSA, 2021)

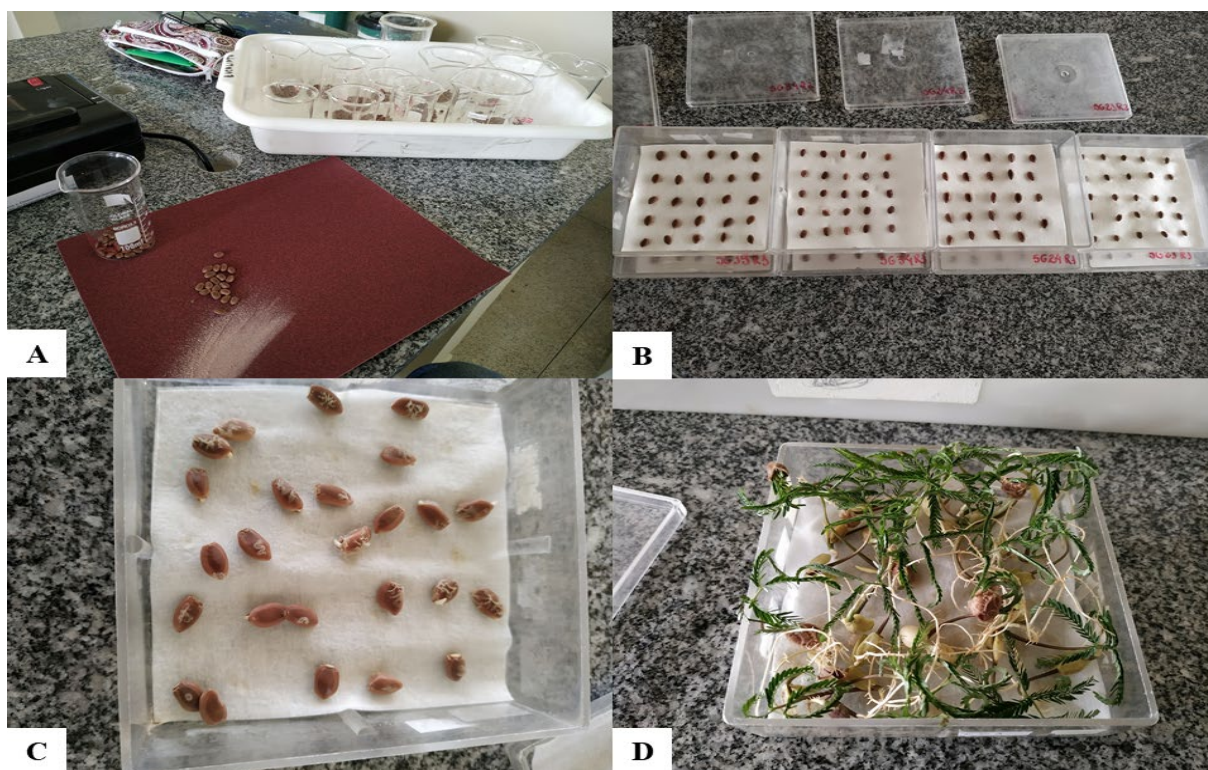
Logo após a coleta em campo, os frutos foram acondicionados em sacos plásticos e levados ao laboratório de Ecofisiologia e Sementes Florestais (LESF) da Universidade Federal do Piauí, *Campus* Professora Cinobelina Elvas (UFPI-CPCE), Bom Jesus – PI, para extração e beneficiamento das sementes, realizados manualmente.

2.2 Preparo, instalação, condução e desativação do experimento

Antecedendo todos os procedimentos de produção de mudas, as sementes das progênies selecionadas passaram por um teste germinativo para verificar a viabilidade e o potencial germinativo das sementes, utilizando duas repetições de 25 sementes, totalizando 50 sementes para cada progênie selecionada. Para tal, as sementes de *P. platycephala* foram submetidas à escarificação mecânica, com lixa d'água nº 80 (NASCIMENTO et al., 2009), no lado oposto à micrópila, para superação da dormência tegumentar (Figura 1A).

As sementes foram tratadas com solução de hipoclorito de sódio a 5%, durante dez minutos e, em seguida, lavadas com água corrente deionizada. Posteriormente, foram semeadas em caixas plásticas transparentes, de 11 cm x 11 cm x 3 cm, com tampa, sobre o substrato papel mata-borrão (Figura 1B), previamente autoclavado. Logo após, foram umedecidas com a solução de Nistatina a 0,2% (Figura 1C). Após a semeadura, as caixas plásticas foram colocadas em germinador do tipo *Biochemical Oxygen Demand* (B.O.D.), com temperatura constante de 30°C, sob luz contínua (SILVA et al., 2017). A avaliação da germinação foi diária (período de 10 dias) e, como critério de germinação, foi adotado o surgimento do hipocótilo, e emergência dos cotilédones, ressaltando que a germinação obtida pelo teste germinativo dessas matrizes selecionadas foi acima de 90% (Figura 1D).

Figura 1 - Etapas do teste germinativo das sementes das progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth. A – escarificação das sementes; B – disposição das sementes nas caixas plásticas; C – emissão da radícula das sementes; D – formação das plântulas.



Fonte: (SOUSA, 2021)

A coleta do solo, que foi utilizado como substrato para instalação do experimento com FMA, foi proveniente do campo da Estação Experimental de Itapirema, do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), em Goiana-PE. O procedimento de coleta do substrato foi feito por meio da coleta de amostras simples, numa profundidade de 20-40 cm, que, posteriormente, foram acondicionadas em sacos de fibra e deslocadas para sede do IPA em Recife, onde foram misturadas, formando uma amostra composta. A caracterização química (Tabela 2) foi realizada no Laboratório de Fertilidade do Solo do Instituto Agrônomo de Pernambuco, em Recife, após a seleção de uma amostra composta de 200 gramas de todo solo coletado.

Tabela 2 - Caracterização química do solo utilizado como substrato para produção de mudas de *Parkia platycephala* Benth., coletado na Estação Experimental de Itapirema, do Instituto Agrônômico de Pernambuco – IPA, em Goiana-PE.

Resultados da Análise (Laboratório 9 – 02A)						
pH	P	Ca ⁺²	Mg ⁺²	Na ⁺	K ⁺	Al ⁺³
H ₂ O	mg/dm ³			cmolc/dm ³		
6,40	1,0	1,40	0,85	0,03	0,02	0,00

Fonte: (SOUSA, 2021)

O solo passou por um processo de peneiramento, com peneira de malha de 5 mm, com vistas a retirar todo material inerte, como folhas, galhos e raízes (Figura 2A e 2B). Após o peneiramento, foi feita uma mistura de solo com vermiculita fina, na proporção de 3:1 v:v (Figura 2C), posteriormente armazenados em sacos plásticos pesando 3,0 kg (Figura 2D) e autoclavados a 120°C e 1,0 atm por uma hora, por três dias consecutivos (Figura 2E e 2F).

Figura 2 – Processo de peneiramento e autoclavagem do solo para posterior produção das mudas das populações e progênies de *Parkia platycephala* Benth. A – peneiramento do solo; B - solo peneirado; C - mistura de solo com vermiculita; D – pesagem e acondicionamento em sacos plásticos da mistura de solo com vermiculita; E – acondicionamento do substrato na autoclave; F – autoclave utilizada.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Em seguida, vasos emborrachados com capacidade de 1,7 L, com dimensões de 20 x 12 cm (com furos nas laterais para facilitar a drenagem), receberam o substrato autoclavado, e foram postos em casa de vegetação, com pausa de 15 dias para repouso do substrato. A casa de vegetação utilizada dispôs de bancadas de madeira, com cobertura de vidro com sombrite preto de 50% de sombreamento.

Os tratamentos foram representados pelo delineamento casualizados em blocos, dispostos em esquema fatorial 2x10, correspondendo a duas condições de inoculação, com e sem *C. etunicatum*, dez progênies, com seis repetições e três plantas por parcela, totalizando 360 mudas.

Antes da instalação do experimento, as sementes das progênies selecionadas de *P. platycephala* foram beneficiadas e transportadas do Laboratório Ecofisiologia de Sementes Florestais (LESF) da Universidade Federal do Piauí (UFPI), Bom Jesus – PI, para o Laboratório de Biologia do Solo do Instituto Agronômico de Pernambuco, sendo utilizado o mesmo procedimento do teste prévio de germinação para quebra de dormência. Logo após, as sementes foram desinfestadas por meio de imersão em álcool a 70%, por um minuto, que funciona como um surfactante, modificando a tensão superficial, e, por três minutos, em hipoclorito de sódio a 1%, para desinfestação de microrganismos, principalmente bactérias e fungos (Figura 3A), sendo posteriormente lavadas com água destilada (ANDRADE; HAMAKAWA, 1994).

As sementeiras (bandejas de isopor) utilizadas para germinação das sementes de *P. platycephala*, foram lavadas e desinfestadas com álcool 70% e, em seguida, foram preenchidas com o mesmo substrato autoclavado dos vasos. Logo após, as sementes foram semeadas todas na mesma posição para germinação das plântulas (Figura 3B) (micrópila direcionada para a parte inferior), permeando 10 dias até a realização do transplântio para os vasos (Figura 3C e 3D).

Figura 3 – Processos de preparação das sementes e plântulas das progênes e populações de *Parkia platycephala* Benth. A – esterilização das sementes após escarificação; B – sementes dispostas na sementeira para germinação; C e D – visão geral das plântulas transplantadas.



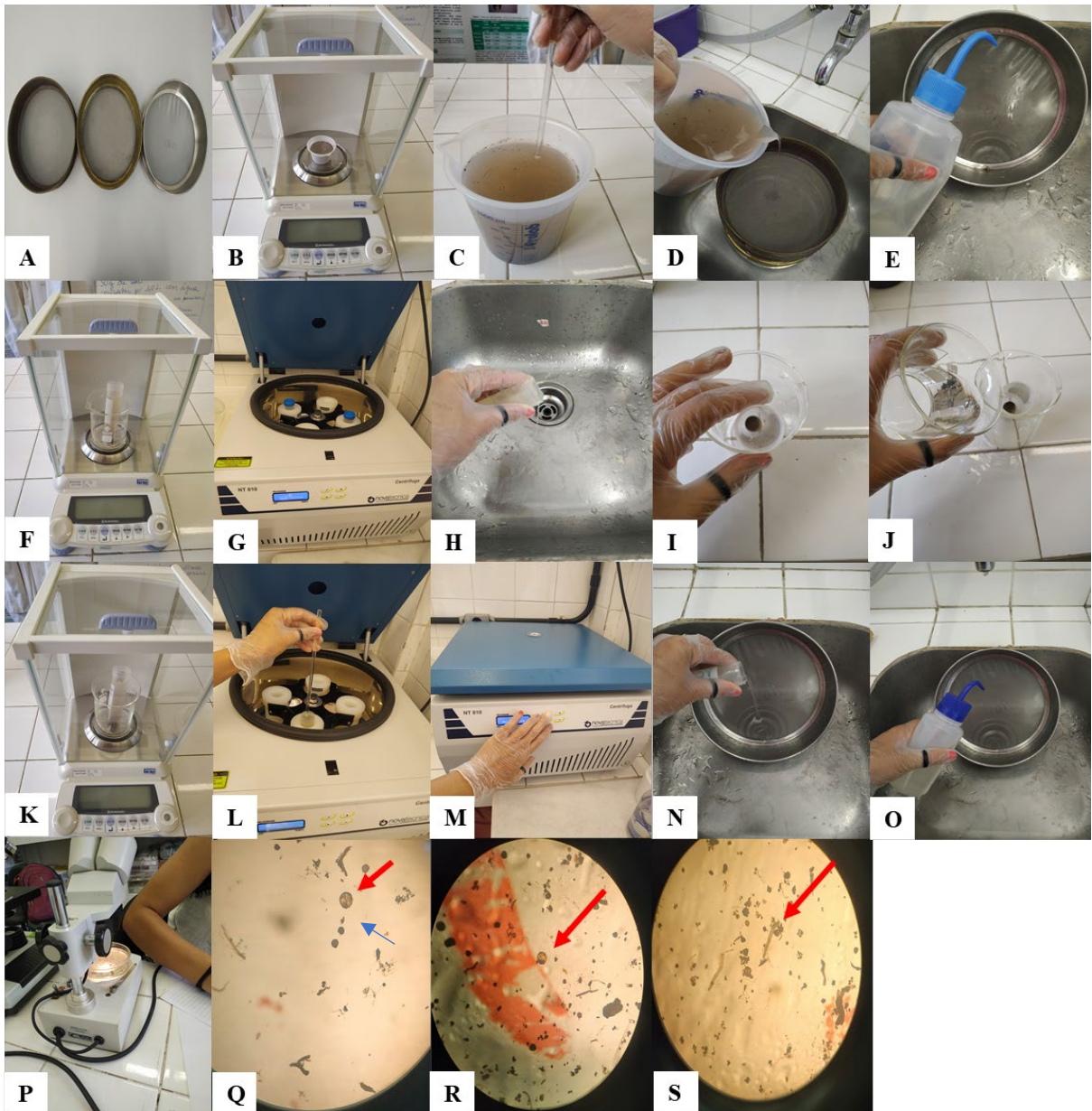
Fonte: (SOUSA, 2021)

Ao tempo em que as sementes foram postas para germinação, foram iniciados os cuidados para preparação do inoculante de FMA. Para tal, a extração dos glomerosporos de *Claroideoglomerus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., foi feita pela técnica da decantação e peneiramento úmido (GERDEMANN e NICOLSON, 1963) e da centrifugação e flutuação em sacarose (JENKINS, 1964) para quantificação de esporos presentes em 50 g de solo.

Inicialmente, foram selecionadas as peneiras com abertura de malhas diferenciadas (0,168, 0,150 e 0,037 mm) (Figura 4A). Logo após, foi realizada a pesagem de uma amostra de 50 g de solo-inóculo (Figura 4B), que foi adicionada a um Becher com 2000 mL de água, agitado e deixado para decantar por alguns segundos (Figura 4C), e depois, agitado outras vezes para aumentar a chance de obtenção de maior número de glomerosporos. A seguir, o conteúdo em suspensão foi derramado sobre as peneiras de malhas variadas, na sequência da maior para a menor abertura de malha (Figura 4D). Posteriormente, foi recolhido o material retido nas peneiras de menor abertura com o auxílio de uma pisseta (Figura 4E), para tubos de centrífuga, completando-os com água para obtenção do mesmo peso, sendo colocados em

posição oposta na centrífuga (Figura 4F e 4G). Após centrifugar o material por três minutos, o sobrenadante (água) dos tubos foi descartado (Figura 4H), deixando apenas o precipitado (solo) retido no fundo dos tubos (Figura 4I). Em seguida, foi adicionada, aos tubos com o precipitado, uma solução de sacarose a (50%), e feita a pesagem até os tubos atingirem o mesmo peso para posterior agitação, utilizando-se uma espátula fina e centrifugação por mais um minuto (Figura 4J, 4K, 4L e 4M). Ao final, foi recolhido o sobrenadante em peneira de malha mais fina (Figura 4N), onde o material retido na peneira foi lavado com água destilada (Figura 4O), e transferido da peneira para uma placa de Petri, e levado ao microscópio estereoscópico (Figura 4P) para fazer contagem e observação dos glomerosporos de *C. etunicatum* com aumento de 40x e ocular de 10x (Figura 4Q, 4R e 4S).

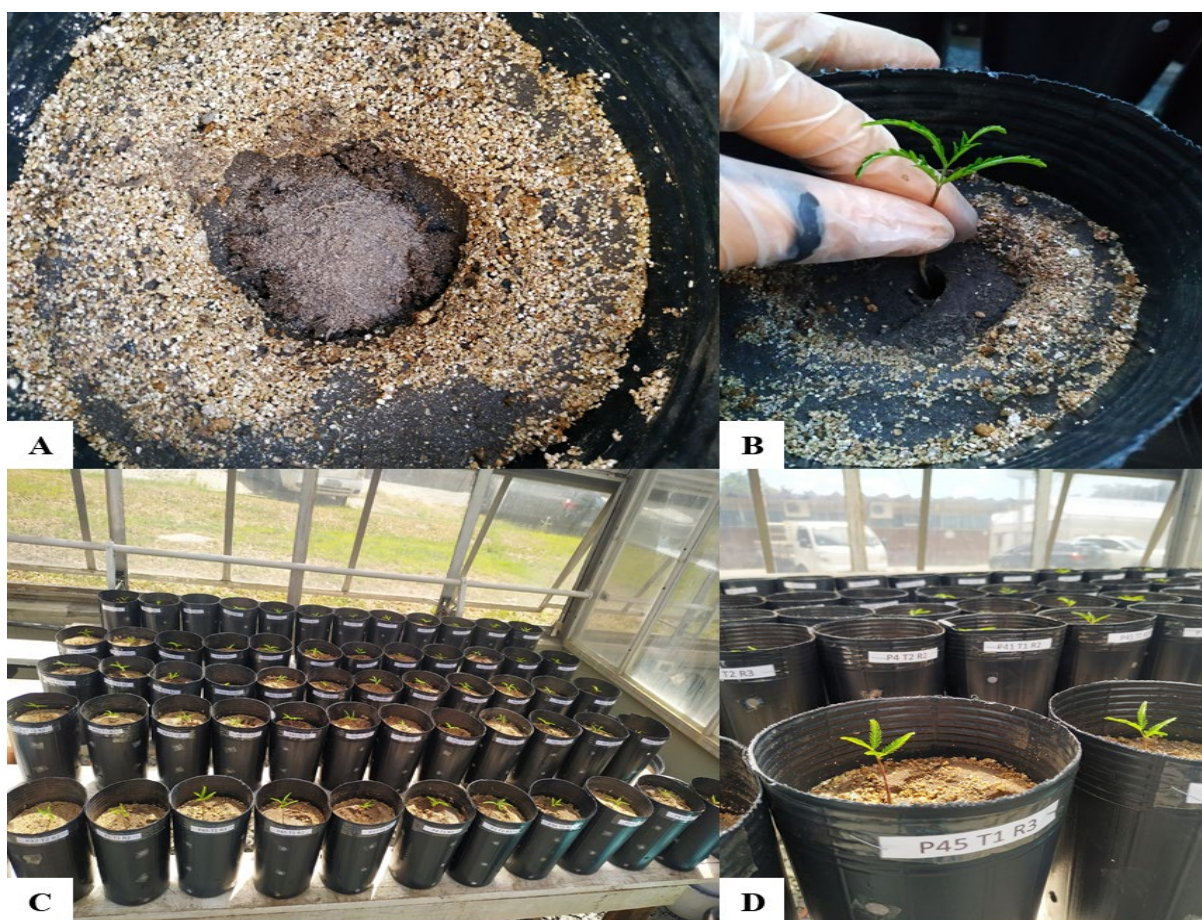
Figura 4 – Procedimento de extração de glomerosporos de *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., pela técnica da decantação e peneiramento úmido e da centrifugação e flutuação em sacarose. A – peneiras com abertura de malhas diferenciadas (0,168, 0,150 e 0,037 mm); B – pesagem de solo-inóculo; C- diluição do solo para suspensão dos glomerosporos. D – peneiramento para retenção dos glomerosporos nas peneiras; E – coleta dos glomerosporos na peneira de malha fina; F – pesagem dos tubos da centrífuga com o solo diluído em água; G – alocação dos tubos com solo diluído; H – descarte do sobrenadante; I – solo contendo os glomerosporos; J – adição de sacarose à 50% ao tubo; K – pesagem dos tubos com sacarose e solo; L – agitação do solo mais a sacarose; M – centrifugação do solo mais a sacarose; N – passagem do sobrenadante em peneira de menor abertura de (0,037 mm); O – lavagem e coleta dos glomerosporos para bécquer de 50 mL; P – contagem do número de glomerosporos na placa de anéis concêntricos; De Q a S – glomerosporos vistos ao microscópio estereoscópio com aumento de 40x e ocular de 10x. Q, R e S – *C. etunicatum*.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Posterior à contagem dos esporos e preparação do inóculo, foi iniciado o processo de propagação em tecido metabolicamente ativo, utilizando 25 g de solo-inóculo por planta, contendo raízes colonizadas, micélio e cerca de 50 esporos, que foram lançados diretamente nas raízes das plantas pré-germinadas (Figura 5), por ocasião do transplântio para nos vasos. No decorrer do experimento, as mudas foram irrigadas com água destilada (100 mL em cada vaso), de acordo com 60% da capacidade do vaso (solo com textura arenosa). Determinada por meio do encharcamento do substrato adicionado ao vaso, e pesagem diária, por três dias consecutivos, para contabilização da perda de volume de água. A obtenção do volume de água a ser utilizado na irrigação diária foi dada por regra de três simples.

Figura 5 - Demonstração do processo de propagação em tecido metabolicamente ativo utilizando solo-inóculo de *Claroideoglopus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler. A – alocação do solo-inóculo em contato direto com o solo; B – transplântio das plântulas após aplicação do tratamento com fungo; C e D – visão geral do experimento na casa de vegetação.

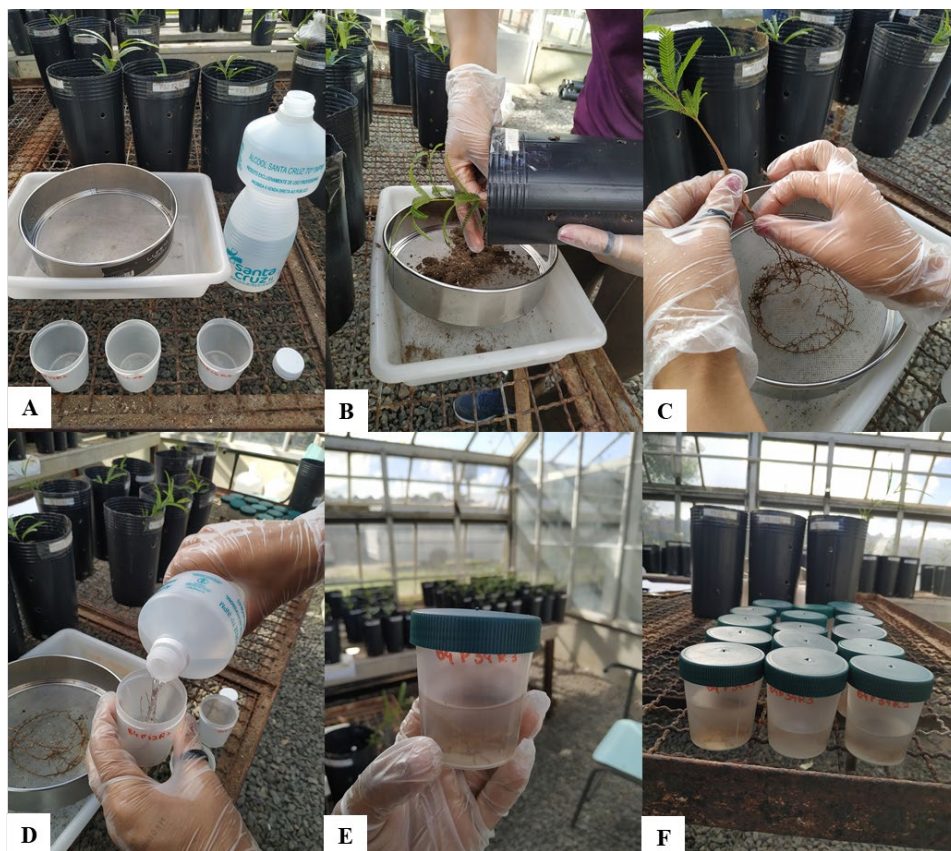


Fonte: (SOUSA, 2021)

Ao final do experimento, 90 dias após transplântio e inoculação, foi avaliado o crescimento das mudas, pela mensuração de altura da parte aérea (H, cm), com a utilização de uma régua graduada, e diâmetro do coleto (DC, mm), com auxílio de um paquímetro digital, e taxa de sobrevivência (%) das progênies de fava de bolota.

Para os tratamentos em que as mudas foram inoculadas com o FMA *C. etunicatum*, antes da pesagem, foi retirado todo o substrato dos vasos (Figura 6B) para retirada de uma amostra de, aproximadamente, 1,0 g de raiz finas de cada planta (Figura 6C), que foram acondicionadas em recipientes de plástico, previamente esterilizados e identificados, contendo álcool 70% (Figura 6, D e E), para observação da taxa de colonização (%).

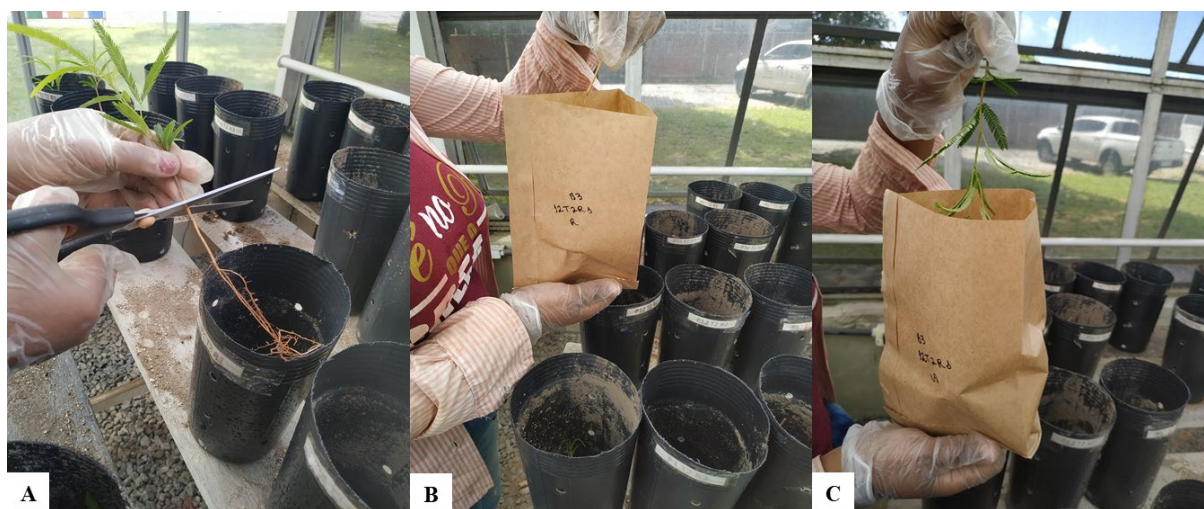
Figura 6 – Coleta de material para avaliação da taxa de colonização de raízes de *Parkia platycephala* Benth., inoculadas com *Claroideoglo mus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., aos 90 dias após inoculação. A – materiais e recipientes usados para alocação das raízes finas; B – retirada do solo do sistema radicular das mudas; C – retirada de aproximadamente 1 g de raízes finas das mudas; D – armazenamento das raízes finas em conservante (Álcool 70%); E e F – recipientes em que as raízes foram armazenadas com o conservante.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Para determinação da biomassa, as mudas foram divididas em parte aérea e raiz (Figura 7A), e o sistema radicular foi lavado em água corrente para retirada de todo substrato presente. Em seguida, o material foi acondicionado em sacos de papel Kraft, devidamente identificados (Figura 7B e 7C). No Laboratório de Microbiologia e Patologia Florestal, no Departamento de Ciência Florestal da UFRPE, o material foi acondicionado em estufa com circulação forçada de ar, a $\pm 65^{\circ}\text{C}$, até atingir peso constante. Foi realizada a pesagem em balança analítica de precisão, para as determinações da massa seca da parte aérea (MSPA, g), massa seca das raízes (MSR, g), massa seca total (MST, g = MSPA + MSR) e relação raiz/parte aérea (RRPA, g).

Figura 7 - Procedimento para determinação da matéria seca das mudas de progênies e populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após a inoculação. A – separação de parte aérea e raiz; B e C – alocação do sistema radicular e parte aérea nos sacos de papel Kraft.



Fonte: (SOUSA, 2021)

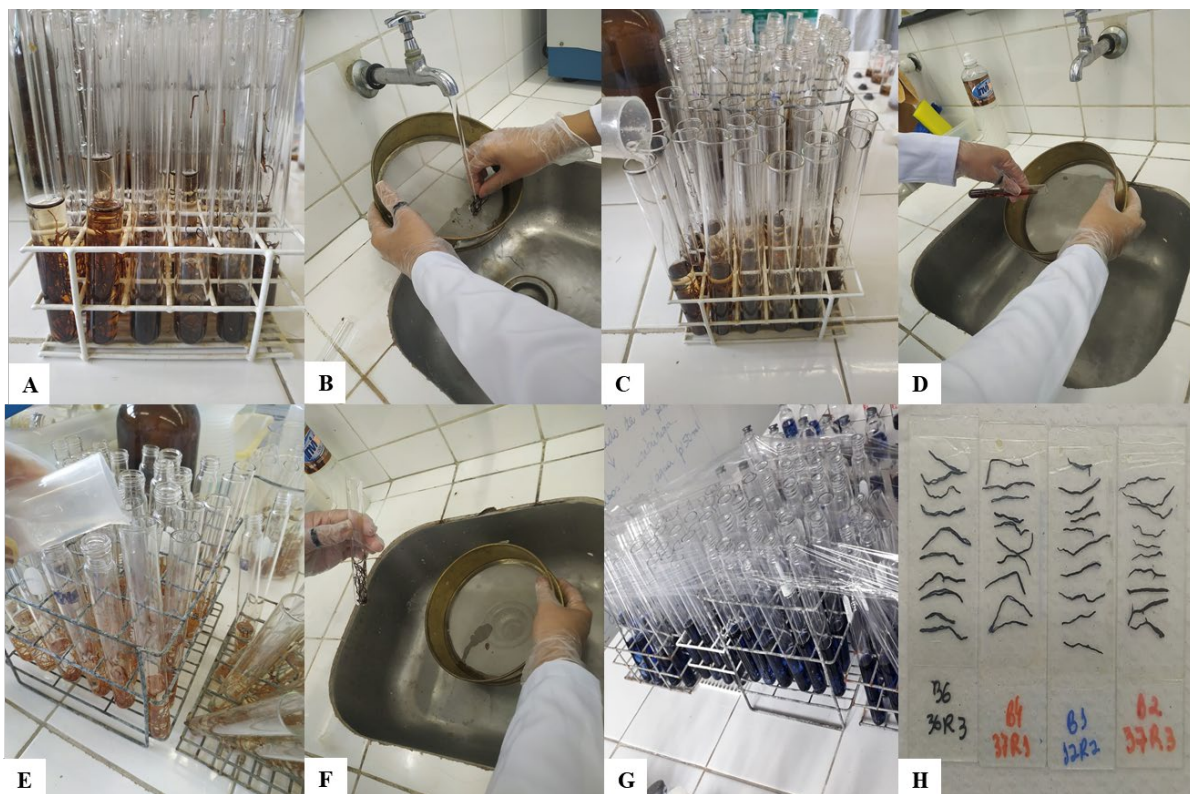
A coloração das raízes para observação da colonização micorrízica foi feita de acordo com a técnica de Phillips e Hayman (1970). Que tem como base as soluções de Hidróxido de Potássio (KOH, 10%), Peróxido de Hidrogênio (H_2O_2 , 10%), Ácido Clorídrico (HCL, 1%), Azul de Trypan (0,05%) e Lactoglicerol.

Após o preparo de todas as soluções, foi iniciado o processo de descoloração, onde, inicialmente, as raízes foram lavadas em água corrente com auxílio de peneiras e secadas em papel toalha. Os segmentos de raízes secas foram inseridos em tubos de ensaio, contendo 10 mL de solução de KOH a 10% e deixados em *over night* (Figura 8A). Posteriormente, foi feita lavagem das raízes em água corrente para retirar o KOH (Figura 8B). A seguir, nesses mesmos tubos, foram inseridos 10 mL H_2O_2 a 10%, por dez minutos (Figura 8C), sendo,

depois, realizado outro processo de lavagem em água corrente para retirada do H₂O₂ (Figura 8D) e, em seguida, adicionados 10 mL de uma solução de HCL a 1%, por cinco minutos (Figura 8E), para neutralização do pH. Após descarte do HCL (Figura 8F), iniciou-se o processo de coloração, adicionando os 10 mL Azul de Trypan a 0,05% e mantido em *overnight* (Figura 8G). Depois desse processo, foi retirado o excesso do corante e as raízes foram colocadas em Lactoglicerol para posterior avaliação no microscópio.

Para avaliação da taxa de colonização micorrízica, foi utilizada a técnica de Giovannetti e Mosse (1980), que é feita basicamente pela observação de estruturas fúngicas, como hifas, arbúsculos, vesículas e glomerosporos, no interior das raízes, na região do córtex, onde ocorre o desenvolvimento inter e intracelular das hifas. O método consiste na avaliação da presença ou ausência de colonização em cada segmento e o resultado é expresso em porcentagem de raízes colonizadas. De cada planta, dez segmentos de raízes que passaram pelo processo de coloração, com aproximadamente 1,0 cm de comprimento, foram selecionados ao acaso e montados paralelamente em lâminas, ou seja, em cada repetição, é feita uma lâmina com 10 segmentos de raízes coradas (Figura 8H).

Figura 8 – Representação do processo de clareamento e coloração das raízes e montagem das lâminas das mudas de progênies de *Parkia platycephala* Benth., inoculadas com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler., para avaliação da taxa de colonização micorrízica: A – amostra das raízes em KOH; B – drenagem do KOH e lavagem das raízes; C – raízes em H₂O₂; D – drenagem do H₂O₂ e lavagem das raízes; E – raízes em HCl; F – drenagem do HCl e lavagem das raízes; G – raízes de Trypan blue; H – montagem em lâminas.



Fonte: (SOUSA, 2021)

A obtenção numérica da taxa de colonização das raízes é feita pelo método da lâmina de presença e ausência, que consiste na observação dos segmentos das raízes, e marcar positivo, se visualizar qualquer estrutura de FMA dentro da célula da raiz. Se não verificar estruturas, marcar como negativo. A exemplo:

Progênie BJ 45		
Repetição I	Repetição II	Repetição III
+ - + + + + - + + -	+ - + + + + + + + -	+ + + + + + + + + +
$\sum / 10 = 70\%$	$\sum / 10 = 80\%$	$\sum / 10 = 100\%$

2.3 Análises estatísticas e genéticas

Ao final do experimento, ao que antecede as análises genéticas, os dados obtidos de crescimento, biomassa, sobrevivência e taxa de colonização foram submetidos à análise de variância, utilizando-se o software SISVAR 5.6 (FERREIRA, 2011) e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott, em nível de 5% de probabilidade ($p < 0,05$). Atendendo a todos os testes de pressuposições.

Os dados de diâmetro do coleto (DC mm), altura da parte aérea (H cm), massa seca da parte aérea (MSPA g), massa seca do sistema radicular (MSSR g), massa seca total (MST g) e taxa de colonização (TC%), foram utilizados para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância, por meio da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP), em que foi considerado o modelo de blocos completos, várias populações, progênies de meios irmãos em vários locais (Modelo 14), sendo:

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

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 parcelas (assumidos como aleatórios), s é o vetor dos efeitos de populações (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X, Z, W, Q, T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais.

A significância dos efeitos aleatórios (g e p) foi obtida através da Análise de Deviance, por meio do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As deviances foram obtidas conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos. Foi subtraída a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito, e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade a 5% de significância (3,84).

O índice de fixação entre populações/procedências (F_{ST}) foi calculado de acordo com a equação (WRIGHT, 1978):

$$F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + (2 \times \sigma_g^2)}$$

em que: F_{ST} é o índice de fixação entre populações/procedências, σ_p^2 é a variância genotípica entre procedências, e σ_g^2 é a variância genotípica.

Para o estudo da variabilidade genética das progênies para cada característica, os dados foram submetidos à análise de agrupamento pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média genética padronizada. Adotou-se o ponto de corte do eixo horizontal do dendrograma, com base nos resultados obtidos a partir do agrupamento Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014) de distância euclidiana média genética padronizada.

A análise de componentes principais (PCA) genéticos e o método de Singh (1981) foram utilizados para determinação da importância das seis características no estudo da variabilidade genética entre as progênies.

Para obtenção dos componentes de variância, valores genotípicos, análise de agrupamento genético (UPGMA e distância euclidiana genética), Tocher e componentes principais genéticos, foi utilizado o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). A representação gráfica dos resultados foi realizada via software R (R Core Team, 2020) e auxílio dos pacotes ggplot2 (WICKHAM, 2016), corrplot (WEI; SIMKO, 2017) e factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Crescimento inicial, sobrevivência e taxa de colonização

A taxa de colonização, com média acima de 80%, é considerada elevada e satisfatória, destacando-se as progênies EG5, EG17, BJ36, BJ37 e BJ45, com valores semelhantes entre si e, significativamente, superiores às demais progênies (Tabela 3).

Analisando as médias das variáveis de crescimento (DC e H), nota-se que, de modo geral, as plantas de *P. platycephala* não-inoculadas apresentaram valores superiores aos daquelas inoculadas com o FMA *C. etunicatum* (Tabela 3). Como todas as mudas inoculadas apresentaram um alto valor de colonização, possivelmente, o fungo pode estar funcionando como um dreno de nutrientes do solo e, o curto tempo de cultivo (90 dias), ainda não foi suficiente para o estabelecimento da simbiose.

Tabela 3 - Médias de crescimento em diâmetro do coleto (DC), altura (H), sobrevivência (S) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies (P) e duas populações (M/EG – Média de Eugenópolis; M/BJ – Média de Bom Jesus), de *Parkia platycephala* Benth., sem (SI) e com (CI) inoculação com *Claroideoglomus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

P	DC (mm)			H (cm)			S (%)			TC (%)	
	SI	CI	M	SI	CI	M	SI	CI	M	SI	CI
EG1	2,08 Ab	2,07 Aa	2,08	11,3 Ab	9,7 Aa	10,5 c	98,3	98,3	98,3 b	0,0 B	85,6 Ab
EG4	2,04 Ab	1,96 Aa	2,00	11,9 Ab	9,1 Aa	10,5 c	98,3	98,3	98,3 b	0,0 B	81,7 Ab
EG5	2,17 Ab	2,08 Aa	2,12	13,0 Aa	10,3 Ba	11,7 b	100,0	100,0	100,0 a	0,0 B	90,6 Aa
EG12	3,08 Aa	1,95 Ba	2,51	11,5 Ab	10,0 Aa	10,7 c	100,0	100,0	100,0 a	0,0 B	82,8 Ab
EG17	1,86 Ab	1,95 Aa	1,90	9,9 Ab	9,1 Aa	9,5 d	100,0	100,0	100,0 a	0,0 B	87,2 Aa
M/EG	2,25	2,01	2,12	11,5	9,6	10,6	99,3	99,3	99,3	0,0 B	85,6 A
BJ34	2,17 Ab	2,06 Aa	2,11	9,9 Ab	9,1 Aa	9,5 d	100,0	100,0	100,0 a	0,0 B	85,6 Ab
BJ36	1,97 Ab	1,98 Aa	1,97	11,5 Ab	10,0 Aa	10,8 c	98,3	98,3	98,3 b	0,0 B	92,2 Aa
BJ37	2,01 Ab	1,85 Aa	1,93	10,2 Ab	9,2 Aa	9,7 d	98,3	98,3	98,3 b	0,0 B	88,9 Aa
BJ41	2,30 Ab	1,96 Aa	2,13	11,4 Ab	10,6 Aa	11,0 b	98,3	98,3	98,3 b	0,0 B	82,8 Ab
BJ45	2,52 Aa	2,33 Aa	2,43	14,4 Aa	11,9 Ba	13,2 a	100,0	100,0	100,0 a	0,0 B	87,2 Aa
M/BJ	2,22	2,04	2,12	11,5	10,2	10,8	98,9	98,9	99,0	0,0	87,3
MG	2,22	2,02		11,5 A	9,9 B		99,2	99,2		0,00 B	86,4 A

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Skott-Knott ($p < 0,05$). MG – Média Geral.

Fonte: (SOUSA, 2021)

Para o diâmetro do coleto (DC) das mudas de *P. platycephala*, foi constatado efeito micorrízico negativo apenas para a progênie EG12, de modo que plantas não-inoculadas apresentaram média significativamente superior àquela inoculada com o FMA. Não se

constatou diferença entre as progênies para plantas inoculadas com FMA. Entretanto, houve diferença entre as progênies para plantas não-inoculadas, com destaque para EG12 e BJ45, com maiores valores de DC, porém sem efeito da inoculação para a BJ45 (Tabela 3).

Já para altura (H) das mudas, no geral, constatou-se diferença entre as progênies, com destaque para a BJ45. Também se constatou efeito negativo da inoculação para as progênies EG5 e BJ45, não havendo diferença quanto à inoculação nas demais progênies. Assim como no DC, também não se constatou diferença de altura entre as progênies para plantas inoculadas. Porém, houve diferença entre progênies para as plantas não-inoculadas, destacando-se as progênies EG5 e BJ45 (Tabela 3).

Quanto à taxa de sobrevivência da espécie, avaliada neste trabalho, aos 90 dias após o transplântio e inoculação nos vasos, constatou-se uma elevada taxa de sobrevivência, acima de 98%, independente das progênies e do tratamento de inoculação com fungos micorrízicos arbusculares, com destaque para as progênies EG5, EG12, EG17, BJ34 e BJ45, em relação às demais (Tabela 3).

A avaliação da sobrevivência inicial de plantas na fase de viveiro é um fator de grande relevância para o setor florestal, visto que, pode diminuir os custos de produção de mudas no viveiro, diminuindo perdas. A análise desse parâmetro entre e dentro de populações, associada à inoculação com FMA, pode fornecer dados relevantes, visando um maior estabelecimento de plantio e informações cruciais para programas de melhoramento genético.

No caso da produção de biomassa (Tabela 4), observa-se, de modo geral, um efeito positivo da inoculação para produção de matéria seca da parte aérea (MSPA) e total (MST), e negativo para matéria seca da raiz (MSPR).

Para a parte aérea, não ocorreu diferença entre as progênies, mas ocorreu efeito significativamente superior para plantas inoculadas das progênies EG1 e EG17; para as raízes, constatou-se efeito entre as progênies, com destaque para EG4, EG5 e EG12, com valores significativamente superiores às demais; para a MST, não se constatou efeito da inoculação, mas houve diferença entre as progênies, destacando-se EG4, EG5, EG12, BJ34 e BJ45, com valores significativamente superiores às demais (Tabela 4).

Quanto à relação raiz/parte aérea, observa-se que, de modo geral, as plantas inoculadas com o FMA necessitam de menos biomassa de raiz para produzir 1,0 g de parte aérea, ou seja, as plantas inoculadas precisam de 1,01 g de raiz, enquanto as plantas não-inoculadas necessitam de 1,22 g, sendo um efeito altamente positivo da inoculação (Tabela 4).

Tabela 4 - Médias de produção de massa seca da parte aérea (MSPA), de raiz (MSPR), total (MST) e relação raiz/parte aérea (RRPA), de mudas de 10 progênies (P) e duas populações (M/EG – Média de Eugenópolis; M/BJ – Média de Bom Jesus), de *Parkia platycephala* Benth., sem (SI) e com (CI) inoculação com *Claroideoglomus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

P	MSPA (g)			MSPR (g)			MST (g)			RRPA (g)		
	SI	CI	M	SI	CI	M	SI	CI	M	SI	CI	M
EG1	1,74 B	2,13 A	1,93	2,07 b	1,97 a	2,01 b	3,80	4,10	3,95 b	1,15 A	0,93 A	1,04
EG4	2,13 A	2,05 A	2,09	2,46 a	2,28 a	2,37 a	4,60	4,32	4,46 a	1,22 A	1,08 A	1,15
EG5	1,95 A	2,15 A	2,05	2,38 a	2,08 a	2,22 a	4,33	4,22	4,28 a	1,36 A	0,98 A	1,16
EG12	1,90 A	2,25 A	2,07	2,58 a	2,30 a	2,43 a	4,48	4,55	4,52 a	1,48 A	1,09 A	1,28
EG17	1,65 B	2,05 A	1,85	1,72 b	1,97 a	1,84 b	3,37	4,03	3,70 b	1,68 A	0,98 B	1,32
M/EG	1,87	2,13	2,03	2,24	2,12	2,18	4,11	4,24	4,18	1,32	1,01	1,19
BJ34	2,16 A	2,17 A	2,16	2,04 b	2,18 a	2,10 b	4,20	4,34	4,27 a	0,97 A	1,03 A	1,00
BJ36	1,84 A	2,07 A	1,95	1,94 b	2,07 a	2,00 b	3,78	4,14	3,96 b	1,02 A	1,01 A	1,01
BJ37	1,90 A	1,91 A	1,90	2,05 b	2,28 a	2,16 b	3,95	4,19	4,07 b	1,13 A	1,30 A	1,21
BJ41	1,93 A	2,11 A	2,01	2,16 b	1,84 a	2,00 b	4,09	3,95	4,02 b	1,14 A	0,84 A	0,98
BJ45	2,05 A	2,15 A	2,10	2,26 a	1,92 a	2,09 b	4,32	4,08	4,20 a	1,14 A	0,90 A	1,01
M/BJ	1,98	2,08	2,00	2,09	2,06	2,08	4,07	4,14	4,11	1,08	1,02	1,04
MG	1,93 B	2,11 A		2,16	2,09		4,09	4,19		1,22 A	1,01 B	

Médias seguidas pela mesma letra maiúscula na linha e minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Skott-Knott ($p < 0,05$). MG – Média Geral.

Fonte: (SOUSA, 2021)

Quando comparados ao do estudo, com a *P. platycephala*, utilizando condições de estresse hídrico e diferentes FMAs, os valores de altura e diâmetro do coleto variam em torno de 17,6 cm a 21,2 cm e 2,2 mm a 2,5 mm, respectivamente (PORTO et al., 2020). O que implica inferir, que os valores de altura obtidos aos 90 dias após a inoculação são inferiores dos observados aos 120 dias da aplicação dos tratamentos, o que pode ter ocorrido tanto pela utilização de tratamentos diferentes como pelo tempo menor de avaliação das mudas das progênies, já que os valores de diâmetro são semelhantes.

A utilização desses parâmetros morfológicos é bastante difundida para avaliação da qualidade de mudas florestais. Isso implica em indicativos de maior estabelecimento dessas mudas em campo, de modo que a altura avaliada em viveiro pode estar correlacionada ao crescimento inicial em campo, bem como o diâmetro do coleto, pode indicar uma maior taxa de sobrevivência após o plantio, com isso, a análise conjunta dessas variáveis pode ser utilizada como parâmetro indicador de qualidade de mudas (MELO et al., 2018).

Diferentemente dos resultados encontrados, Oliveira Júnior et al., (2017), estudando se houve micorrização em *Apuleia leiocarpa* (Vogel) J.F. Macbr com combinações de cinco doses de P (0, 24, 71, 213 e 650 mg kg⁻¹), com cinco condições de inoculação, sendo três

espécies de FMA, *Gigaspora margarita* Becker e Hall, *Rhizophagus clarus* Becker e Gerdemann, e *Dentiscutata heterogama* (Nicol e Gerd) Walker e Sanders, inoculação com uma mistura dessas três espécies, e um tratamento sem inoculação, constataram que, a combinação dos FMAs com doses de fósforo favoreceu o crescimento e o aumento de biomassa, quando comparados ao tratamento controle, avaliada aos 98 dias após inoculação. Esses resultados, quando comparados às condições do presente estudo, podem ter ocorrido pela ação conjunta dos fungos e das doses de fósforo, visto que, nessa associação, a planta é beneficiada pelo aumento de absorção de água e nutrientes, principalmente de fósforo que é um nutriente de baixa mobilidade (LACERDA et al., 2011).

Quando comparados a resultados encontrados com a mesma espécie, a taxa de colonização atingiu 23,3%, com a inoculação da cepa *Acaulospora morrowiae*, valores inferiores aos obtidos no presente estudo. A porcentagem de colonização micorrízica em raízes de plantas de *P. platycephala* foi influenciada pelo FMA, independentemente do regime de irrigação estudado, que foi dado pela suspensão de água em três ciclos, por doze, nove e sete dias (PORTO et al., 2020). Os mesmos autores observaram interação entre os FMA e a condição hídrica estudada para as variáveis número de folhas, matéria seca de raízes e matéria seca total, em que, a taxa de colonização micorrízica de *P. platycephala* foi influenciada pelos FMA, independentemente das condições hídricas, sendo considerada baixa aos 120 dias de cultivo nas condições estudadas.

Mello, Nascimento e Oliveira, (2017) afirmaram que o peso seco das mudas de *Hymenaea courbaril* L. também não se diferenciou significativamente entre os diferentes tratamentos de inoculação com as espécies de FMA (*Gigaspora margarita* e *Scutellospora heterogama*), no entanto, as maiores médias para o peso seco foram das mudas dos tratamentos inoculados com *G. margarita*. Esse resultado confirma que os FMAs são capazes de potencializar a absorção de nutrientes na solução do solo, aumentando a biomassa da planta colonizada, bem como, a resposta da planta pode variar com a espécie de fungo inoculada.

A presença de colonização micorrízica nas plantas, quando associada ao incremento promovido pela inoculação nas variáveis estudadas, indica grau de dependência micorrízica, podendo este ser variável, na qual está intimamente ligada às características genéticas inerentes de cada espécie (LACERDA et al., 2011). Esses mesmos autores constataram que a utilização de inoculação com *Glomus clarum* Nicol. & Schenck proporcionou aumento do diâmetro do coleto das mudas de *Campomanesia cambessedeano* O.Berg, *Sterculia striata* St.

Hil. & Naud, *Jacaranda cuspidifolia* Mart e *Inga laurina* (Sw.) Willd., a partir dos 90 dias da inoculação.

No entanto, para que a inoculação com Fungos Micorrízicos Arbusculares (FMAs) seja eficiente em espécies nativas, é necessário o conhecimento da condição micorrízica das espécies, ou seja, é preciso entender sobre a dependência micorrízica que a espécie a ser utilizada apresenta, cujas informações podem auxiliar na redução de custos total no processo de produção de mudas (MELLO; NASCIMENTO; OLIVEIRA, 2017). Para tal, este é um dos primeiros estudos avaliando colonização micorrízica com *P. platycephala*, testes acerca dessa temática ainda são incipientes, e investigar a dependência micorrízica é de fundamental importância com vistas a melhorar o processo produtivo da espécie principalmente pensando em recuperação de ambientes degradados.

O favorecimento ou não da utilização de FMA pode indicar uma diferença ecológica entre as espécies de fungos, deixando claro a importância de se estudar materiais genéticos diferentes. Além disso, os fungos provavelmente colonizam as raízes de acordo com suas taxas preferenciais de fósforo, assim, torna-se imprescindível suprir melhor as necessidades da planta nas diferentes condições do que as espécies aplicadas isoladamente (OLIVEIRA JÚNIOR et al., 2017), uma vez que, os FMAs, podem auxiliar na absorção de nutrientes e atuar diretamente no crescimento e sobrevivência das plantas, exercendo um papel essencial na manutenção de ecossistemas florestais (PORTO et al., 2020).

3.2 Componentes de variância, componentes principais e agrupamentos

A Tabela 5 mostra os valores estimados para os parâmetros genéticos ($p < 0,05$), obtidos para as seis variáveis investigadas, na avaliação de cinco progênies, em cada uma das populações de *Parkia platycephala* Benth., procedentes de Eugenópolis e Bom Jesus-PI, submetidas à inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

Os valores obtidos para a variância genética aditiva (σ_g^2), variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2), variância genotípica entre populações (σ_{popu}^2) e variância da interação progênies x ambientes (σ_{inte}^2), são todos inferiores aos valores observados na variância residual (σ_e^2). Estes resultados indicam baixa divergência genética entre as progênies, quando se avalia os caracteres de crescimento e biomassa (Tabela 5). Em contrapartida, os valores da variância fenotípica individual (σ_f^2) são maiores quando comparados aos valores da variância

residual (σ_e^2). Isso implica dizer que a ação conjunta dos fatores genéticos e ambientais promoveram uma diferenciação entre as progênies para os caracteres avaliados.

Tabela 5 - Componentes de variância (CV) para os caracteres diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca da parte da raiz (MSPR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

CV	DC (mm)	H (cm)	MSPA (g)	MSPR (g)	MST (g)	TC%
σ_g^2	0,02	1,01	0,02	0,03	0,06	2,69
σ_{parc}^2	0,16	1,15	0,05	0,07	0,16	15,29
σ_{popu}^2	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01	0,20
σ_{inte}^2	0,01	0,71	0,01	0,01	0,02	0,75
σ_e^2	1,09	7,04	0,31	0,47	1,04	101,18
σ_f^2	1,26	9,92	0,35	0,58	1,27	120,12
h_a^2	0,01 ^{ns±} 0,03	0,11 ^{ns±} 0,10	0,01 ^{ns±} 0,02	0,06 ^{ns±} 0,08	0,05 ^{ns±} 0,07	0,03 ^{ns±} 0,07
c_{parc}^2	0,13 ^{ns}	0,12**	0,13**	0,12**	0,13**	0,13**
c_{popu}^2	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
c_{inte}^2	0,01 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
r_{gloc}	0,49	0,26	0,50	0,42	0,44	0,47
FST	0,01	0,01	0,03	0,01	0,01	0,08
r_{gg}	0,28	0,40	0,08	0,35	0,22	0,01
Média Geral	2,15	10,86	2,04	2,16	4,2	87,42

Variância genética aditiva, livre da interação genótipos x ambientes (σ_g^2), variância ambiental entre parcelas (σ_{parc}^2), variância genotípica entre populações (σ_{popu}^2), variância da interação progênies x ambientes (σ_{inte}^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos (h_a^2), coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c_{parc}^2), coeficiente de determinação dos efeitos de populações (c_{popu}^2), coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênies x ambientes (c_{inte}^2), correlação genotípica entre o desempenho das progênies nos vários ambientes (r_{gloc}), índice de fixação (FST), acurácia genética (r_{gg}).

Fonte: (SOUSA, 2021)

Contudo, a variância genética aditiva (σ_g^2) foi superior à variância entre populações (σ_{popu}^2) para todos os caracteres avaliados, sugerindo que não há divergência genética entre e dentro das populações (Tabela 5). Resultados parecidos foram encontrados por Cruz et al.

(2020), estudando os parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênies de taxi-branco (*Tachigali vulgaris* L. G. Silva & H. C. Lima) em Roraima, onde houve uma predominância de diferenciação entre progênies e similaridade entre populações. Com isso, para maximizar ganhos genéticos e manter a variabilidade genética da espécie, deve-se investir em menor número de populações e maior número de indivíduos por população.

Em populações naturais, como é o caso das duas populações de *P. platycephala* avaliadas, é comum que indivíduos próximos tendam a se cruzar com maior frequência, evento este devidamente chamado de autofecundação aparente, apesar de apresentar um mecanismo que evite a autofecundação (auto-incompatibilidade), quando se avalia esses caracteres ocorre pouca diferenciação entre as populações, promovendo assim, oscilações na média e na variância de um caráter (MAIA, 2010).

A variabilidade existente entre as plantas de uma espécie alógama, como foi observado no presente estudo, pode ser explicada pelo fato de que cada planta tem uma constituição genética distinta. E a avaliação das propriedades genéticas dos caracteres de crescimento e biomassa nos estágios iniciais de crescimento é de grande utilidade para o melhorista que objetiva a identificação dos melhores progênies e procedências.

Apesar da estimativa geral das variâncias, entre e dentro de populações poderem ser uma ferramenta importantes para compreender e avaliar as condições de divergência de uma população, é indispensável uma maior investigação das melhores populações, onde a possível seleção deva ser praticada, bem como da intensidade dessa seleção (BALERINI et al., 2017).

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), a qual quantifica a proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração, variaram entre 0,01 a 0,11.

Partindo desse princípio, pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) e as análises de deviances, todos os caracteres apresentaram valores de magnitude baixa ($0,1 < h_g^2 < 0,3$), indicando que as variações em torno dessas características ocorrem na sua maior parte por efeitos do ambiente. Este coeficiente pode apresentar valores que variam de zero a um, ou seja, quando a variabilidade fenotípica possuir causas genéticas, a herdabilidade será igual a um, e igual a zero, quando a variação for unicamente de natureza ambiental (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Com isso, para os resultados observados, as variáveis apresentaram uma maior porcentagem de herdabilidade, variando de 1,0% a 0,11%, o que indica que a variabilidade nas características de crescimento, biomassa seca, sobrevivência e taxa de colonização são de origem ambiental (Tabela 5).

Os valores obtidos pelo coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c_{parc}^2), foram considerados valores significativos pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) e as análises de deviances, exceto para a variável diâmetro do coleto (Tabela 5). Em contrapartida, os resultados do coeficiente de determinação dos efeitos de populações (c_{popu}^2) e do coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênes x ambientes (c_{inte}^2) não foram significativos pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), nem pelas análises de deviances (Tabela 5).

De modo geral, o ambiente teve muita influência no experimento, apresentando valores entre 0,12 e 0,13 de coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c_{parc}^2) para todos os caracteres, constatando-se grande heterogeneidade ambiental entre parcelas. O parâmetro (c_{parc}^2) quantifica a variabilidade das parcelas dentro dos blocos, onde estimativas de até 10% não chegam a interferir na estimativa dos parâmetros genéticos (RESENDE, 2007). Em razão disso, pode-se inferir que ocorreu uma variação ambiental média entre parcelas e que as estimativas dos parâmetros genéticos podem ter sofrido influências do ambiente (NOGUEIRA et al., 2019).

Quando comparados aos valores dos efeitos de parcela (c_{parc}^2) e os de acurácia genética (r_{gg}), é possível entender a natureza dos resultados observados. As estimativas observadas para as variáveis não demonstram confiabilidade nos valores obtidos, o que pode explicar os valores significativos dentro das parcelas.

Os valores obtidos para as estimativas da acurácia não ultrapassaram o valor de 40%, o que revela baixa precisão experimental e, portanto, não apresentam segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres de crescimento e biomassa das mudas de *P. platycephala*. Sendo uma medida que está associada à precisão na seleção, a acurácia se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (RESENDE, 2002). Com isso, valores baixos de acurácia são considerados obstáculos à obtenção de ganhos genéticos mais significativos no melhoramento (PIMENTEL et al., 2014). Os resultados obtidos para acurácia mostram baixa precisão na amostra o que culmina na grande variação entre parcelas.

A correlação genotípica do desempenho das progênes nos vários ambientes (r_{gloc}) foi relativamente baixa (Tabela 5), variando de 0,26 a 0,50, denotando a existência de interação entre genótipos e ambientes. Existem locais com alta correlação genotípica, alguns com magnitude moderada e outros com baixa correlação. Baseando-se nestes resultados, essa

interação é do tipo complexa, ou seja, a seleção simultânea das progênies para os vários locais, não é a melhor estratégia para se obter ganhos satisfatórios em todos os ambientes estudados, posto que há alterações expressivas na classificação dos genótipos superiores frente às variações ambientais (CASTRO et al., 2018).

Corroborando com os parâmetros supracitados, não ocorreu diferenciação entre as populações estudadas (Bom Jesus e Eugenópolis) por meio da análise das variáveis de crescimento, biomassa seca e taxa de colonização das mudas de progênies de *P. platycephala*, submetidas à inoculação com *C. etunicatum* (Tabela 5). Os valores encontrados nas condições desse estudo para o índice de fixação (FST) variam de 0,01 a 0,03, o que implica aferir que a estrutura populacional em determinadas situações não gerou deriva genética suficiente para diferenciação das duas populações, ou seja, a frequência gênica e a ação gênica em relação aos caracteres avaliados não foram expressas o suficiente para divergência das populações (WRIGHT, 1978). O mesmo comportamento foi observado no primeiro capítulo deste estudo, que avaliou os caracteres biométricos de frutos e sementes, indicando que mesmo avaliando variáveis diferentes, as populações tendem a não apresentar diferenciação entre as mesmas.

A divergência genética não encontrada entre as populações de *P. platycephala* era esperada, tendo em vista que a espécie possui sistema reprodutivo do tipo alógamo, polinização a longa distância e dispersão a curta distância (CARDOSO et al., 2021).

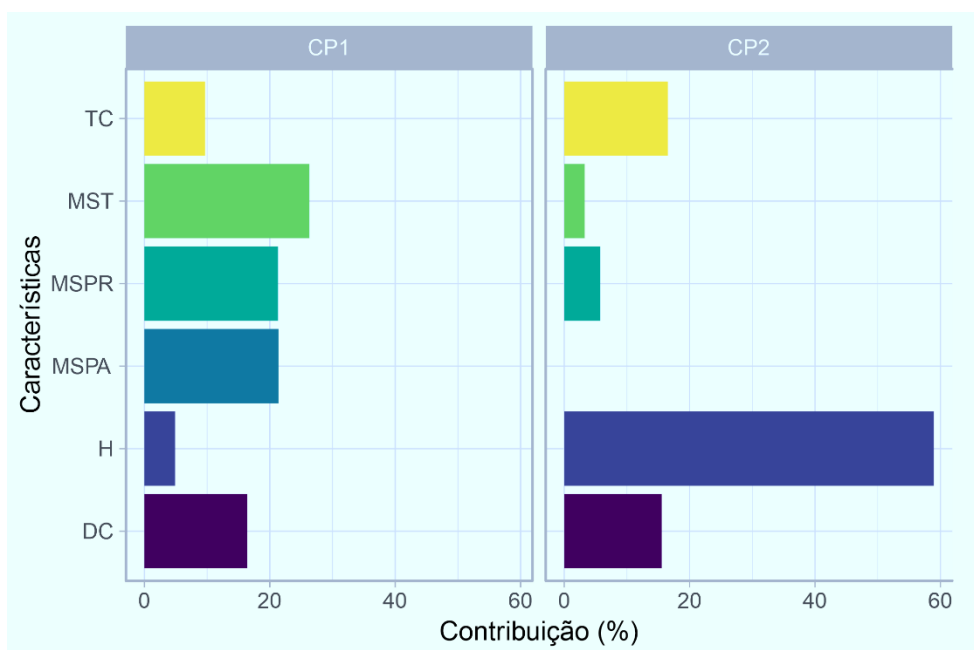
Silva (2020), ao avaliar a divergência genética, dessa mesma espécie, aos 34 meses, fazendo uso do teste da razão de verossimilhança (LTR), observou baixa diferenciação entre as populações para altura, porém, significativa para o diâmetro ao nível do solo. Por mais que sejam avaliações de caracteres diferentes, são resultados das mesmas populações e com os mesmos materiais genéticos. Contudo, vale ressaltar que, como as progênies de *P. platycephala* ainda sejam bastante jovens (idade), isso demonstra que há necessidade de continuação das avaliações para se obter informações mais precisas e concretas, ao longo do tempo.

De acordo com Hamrick e Loveless (1989), a semelhança genética observada entre as populações de espécies arbóreas nativas pode ser explicada pelos agentes polinizadores e dispersores inerentes às espécies, que, preferencialmente, são animais e, muitos deles, são capazes de percorrer longas distâncias, logo, favorecem o fluxo gênico entre as populações. Isso se deve à origem do material e diversidade dentro da população, que são fatores que afetam divergência entre as populações (OLIVEIRA et al., 2018), conforme observado no presente estudo.

Ao analisar a contribuição das variáveis para separação dos componentes principais, observa-se que a variável altura (H) e a massa seca total (MST) apresentaram uma maior proporção de contribuição com valores de 58,94% e 26,33%, respectivamente (Figura 9).

Resultados estes que corroboram com os estudos de Araújo et al. (2017), que, avaliando o crescimento e qualidade de mudas de *Schizolobium amazonicum* Huber ex Ducke, produzidas em substratos à base de resíduos orgânicos, detectaram que a MSPA, MST e H foram as variáveis que mais sofreram influência. Embora sejam condições de estudos diferentes (tratamentos) estes resultados confirmam a influência dessas variáveis quando se avalia a contribuição das mesmas para avaliação dos componentes principais.

Figura 9 - Análise de componentes principais (PCA) para os valores genotípicos comparando as variáveis, diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSPR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) e sua respectiva contribuição para os dois componentes principais (CP1 e CP2) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglomus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Esses caracteres morfológicos, com a altura, diâmetro de coleto, massa seca aérea, radicular e total, são os mais utilizados para caracterizar qualidade de mudas florestais, bem como pode auxiliar na detecção de divergência entre e dentro de populações (GOMES et al., 2019).

A avaliação dessas variáveis de crescimento, biomassa seca e taxa de colonização das mudas de progênies e populações de *P. platycephala*, submetidas à inoculação com *C. etunicatum*, foram avaliadas para identificar as características que mais contribuem para detecção da divergência genética entre as progênies e entre as duas populações estudadas, por meio do método de Singh (sem padronização de dados), utilizando a matriz de distância euclidiana média genética. Para tal, nota-se que a variável que mais contribuiu para diferenciação dos dois componentes principais CP1 e CP2 foi a altura (Figura 9).

Além de apresentar valores que favorecem a separação dos componentes principais, a variável altura (H) apresenta uma contribuição de 96,87% para detecção da divergência genética entre as progênies. Em contrapartida, a massa seca da parte aérea foi a variável que menos contribuiu para diferenciação das progênies estudadas. Esse parâmetro morfológico de avaliação de crescimento é de extrema importância, pois pode dar um indicativo de sobrevivência no campo, determinada pela ação conjunta dos fatores genéticos e ambientais que promovem o crescimento das plantas (GOMES et al., 2019).

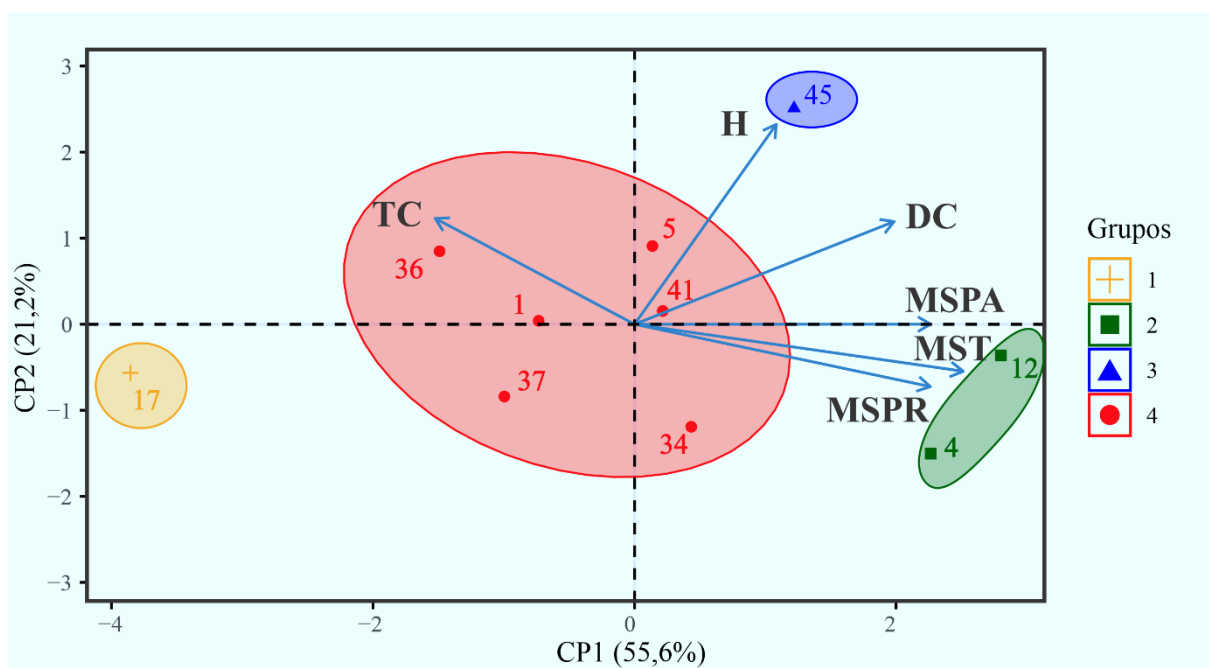
As relações observadas entre as variáveis de crescimento, biomassa seca e taxa de colonização podem ser visualizadas a partir da análise de componentes principais (PCA). A variabilidade dos dados foi explicada em 55,6% no eixo 1 e 21,2% no eixo 2, totalizando 76,8% da variabilidade total dos dados (Figura 10). Resultados condizentes aos observados por Araújo et al. (2017), que propõem que o número de componentes principais utilizado na interpretação dos dados deve ter um nível de explicação de, no mínimo, 70% da variância total dos dados originais.

No primeiro componente principal (CP1), as variáveis altura (H), diâmetro do coleto (DC), e biomassa seca (MSPA, MSSR e MST) foram correlacionadas de forma positiva, possibilitando a identificação de BJ41, BJ34, BJ45, EG5, EG4 e EG12 como as progênies que apresentaram maiores crescimento de crescimento e de biomassa seca (Figura 10). Já para o componente principal dois (CP2), as variáveis que se correlacionaram de forma positiva foram a taxa de colonização (TC), altura (H), diâmetro do coleto (DC) e massa seca da parte aérea (MSPA), permitindo a identificação das progênies BJ36, BJ45, BJ41, EG5 e EG1 como maiores produtoras de biomassa seca da parte aérea, altura, diâmetro do coleto e taxa de colonização (Figura 10).

As progênies que se encontram na parte mais periférica da Figura 10 são EG4, EG12, BJ45 e EG17, evidenciando propriedades específicas que as diferenciam das demais (a maioria) encontradas mais para o interior da figura, cujas médias estão mais próximas, e que

corroboram com a análise de agrupamento das progênies, em que, as mais distantes no plano cartesiano estão separadas em grupos distintos.

Figura 10 - Análise de componentes principais (PCA) para os valores genotípicos comparando as variáveis, diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSSR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglomus etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Em relação à taxa de colonização, as progênies BJ36, BJ37, EG17 e EG5 são as que apresentaram as maiores médias em relação a esta variável, indicando que esses indivíduos possuem uma maior capacidade de formação simbiótica como o fungo *C. etunicatum*.

Com isso, pela análise de agrupamento, foi possível a formação de quatro grupos distintos, que apresentam dissimilaridade entre si e similaridade dentro dos grupos (Tabela 6).

Observa-se que o grupo 1 se destaca pela representação de 60% das progênies agrupadas, indicando que as progênies BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG5 e EG1 são similares o suficiente para obter agrupamento entre si. Neste caso, o primeiro grupo se subdividiu em dois ramos, sendo formado pelas duas populações analisadas, Bom Jesus/PI e Eugenópolis/PI. Os demais grupos, por sua vez, ficaram isolados, pois, tratam-se de progênies mais distintas das demais (Tabela 6).

Tabela 6 - Agrupamento pelo método de Tocher, com base nas distâncias euclidianas médias genéticas de mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.

Grupos	Genótipos					
1	BJ37	BJ36	BJ34	BJ41	EG5	EG1
2	EG12	EG4				
3	BJ45					
4	EG17					

Bom Jesus (BJ), Eugenópolis (EG).

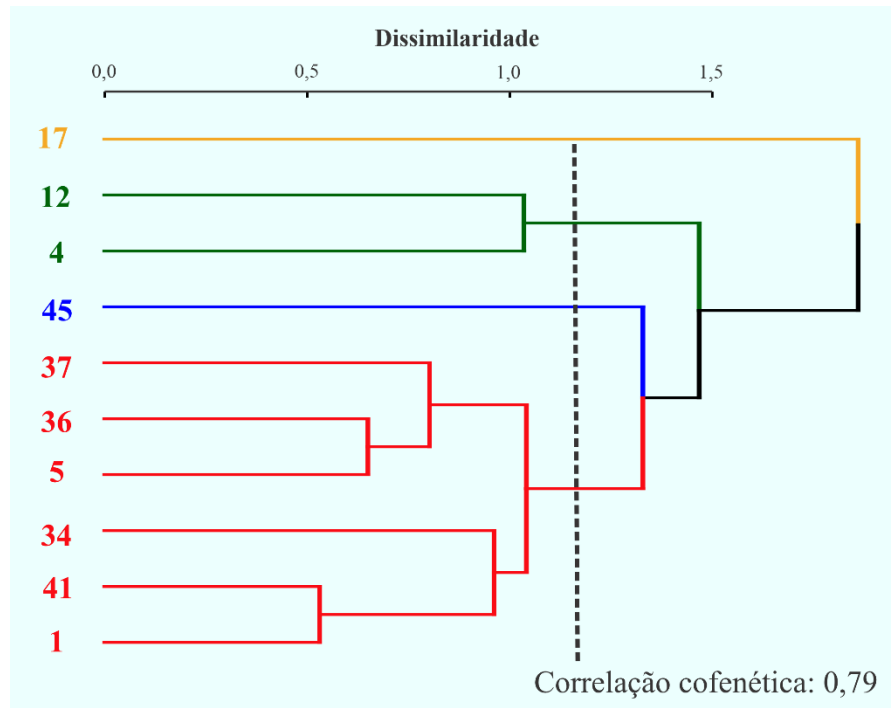
Fonte: (SOUSA, 2021)

Com base na análise de agrupamento de Tocher, a demonstração em forma de dendrograma comprova a distinção clara de 4 (quatro) grupos de genótipos dissimilares (Figura 11). Nessa matriz de coeficientes de dissimilaridade, estes concebem o grau de diferença entre os grupos, os quais foram agrupados de acordo com os graus de similaridade dentro dos grupos, de modo a ficarem segundo uma disposição hierárquica (Figura 11).

Na caracterização da divergência genética das espécies florestais, os pesquisadores têm o maior interesse em agrupar progênies similares, de maneira que as diferenças ocorram entre os grupos formados, bem como, os indivíduos reunidos em grupos mais distantes, podem ser considerados como promissores para possíveis cruzamentos, com vistas a subsidiar programas de melhoramento (CRUZ, 2018).

A representação da formação de grupos similares dentro e dissimilares entre si fornece valores cofenéticos, em que diz respeito à qualidade representativa desses grupos. Com isso, estes apresentam magnitude elevada, como observado nesse estudo (0,79), indicando que há boa representação das matrizes de dissimilaridade na forma de dendrogramas, independentemente do método usado (ALBUQUERQUE et al., 2006), ou seja, valores abaixo de 0,30 dessa correlação podem indicar distorções (Figura 11).

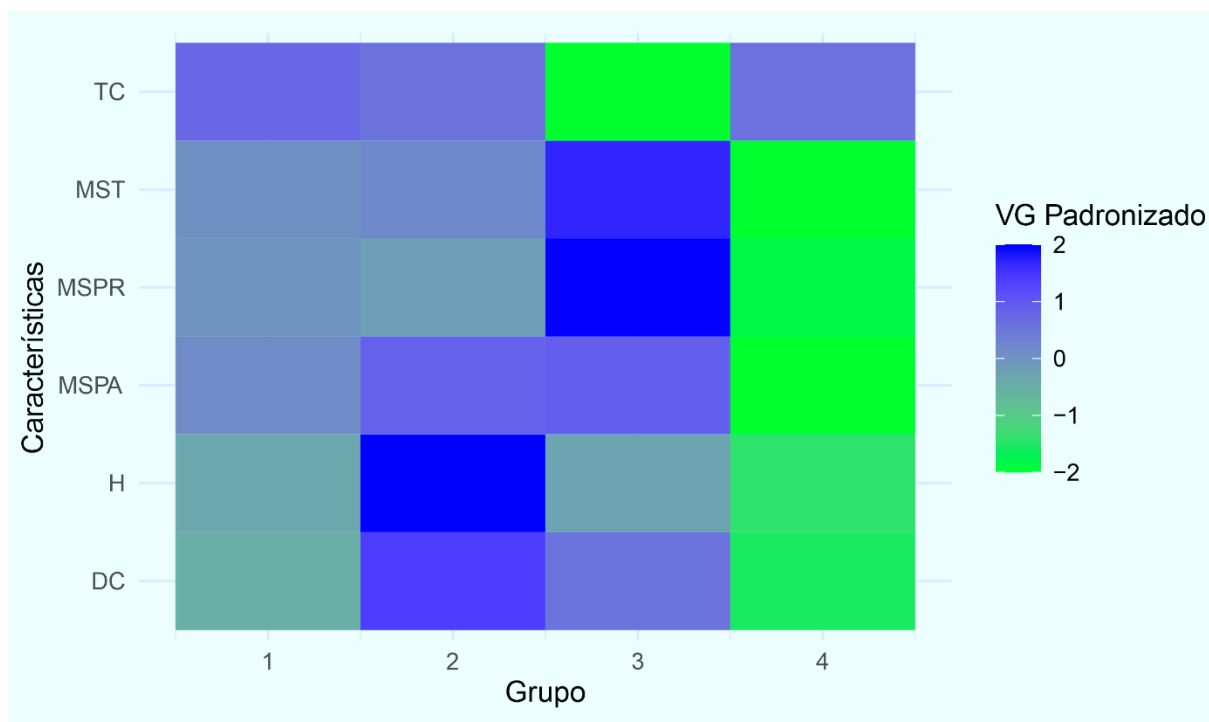
Figura 11 - Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre mudas de 10 progênies e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Glomus etunicatum* Becker & Gerd., obtidos com base na distância euclidiana média genética.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Tendo em vista, a complementariedade dessas análises, a representação em relação ao valor genético na formação dos grupos, por meio do gráfico em heatmap, permite avaliar quais as melhores progênies baseadas no valor genético que as variáveis representam. Nesse contexto, as cores mais intensas representam as maiores contribuições e as cores mais fracas são características dos indivíduos com contribuições em relação aos valores genéticos padronizados (Figura 12).

Figura 12 - Gráfico em heatmap para os grupos 1, composto pelas progêneses BJ37, BJ36, BJ34, BJ41, EG5, EG1; grupo 2, por EG12 e EG4; grupo 3, pela progênie BJ45; grupo 4, pela progênie EG17, em relação às variáveis diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca do sistema radicular (MSSR), massa seca total (MST) e taxa de colonização (TC) de mudas de 10 progêneses e duas populações de *Parkia platycephala* Benth., aos 90 dias após inoculação com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schussler.



Fonte: (SOUSA, 2021)

Ao observar o gradiente de cores, é possível identificar que, para o Grupo 1, composto por 60% das progêneses estudadas, constatou-se valores genéticos medianos para todos os caracteres (Figura 12). No Grupo 2, formado pelas progêneses EG12 e EG4, os valores genéticos foram altos para o diâmetro do coleto (DC), altura (H), massa seca da parte aérea (MSPA) e taxa de colonização (TC). Já para o Grupo 3, formado pela progênie BJ45, foi observado um baixo valor genético para taxa de colonização (TC) e altos valores para massa seca raiz (MSPR) e total (MST). Para o Grupo 4, representado pela progênie EG17, os valores genéticos foram baixos para a maioria das características, com exceção para taxa de colonização (TC).

Baseado na observação das características em relação ao seu valor genotípico, é possível a identificação das progêneses dos Grupo 1 e 2, sendo possível a seleção individualmente desses indivíduos, por apresentarem valores genéticos medianos a altos para

todos os caracteres avaliados, ou seleção entre grupos, visando o aumento da diversidade de caracteres.

A partir dos resultados encontrados, pode-se afirmar que a combinação dos resultados obtidos por avaliações fenotípicas no viveiro, com os resultados obtidos pelos valores genéticos quantitativos (genotípicos – BLUP), podem ser cruciais na melhoria da seleção de indivíduos promissores por meio da avaliação desses caracteres (BALERINI et al., 2017).

Mediante os resultados observados, é importante destacar, que há necessidade de avaliação dos materiais genéticos em outras fases de desenvolvimento, com vistas a garantir decisões operacionais mais precisas, tanto para o fornecimento de informações para os programas de melhoramento genético, como para os de recuperação de áreas degradadas.

4. CONCLUSÕES

A taxa de colonização das raízes de mudas das progênies de *P. platycephala*, aos 90 dias após inoculação com *C. etunicatum*, foi alta, atingindo percentuais acima de 80%.

Não houve efeito da inoculação sobre as variáveis diâmetro do coleto e altura, porém houve efeito positivo sobre as variáveis de produção de biomassa.

As progênies de *P. platycephala* diferem quanto ao diâmetro do coleto, altura, à massa seca da parte da raiz, massa seca total, sobrevivência e taxa de colonização.

Existe diferença na resposta entre e dentro de populações em relação à associação micorrízica com *C. etunicatum*.

O crescimento e biomassa das mudas de *P. platycephala*, submetidas à inoculação com fungo micorrízico arbuscular *C. etunicatum*, não apresentaram divergência genética por meio da estimativa dos parâmetros genéticos. Apresentando efeitos significativos somente para efeitos de parcela.

Ressalta-se que os resultados desta pesquisa foram obtidos em avaliações precoces (90 dias após a inoculação), devendo-se dar continuidade a estudos com *P. platycephala*, associada a diferentes espécies de fungos micorrízicos arbusculares, para acompanhar a performance dos materiais e identificar quais destes fornecem uma simbiose adequada, em menor tempo.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Quando avaliadas quanto a biometria de frutos e sementes, e contagem de número de sementes por fruto, foi possível observar divergência genética, na qual, as progênies de *P. platycephala* apresentaram dissimilaridade entre as progênies e similaridade entre as populações, onde o número de sementes por fruto foi a variável que mais contribuiu para essa diferenciação. Negando em partes a primeira hipótese estabelecida no trabalho, pois não existe divergência entre as populações estudadas.

Ao se avaliar o crescimento de mudas, foi possível observar que, taxa de colonização das raízes de mudas das progênies de *P. platycephala*, aos 90 dias após inoculação com *C. etunicatum*, atingiram percentuais acima de 80%. Existindo assim, diferença na resposta entre e dentro de populações em relação à associação micorrízica com *C. etunicatum*.

Diferentemente do primeiro capítulo, na avaliação do crescimento por meio dos parâmetros genéticos as mudas de *P. platycephala*, submetidas à inoculação com fungo micorrízico arbuscular *C. etunicatum*, não apresentaram divergência genética. Apresentando efeitos significativos somente para efeitos de parcela, indicando, uma grande influência dentro das parcelas estabelecidas.

Com os resultados observados no segundo capítulo do trabalho a segunda hipótese é negada, em vista que, as mudas de *P. platycephala* não apresentam divergência genética entre e dentro das populações. Porém a terceira hipótese é confirmada de que existe diferença entre e dentro das populações na resposta em relação à associação micorrízica com *Claroideoglossum etunicatum* (W.N. Becker & Gerd.) C. Walker & A. Schußler.

Ao final, se recomenda a escolha de indivíduos de todos os grupos formados pela análise de agrupamento, com vistas a realização de cruzamentos e obtenção de uma maior divergência genética. As análises realizadas, são estudos pioneiros para a espécie em questão, logo, sugere-se a realização de mais estudos genéticos e maiores teste em relação a sua dependência micorrízica com vistas a estabelecer qual fungo tem uma resposta mais satisfatória quando se avalia o crescimento e biomassa por meio desses parâmetros genéticos.

6. REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, M. A. et al. Estabilidade em análise de agrupamento: estudo de caso em ciência florestal. **Revista Árvore**, v. 30, n. 2, p. 257-265, 2006.
- ANDRADE, D. de S.; HAMAKAWA, P. J. Estimativa do número de células viáveis de rizóbio em solo e em inoculantes por infecção em plantas. In: HUNGRIA, M.; ARAÚJO, R.S. (Eds.) **Manual de métodos empregados em estudos de microbiologia agrícola**. Brasília: Serviço de Produção de Informação, Embrapa-CNPAP. Documentos, 46, 1994. p. 63-94.
- ARAÚJO, E. F. et al. Crescimento e qualidade de mudas de paricá produzidas em substratos à base de resíduos orgânicos. **Nativa**, v. 5, n. 1, p. 16-23, 2017.
- BALERINI, F. et al. Predição dos valores genéticos entre e dentro de populações de Goiabeira-Serrana [*Acca selowiana* (O. Berg.) Burret] em fase juvenil. **Revista Brasileira de Tecnologia Agropecuária**, v. 1, n. 2, p. 97-104, 2017.
- BATISTA, I. L. et al. Effects of *Parkia platycephala* on feeding behavior, rumen health, blood markers, and physiological responses of lactating goats. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 49, 2020.
- CASTRO, C. E. C. et al. Adaptabilidade, estabilidade e produtividade de progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 118, p. 157-166, 2018.
- CARDOSO, C. R. et al. Definição de área de coleta de sementes de *Parkia platycephala* com variabilidade genética adequada à restauração florestal. In: CARDOSO, C. R. et al. **Pesquisas agrárias e ambientais [livro eletrônico]: volume IV**. Pesquisas agrárias e ambientais: Pantanal, 2021, p. 101-121.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 3. ed. 2014, 518p.
- CRUZ, CD; REGAZZI, AJ; CARNEIRO, PC. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 4. ed. 2012. 414p.
- CRUZ, S. L. et al. Parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênies de taxi-branco (*Tachigali vulgaris*) em Roraima. **Ciência Florestal**, v. 30, n. 1, p. 258-0269, 2020.
- CRUZ, T. S. **Divergência fenotípica em variedades do gênero *Schizolobium* por caracteres biométricos e fisiológicos**. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Bahia, p. 74. 2018.
- DIAS, P. C. et al. Micorriza arbuscular e rizóbios no enraizamento e nutrição de mudas de angico-vermelho. **Revista Árvore**, v. 36, n. 6, p. 1027-1037, 2012.
- FARIA, T. M. et al. Micorrização e crescimento de progênies de *Hymenaea stignocarpa* Mart. ex. Hayne em subsolo de área degradada. **Ciência Florestal**, v. 23, n. 1, p. 233-243, 2013.

FERREIRA, F. D.; Sisvar: A Computer Statistical Analysis System. **Ciência e Agrotecnologia (UFLA)**, v. 35, n.6, p. 1039-1042, 2011.

FREIRE, J. M. et al. Symbiotic efficiency of inoculation with nitrogen-fixing bacteria and arbuscular mycorrhizal fungi in *Tachigali vulgaris* seedlings. **Revista Árvore**, v. 44, p. 1-11, 2020.

GERDEMAN, J. W.; NICOLSON, T. H. Spores of mycorrhizal *Endogone* species extracted from soil by wet sieving and decanting. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 46, p. 235-244, 1963.

GIOVANNETTI, M.; MOSSE, B. Na evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots. **New Phytologist**, v. 84, p. 489-500, 1980.

GOMES, S. H. M. et al. Avaliação dos parâmetros morfológicos da qualidade de mudas de *Paubrasilia echinata* (pau-brasil) em viveiro florestal. **Scientia Plena**, v. 15, n. 1, p. 1-10, 2019.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. The genetic structure of tropical tree populations: associations with reproductive biology. In: BOCK, J. H.; INHART, Y. B. (Eds.). **The Evolutionary Ecology of Plants**. Westview Press, Boulder, 1989. p. 129-146.

HUANG, G. M. et al. Mycorrhizal roles in plant growth, gas exchange, root morphology, and nutrient uptake of walnuts. **Plant, Soil and Environment**, v. 66, n. 6, p. 295-302, 2020.

JENKINS, W. R. A rapid centrifugal-flotation technique for separating nematodes from soil. **Plant Disease Report**, v. 48, p. 692, 1964.

KAMPA, M. B. et al. Variabilidade genética em progênies de *Campomanesia xanthocarpa* Mart. ex O. Berg em viveiro. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 125, p. 1-10, 2020.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**, 2020.

LACERDA, K. A. P. et al. Fungos micorrízicos arbusculares e adubação fosfatada no crescimento inicial de seis espécies arbóreas do cerrado. **Cerne**, v. 17, n. 3, p. 377-386, 2011.

MAIA, M. C. C. Sistema reprodutivo de populações alógamas e autógamias: modelo básico e equilíbrio. **Revista Agro@ambiente**, v. 4, n. 1, p. 53-54, 2010.

MELLO, A. H.; NASCIMENTO, S. F.; OLIVEIRA, G. F. Avaliação do desenvolvimento e dependência micorrízica do Jatobá (*Hymenaea courbaril* L.) Andréa. **Enciclopédia Biosfera**, v. 14, n. 25, p. 244, 2017.

MELO, L. A. et al. Qualidade e crescimento inicial de mudas de *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. produzidas em diferentes volumes de recipientes. **Ciencia Florestal**, v. 28, n. 1, p. 47-55, 2018.

MORENO, J.; LEÓN, J. D.; OSORIO, N. W. Tree seedling growth promotion by dual inoculation with *Rhizoglyphus fasciculatum* (thaxt.) sieverding, Silva & Oehl and mortierella sp., rhizosphere fungi for reforestation purposes, to promote plant P uptake and growth at the nursery state. **Acta Agronomica**, v. 65, n. 3, p. 239-247, 2016.

NASCIMENTO, I. L. et al. Superação da dormência em sementes de faveira (*Parkia platycephala* Benth.). **Revista Árvore**, v. 33, n. 1, p. 35-45, 2009.

NOGUEIRA, T. A. P. C. et al. Estimativa de parâmetros genéticos em progênies de irmãos completos de eucalipto e otimização de seleção. **Scientia Forestalis**, v. 47, n. 123, p. 451-462, 2019.

OLIVEIRA JÚNIOR, J. Q. et al. Dependency and response of *Apuleia leiocarpa* to inoculation with different species of arbuscular mycorrhizal fungi. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 41, p. 1-13, 2017.

OLIVEIRA, T. W. G. et al. Stability and adaptability for wood volume in the selection of *Eucalyptus saligna* in three environments. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 5, p. 611-619, 2018.

PHILLIPS, J. M.; HAYMAN, D. S. Improved procedures for clearing roots and staining paracitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection. **Transactions of the British Mycological Society**, v. 55, p. 158-161, 1970.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PORTO, D. L. et al. Arbuscular mycorrhizal fungi on the initial growth and nutrition of *Parkia platycephala* Benth. Under water stress. **Cerne**, v. 26, n. 1, p. 66-74, 2020.

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

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

SILVA, D. Y. B. O. **Variabilidade genética de teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth.** Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônômicas, Botucatu, p. 87. 2020.

SILVA, R. B. E. et al. Germinação e vigor de plântulas de *Parkia platycephala* Benth. em diferentes substratos e temperaturas. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 1, p. 142-150, 2017.

SIMÃO SOARES, M. T. et al. Qualidade de mudas de espécies arbóreas procedentes do

Bioma Pantanal e inoculadas com fungos micorrízicos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 37, n. 91, p. 311, 2017.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.

TEAM, R. **C. R: A language and environment for statistical computing** Viena R Foundation for Statistical Computing, , 2020.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix**, 2017.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** New York Springer-Verlag, , 2016.

WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978. 511p.

APÊNDICES

APÊNDICE 1. Tabela de análise de variância para variável Diâmetro do Coletor (DC).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Progenie	9	13,27	1,47	1,34	0,21
Bloco	5	19,50	3,90	3,55	0,01
Tratamento	1	3,72	3,72	3,39	0,06
População	1	0,01	0,01	0,01	0,94
Progenie*Tratamento	9	9,81	1,09	0,99	0,44
Erro	334	366,07	1,09		
Coefficiente de Variação	49,37				
Média Geral	2,12				

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 2. Tabela de análise de variância para variável Altura (H).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Progenie	9	393,57	43,73	5,59	0,00
Bloco	5	402,53	80,50	10,29	0,00
Tratamento	1	226,89	226,89	29,02	0,00
População	1	4,99	4,99	0,63	0,42
Progenie*Tratamento	9	52,20	5,80	0,74	0,67
Erro	334	2610,87	7,81		
Coefficiente de Variação	26,12				
Média Geral	10,70				

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 3. Tabela de análise de variância para variável Massa Seca da Parte Aérea (MSPA).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc	Pr>Fc
Progenie	9	3,21	0,35	1,11	0,35
Bloco	5	14,07	2,81	8,79	0,00
Tratamento	1	2,90	2,90	9,08	0,01
População	1	0,07	0,07	0,23	0,62
Progenie*Tratamento	9	2,36	0,26	0,82	0,59
Erro	334	106,86	0,32		
Coefficiente de Variação	28,06				
Média Geral	2,01				

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 4. Tabela de análise de variância para variável Massa Seca da Parte da Raiz (MSPR).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc Pr>Fc
Progênie	9	10,49	1,16	2,42 0,01
Bloco	5	24,70	4,94	10,26 0,00
Tratamento	1	0,57	0,57	1,19 0,27
População	1	0,97	0,97	2,02 0,15
Progênie*Tratamento	9	4,72	0,52	1,09 0,36
Erro	334	160,86	0,48	
Coeficiente de Variação	32,63			
Média Geral	2,12			

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 5. Tabela de análise de variância para variável Massa Seca Total (MST).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc Pr>Fc
Progênie	9	20,34	2,26	2,00 0,03
Bloco	5	71,59	14,31	12,68 0,00
Tratamento	1	0,89	0,89	0,79 0,37
População	1	0,50	0,50	0,45 0,50
Progênie*Tratamento	9	7,09	0,78	0,69 0,71
Erro	334	377,03	1,12	
Coeficiente de Variação	25,64			
Média Geral	4,14			

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 6. Tabela de análise de variância para variável Relação Raiz Parte Aérea (RRPA).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc Pr>Fc
Progênie	9	5,10	0,56	0,95 0,47
Bloco	5	1,85	0,37	0,623 0,68
Tratamento	1	4,17	4,17	7,01 0,01
População	1	1,95	1,95	3,28 0,07
Progênie*Tratamento	9	5,05	0,56	0,94 0,48
Erro	334	198,86	0,59	
Coeficiente de Variação	68,84			
Média Geral	1,12			

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 7. Tabela de análise de variância para variável Sobrevivência (S%).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc Pr>Fc
Progenie	9	250,00	27,77	4,73 0,00
Bloco	5	530,00	106,00	18,06 0,00
Tratamento	1	0,00	0,00	0,00 0,99
População	1	10,00	10,00	1,70 0,19
Progenie*Tratamento	9	0,00	0,00	0,00 1,00
Erro	334	1960,00	5,86	
Coefficiente de Variação	2,44			
Média Geral	99,16			

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)

APÊNDICE 8. Tabela de análise de variância para variável Taxa de Colonização (TC%).

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	Fc Pr>Fc
Progenie	9	978,88	108,76	1,22 0,28
Bloco	5	1748,88	349,77	3,92 0,00
Tratamento	1	672537,77	672537,77	7551,35 0,00
População	1	71,11	71,11	0,79 0,37
Progenie*Tratamento	9	978,88	108,76	1,22 0,28
Erro	334	29746,66	89,06	
Coefficiente de Variação	21,83			
Média Geral	43,22			

GL – Graus de Liberdade; SQ – Soma de Quadrados; QM – Quadrado médio. Teste de Skott-Knott ($p < 0,05$).
Fonte: (SOUSA, 2021)