

Parâmetros genéticos de teste procedências e progênes de *Parkia platycephala* Benth. em fase juvenil

Genetic parameters of test provenances and progenies of Parkia platycephala Benth. in juvenile stage

Clarice Ribeiro Cardoso¹, Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva², Séfora Gil Gomes de Farias³

RESUMO: O objetivo dessa pesquisa foi avaliar a sobrevivência e estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento em um banco de germoplasma de *Parkia platycephala*. Foram medidos os caracteres altura total (HT, m), diâmetro ao nível do solo (DNS, mm) e sobrevivência aos 32 e 44 meses. As progênes de *P. platycephala* apresentaram sobrevivência média de 64,6 e 64,4% aos 32 e 44 meses, respectivamente, e variabilidade genética entre procedências considerada de baixa magnitude nas idades avaliadas. Os valores de herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) indicando moderado controle genético, enquanto o coeficiente de variação genética ($CV_{gi}^{(%)}$) sugere alta variabilidade a nível individual. A acurácia seletiva de progênes (r_{aa}) para o DNS foi superior a 50% e tamanho efetivo populacional de 140, nas duas idades. Esses resultados demonstram que a base genética do teste é promissora para conservação, produção de sementes com fins ambientais e melhoramento genético.

Palavras-chave: Conservação *ex situ*; Genética de populações; Produção de sementes; Restauração florestal.

ABSTRACT: The objective of this research was to evaluate the survival and estimate genetic parameters for growth traits in a *Parkia platycephala* germplasm bank. The following traits were measured: total height (HT, m), diameter at ground level (DNS, mm) and survival at 32 and 44 months. The progenies of *P. platycephala* showed average survival of 64.6 and 64.4% at 32 and 44 months, respectively, and genetic variability among provenances was considered low at the ages evaluated. The individual heritability values in the strict sense (h_a^2) indicated moderate genetic control, while the coefficient of genetic variation ($CV_{gi}^{(%)}$) suggests high variability at the individual level. The selective accuracy of progenies (r_{aa}) for DNS was greater than 50% and the effective population size was 140 at both ages. These results demonstrate that the genetic basis of the test is promising for conservation, seed production for environmental purposes and genetic improvement.

Keywords: *Ex situ* conservation; Forest restoration; Population genetics; Seed production.

Autor correspondente: Clarice Ribeiro Cardoso

E-mail: clara-ribeiro94@outlook.com

Recebido em: 2023-09-24

Aceito em: 2024-07-01

¹ Doutoranda em Engenharia Florestal pela Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras (MG), Brasil.

² Doutoranda em Ciência Florestal pela Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (UNESP), Botucatu (SP), Brasil.

³ Doutora em Ciências Florestais pela Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Docente efetiva da Universidade Federal do Piauí (UFPI), Bom Jesus (PI), Brasil.

1 INTRODUÇÃO

A degradação ambiental, provocada principalmente pelo desmatamento, tem gerado grande preocupação devido as alterações e redução de habitats, extinção e diminuição do número de indivíduos de populações arbóreas (Cornacini *et al.*, 2017; Kulevicz *et al.*, 2020). Como consequência desse processo tem-se a fragmentação florestal, que causa o isolamento geográfico entre populações e a diminuição da densidade das espécies local (Aguiar *et al.*, 2020), favorecendo assim, o cruzamento entre indivíduos aparentados ou mesmo a autofecundação. Isso somado à ausência de agentes polinizadores, pode levar a diminuição da taxa de fecundação cruzada e fluxo gênico, aumento da deriva genética, favorecimento da depressão endogâmica (Kageyama; Gandara, 1998; Rocha *et al.*, 2009), e redução do potencial de uso dessas áreas para a coleta de sementes com ampla base genética para fins de restauração florestal (Pupin *et al.*, 2017).

Nesse contexto, buscar alternativas que fortaleçam as políticas públicas de recomposição da vegetação nativa, como o estabelecimento de áreas produtoras de sementes, a exemplo dos pomares de sementes por mudas é importante, uma vez que viveiros florestais e proprietários de terras precisaram ter fácil acesso a sementes de baixo custo, em quantidade e qualidade ideal para a restauração/recuperação ambiental. Além disso, obter propágulos (sementes) com alta variabilidade genética para esses fins garantem a sustentabilidade a longo prazo das árvores reflorestadas (Canuto *et al.*, 2015), e proporcionam maior probabilidade de conservação da espécie em meio as adversidades ambientais, a exemplo das mudanças climáticas.

O estabelecimento de pomares de sementes pode ser realizado após a seleção de indivíduos superiores em teste de procedências e progênes (Otsubo *et al.*, 2015), a partir do monitoramento da variabilidade genética de caracteres de crescimento, realizado pela estimativa de parâmetros genéticos, os quais possibilitam a seleção dos melhores fenótipos a compor o pomar (Andrade *et al.*, 2020; Cruz *et al.*, 2020). Além disso, a obtenção de indivíduos com alta variabilidade genética e desempenho silvicultural superior é importante para subsidiar trabalhos futuros de melhoramento florestal da espécie alvo, como também a conservação da diversidade genética e otimização de ganhos genéticos com a seleção (Oliveira; Higa; Silva, 2018; Silva *et al.*, 2022).

Dentre muitas espécies arbóreas nativas do Brasil que são, de alguma forma, exploradas excessivamente, destaca-se a *Parkia platycephala* Benth., pertencente à família *Fabaceae*, subfamília *Mimosóideae* e com ampla distribuição geográfica na região Norte e Nordeste do país (Lorenzi, 2013; Silva *et al.*, 2012). Conhecida popularmente como fava-de-bolota, faveira ou visgueiro, esta espécie pode ser encontrada nos biomas Cerrado, Caatinga, Floresta Amazônica, Mata Atlântica e regiões de transição Cerrado/Caatinga (Lorenzi, 2013; Gomes *et al.*, 2019).

Por ser uma espécie de múltiplos usos, seus frutos são bastante usados como suplemento alimentar de animais ruminantes (Alves *et al.*, 2007; Lorenzi, 2013), e suas sementes podem ser usadas em reflorestamento de áreas degradadas (Proto *et al.*, 2020). Por possuir um elevado potencial forrageiro, nos municípios do estado do Piauí, seus frutos/vagens são bastante explorados, principalmente quando há escassez de alimento (período seco do ano) (Silva *et al.*, 2012; Silva *et al.*, 2016). Dessa maneira, considera-se que esta atividade possa se tornar uma ameaça para a conservação genética da espécie futuramente, logo é necessário buscar meios que contribuam com a perpetuação na natureza, e uma delas é a conservação *ex situ* a partir da instalação de pomares de sementes.

Nessa perspectiva, objetivou-se avaliar a sobrevivência e estimar parâmetros genéticos para caracteres de crescimento dendrométrico em um teste de procedências e progênes de *Parkia platycephala*.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O teste de procedências e progênies de *P. platycephala* foi instalado em fevereiro do ano de 2017 na Fazenda Escola Alvorada do Gurgueia, pertencente à Universidade Federal do Piauí (UFPI) - *Campus* Professora Cinobelina Elvas (CPCE), localizada nas coordenadas 8°22'24.17" de latitude sul e 43°51'24.17" de longitude oeste, no município de Alvorada do Gurgueia, Piauí. O clima dessa região é considerado semiárido quente, classificado por Köppen como BSh (Köppen; Geiger, 1928), com precipitação pluviométrica média entre 700 e 1.200 mm ano⁻¹ que ocorre entre os meses de novembro a abril, e temperatura média mínima de 26°C e máxima de 37°C (Aguiar; Gomes, 2004).

As progênies utilizadas no teste são oriundas de matrizes de polinização livre, procedentes de Eugénópolis, São Gonçalo e Bom Jesus, municípios da região sudoeste do Estado do Piauí. Em campo, o experimento foi disposto em delineamento de blocos ao acaso (DBC), com espaçamento entre plantas de 3 x 3,5 m, 20 repetições (Blocos), 45 progênies (15 progênies de cada procedência) e uma planta por parcela. Aos 32 e 44 meses após o plantio, foram mensurados os seguintes caracteres de crescimento dendrométrico: altura total (HT, m), com o auxílio de uma vara graduada, e o diâmetro ao nível do solo (DNS, mm), por meio de um paquímetro digital. Além disso, também foi avaliada a sobrevivência das populações, para avaliar a adaptação da espécie ao local de plantio.

Considerando o desbalanceamento experimental dos dados coletados, as análises genético-estatísticas foram realizadas com o uso de metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML), a partir do software Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada (SELEGEN) (Resende, 2007). Utilizou-se dois modelos estatísticos após observar baixa divergência genética entre as procedências.

O primeiro modelo foi usado para verificar a existência de diferenças genéticas entre procedências, conforme apresentado na Equação 1.

$$y = Xr + Za + Ts + e \quad (1)$$

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); s é o vetor dos efeitos de população (aleatórios); e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Para as análises individuais e estimativas dos parâmetros genéticos, considerou-se o modelo utilizado quando se obtém dados referentes a experimentos de blocos ao acaso, progênies de meios irmãos, uma planta por parcela, de acordo com a Equação 2.

$$y = Xr + Za + e \quad (2)$$

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); e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas dos dois modelos representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2007). Dessa forma, os parâmetros genéticos estimados foram: h_a^2 = herdabilidade individual no sentido restrito, ou seja, dos efeitos aditivos; \hat{h}_m^2 = herdabilidade da média de progênies, ou seja, entre progênies; $CV_{gi}(\%)$ = coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{gp}(\%)$ = coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_e(\%)$ = coeficiente de variação experimental; \hat{b} = Coeficiente de variação relativa; $r_{\hat{a}a}$ $r_{\hat{a}a}$ = acurácia da seleção de progênies.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 SOBREVIVÊNCIA E VARIÂNCIA ENTRE PROCEDÊNCIAS

A sobrevivência é um fator importante para avaliar a adaptação da espécie ao local de plantio (Pupin *et al.*, 2017). Sendo assim, aos 32 e 44 meses de idade, as progênies de *P. platycephala* apresentaram uma taxa de sobrevivência média de 64,6 e 64,4%, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1. Sobrevivência das progênies e coeficiente de determinação dos efeitos de procedências ($\hat{c}_{proc}^2(\%)$), para os caracteres de crescimento em um teste de procedências e progênies de *Parkia platycephala* Benth., aos 32 e 44 meses após o plantio, Alvorada do Gurgueia, Piauí

Procedências	Taxa de sobrevivência (%)	
	32 meses	44 meses
Eugenópolis	67,00	67,00
São Gonçalo	58,00	57,66
Bom Jesus	68,66	68,66
Média	64,56	64,44
Caracteres	$\hat{c}_{proc}^2(\%)$	
ALT	0,006 ^{ns}	0,056 ^{ns}
DNS	0,012 ^{ns}	0,056 ^{ns}

** Significativo a 1% de significância para 1 grau de liberdade (Qui-quadrado tabelado: 6,63), ^{ns} não significativo, HT = altura total, DNS = diâmetro ao nível do solo, LRT = Teste da razão de verossimilhança.

Quanto à sobrevivência de cada procedência, é possível observar que apenas a procedência de São Gonçalo teve redução em seu percentual, passando de 58,0% aos 32 meses, para 57,7% aos 44 meses, já as progênies de Eugenópolis e Bom Jesus, demonstram estabilidade em seus valores para as duas idades analisadas, o que indica boa adaptação de suas progênies à região de plantio.

Observa-se ainda, que as progênies de Bom Jesus apresentaram maior percentual de sobrevivência, indicando, possivelmente, melhor adaptação ao local de plantio que as demais. Segundo Cornacini *et al.* (2017), para fins de conservação da variabilidade genética é importante manter no experimento indivíduos de melhor adaptação, evitando-se, dessa forma, a perda de alelos raros. Nesse sentido, as procedências de São Gonçalo e Bom Jesus foram as que tiveram melhor adaptação, com base na sobrevivência.

Resultados semelhantes de sobrevivência foi encontrado por Avelar *et al.* (2021) para *Eremanthus erythropappus* (DC.) aos 30 meses de idade (63%), e Cruz *et al.* (2020) para progênies de *Tachigali vulgaris* (L. G. Silva & H. C. Lima) aos 6, 12 e 18 meses após o plantio (62,1%, 50,9% e 50,7%, respectivamente). Conforme Sebbenn *et al.* (2009) em idade juvenil a seleção natural é mais intensa nos indivíduos endogâmicos, causando a eliminação desses indivíduos e com o aumento da idade esse padrão vai reduzindo.

A análise de Deviance demonstra ausência diferenças significativas a 1% de significância para os caracteres avaliados (Tabela 1). Este resultado sugere que a variabilidade genética entre procedências é baixa nessas idades de avaliação, o que consequentemente acarreta baixos ganhos genéticos com a seleção de indivíduos entre procedências. Sendo assim, a seleção de genótipos entre procedências não é recomendada nessas idades. Baixa variação genética entre procedências também foi observada por Morais *et al.* (2023), em populações naturais de *P. platycephala*, ao usarem técnicas moleculares.

Considerando que não foi observado diferenças significativas entre procedências de *P. platycephala*, para as análises individuais e estimativas dos parâmetros genéticos foi utilizado o segundo modelo descrito na metodologia (Equação 2).

3.2 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

As estimativas dos parâmetros genéticos para a altura total (HT) e diâmetro ao nível do solo (DNS) aos 32 e 44 meses de idade são apresentadas na Tabela 2.

A herdabilidade expressa a confiança no grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético, tendo o papel importante de quantificar a proporção aditiva da variância genética que pode ser herdável e passada para as próximas gerações (Vencovsky; BARRIGA, 1992; Canuto *et al.*, 2015). Nesse caso, para uma melhor interpretação desse coeficiente, de acordo com Resende e Alves (2020), herdabilidades entre 0,01 e 0,15 são consideradas baixas, entre 0,15 e 0,50 medianas/moderadas e superior a 0,50, consideradas altas.

Tabela 2. Parâmetros genéticos de progênies de *Parkia platycephala* para os caracteres adaptativos altura total e diâmetro ao nível do solo

Parâmetros	Variáveis			
	32 meses		44 meses	
	HT (cm)	DNS (mm)	HT (cm)	DNS (mm)
h_a^2	0,06±0,05	0,18±0,10	0,17±0,09	0,20±0,10
h_{mp}^2	0,24	0,49	0,47	0,52
$CV_{gi}(\%)$	5,16	9,74	7,20	8,73
$CV_{gp}(\%)$	2,58	4,87	3,60	4,36
$CV_e(\%)$	20,44	21,85	16,92	18,71
\hat{b}	0,12	0,22	0,21	0,23
$r_{\hat{a}a}$	0,49	0,70	0,68	0,72
Ne	140,32		140,33	
Média geral	286,67	61,17	359,39	79,81

h_a^2 = Herdabilidade individual no sentido restrito e em nível de média de progênies (h_{mn}^2), coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}(\%)$), genotípica entre progênies ($CV_{gp}(\%)$), experimental ($CV_e(\%)$) e relativa (CV_r), acurácia seletiva de progênies ($r_{\hat{a}a}$), diâmetro ao nível do solo (DNS), altura total (HT). Fonte: dados da pesquisa.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) observadas foram de baixa a moderada magnitude para altura total, com valores de 0,06 e 0,17 aos 32 e 44 meses, respectivamente, e moderada para o diâmetro ao nível do solo, cujos valores nas duas idades foram de 0,18 aos 32 meses e 0,20 aos 44 meses.

Os valores de herdabilidade média de progênies (h_{mp}^2), para os dois caracteres, variaram de 0,24 (HT aos 32 meses) a 0,52 (DNS aos 44 meses), sendo considerados de moderada e alta magnitude, respectivamente. Tais resultados demonstram que a seleção baseada na média de progênies/famílias é mais promissora, visto que apresentou resultados superiores aos encontrados na h_a^2 . Também é possível analisar

que o DNS, nas duas idades, apresentou estimativas mais significativas quando comparado a altura total, o que demonstra ser mais promissora para a obtenção de ganhos genéticos com a seleção. Pois as chances desses genes serem passados para as próximas gerações são maiores (Canuto *et al.*, 2015).

Apesar dos resultados apontarem que a seleção com base na h_{mp}^2 é mais promissora, a h_a^2 deve ser considerada quando se pretende selecionar indivíduos com base na variância genética aditiva, ou seja, a variância que é transmitida aos descendentes (Henriques *et al.*, 2017). Nesse caso, com base nos valores de h_a^2 estimadas nesse trabalho, verifica-se que a seleção precoce aos 32 e 44 meses de idade não é indicada, uma vez que os valores de h_a^2 não apresentaram altas magnitudes, o que pode ocasionar baixos ganhos genéticos com a seleção (Senna *et al.*, 2012; Pupin *et al.*, 2017).

Apesar da seleção precoce nas progênies de *P. platycephala* não ser promissora nas idades avaliadas, vale destacar que o monitoramento genético das progênies em estágio juvenil de crescimento tem muita utilidade para o pesquisador que tem o intuito de identificar os melhores indivíduos, famílias e procedências, como também analisar a eficiência da seleção precoce (Kageyama; Vencovsky, 1983). No caso da *P. platycephala* há escassez de estudo sobre a viabilidade de sua seleção precoce, o que ressalta a importância, a necessidade e a continuidade desse estudo.

Maior controle genético dos caracteres com o avanço da idade também foram observados por Henriques *et al.* (2017), ao avaliar progênies de *Eucalyptus urophylla* aos 1, 2, 3, 5 e 7 anos e Avelar *et al.* (2021) com progênies de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish.

A partir de estimativas do coeficiente de variação genética é possível investigar onde há maior grau de variação genética, se é entre indivíduos dentro de progênies/famílias ($CV_{gi(\%)}$) ou entre as progênies/famílias ($CV_{gp(\%)}$) (Cruz *et al.*, 2020). Segundo Sebbenn *et al.* (1998), valores desse coeficiente superiores a 7% são considerados altos.

Visto isso, observa-se que o coeficiente de variação genética aditiva individual $CV_{gi(\%)}$ apresentou alta magnitude, para altura, apenas aos 44 meses de idade ($CV_{gi(\%)} = 7,20$), enquanto para o DNS, as estimativas foram altas nas duas idades analisadas ($CV_{gi(\%)} = 9,74$ e $8,73$ aos 32 e 44 meses, respectivamente). Pelas estimativas dos coeficientes de variação genética aditiva individual ($CV_{gi(\%)}$) e genotípica entre progênies ($CV_{gp(\%)}$), nota-se que a população implantada apresenta variabilidade genética, a qual é confirmada pelo valor de tamanho efetivo populacional ($N_e = 140$).

Quanto as estimativas $CV_{gp(\%)}$, estas foram considerados de baixa magnitude ($< 7\%$) em todas as idades, o que demonstra que a variação genética existente entre os indivíduos das famílias é mais promissora para a seleção de fenótipos superiores que a variação entre as famílias. Tais evidências já eram esperadas, uma vez que progênies oriundas de polinização livre podem originar indivíduos com diferentes graus de parentesco (Sebbenn *et al.*, 2002).

Os valores do coeficiente de variação experimental ($CV_{e(\%)}$) variaram de 16,9% (para HT aos 44 meses) a 21,8% (para o DNS aos 32 meses) (Tabela 2). Observa-se que com o aumento da idade das progênies, houve um decréscimo nas estimativas desse coeficiente, isso pode ser um indicativo de que as progênies estão se adaptando ao local de plantio, portanto, reduzindo, a pressão ambiental sobre as plantas. Também é importante destacar que as estimativas desse coeficiente refletem diretamente nos resultados de herdabilidade, ou seja, quanto menor for o valor de $CV_{e(\%)}$, mais altas serão as estimativas de herdabilidades, como pode ser verificado nesse estudo.

A relação entre o $CV_{gp(\%)}$ e o $CV_{e(\%)}$ gerou baixos valores para o coeficiente de variação relativa (\hat{b}) (HT=0,12 e 0,21; DNS=0,22 e 0,23 aos 32 e 44 meses, respectivamente para os dois caracteres) (Tabela 1). Logo, pela obtenção de valores menores que “1” indicam situação desfavorável para a seleção (Vencovski;

Barriga, 1992), tendo em vista ainda a alta influência ambiental sobre o valor fenotípico (Henriques *et al.*, 2017).

Em relação a acurácia seletiva de progênies ($r_{\hat{a}a}$), observa-se valores moderados conforme classificação de Resende (2002), com estimativas entre $0,25 \leq r_{\hat{a}a} \leq 0,75$ para os dois caracteres estudados. Apesar dos baixos valores de \hat{b} , a acurácia assegura boa relação entre o valor verdadeira e o predito, o que leva a perspectivas de seleção e ganho (Moraes *et al.*, 2014). Conforme Resende (2002) estimativas de acurácia maiores que 50% ($r_{\hat{a}a}$) indica boa precisão na seleção dos genótipos e ganhos genéticos.

Numa análise geral dos resultados, nota-se que os valores genéticos estimados indicam possibilidade de exploração da variabilidade genética existente na população e a possibilidade de transformação do teste de procedências e progênies em um pomar de sementes por mudas, visto que os resultados de h_a^2 , $CV_{gi}(\%)$, $r_{\hat{a}a}$ e N_e são promissores, assegurando a seleção de progênies e indivíduos superiores para compor o futuro pomar, o qual diante do cenário de incentivos ambientais relacionados aos programas de restauração ambiental são fundamentais e indispensáveis.

Como foi observado, as estimativas de parâmetros genéticos aumentaram com o avanço das idades, deste modo, a continuidade e monitoramento da variação e estrutura genética do teste de progênies de *P. platycephala* é importante para nortear a conservação *ex situ* da espécie, como também conduzir as melhores estratégias de manejo e obtenção de sementes com ampla base genética.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Aos 32 e 44 meses a base genética das progênies de *P. platycephala* demonstra ser promissora para a formação futura de um pomar de sementes com fins de restauração florestal, como também a obtenção de ganhos genéticos com a seleção de genótipos superiores em programa de melhoramento genético. Entre os caracteres avaliados, o diâmetro ao nível do solo (DNS) apresenta maior controle genético, logo a seleção de genótipos superiores pode ser realizada com base nesse caractere.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, B. I.; FREITAS, M. L. M.; ZANNATO, A. S.; TAMBARUSSI, E. V.; MORAES, M. L. T.; AMBROSANO, M. N.; PEREIRA, L. C. S. M.; MENDES, F. B. G.; KAGEYAMA, P. Y.; SEBBENN, A. M. The effects of pollen dispersal and mating pattern on inbreeding depression and hybrid vigor in *Balfourodendron riedelianum* (Engl.) Engl. (Rutaceae). *Conservation Genetics*, v. 21, p. 305–317, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10592-020-01250-0>.

AGUIAR, R. B.; GOMES, J. R. C. **Projeto cadastro de fontes de abastecimento de água subterrânea: diagnóstico do município de Manoel Emídio**. Estado do Piauí. Fortaleza: Serviço Geológico do Brasil, 2004. 19 p. Disponível em: https://rigeo.cprm.gov.br/jspui/bitstream/doc/16076/1/Rel_ManoelEmidio.pdf. Acesso em: 10 jun. 2023.

ALVES, A.; SALES, R. O.; NEIVA, J. N. M.; MEDEIROS, A. N.; BRAGA, A. P.; AZEVEDO, A. R. 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. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352007000400034>.

- ANDRADE, H. S. F. A., BARONI, G. R.; BRANCALION, P. H. S., MORAES M. L. T., SILVA, P. H. M. Parâmetros genéticos de crescimento inicial e frutificação de *Dipteryx alata* Vogel em teste de progênie e espaçamento. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 126, e3074, 2020. DOI: <https://doi.org/10.18671/scifor.v48n126.17>.
- AVELAR, M. L. M., SILVA JÚNIOR, V. P., ROSADO, L. R., GONÇALVES, F. M. A., PAVAN A. J.; MELO, L. A. 2021. Caracterização genética no crescimento inicial de progênies de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish em Aiuruoca, MG, Brasil. **Hoehnea**, v. 48, e142020, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/2236-8906-14/2020>.
- CANUTO, D. S. O.; ZARUMA, D. U. G.; MORAES, M. A., SILVA, A. M., MORAES, M. L. T.; FREITAS, M. L. M. Caracterização genética de um teste de progênies de *Dipteryx alata* Vog. proveniente de remanescente florestal da Estação Ecológica de Paulo de Faria, SP, Brasil. **Hoehnea**, v. 42, n. 4, p. 641-648, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/2236-8906-13/RAD/2015>.
- CORNACINI, M. R.; SILVA, J. R.; LUZ, K. C.; CAMBUIM, J.; SANTOS, W.; MORAES, M. L. T.; AGUIAR, A. V. Desbaste seletivo em teste de procedências e progênies de *Astronium fraxinifolium* Schott com base na variabilidade genética. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 115, p. 581-591, 2017. DOI: <https://doi.org/10.18671/scifor.v45n115.15>.
- CRUZ, L. S.; PEDROZO, C. Â, OLIVEIRA, V. X. A., SILVA, A. M.; RESENDE, M. D. V.; GONÇALVES, D. A. Parâmetros genéticos e seleção inicial de procedências e progênies de taxi-branco (*Tachigali vulgaris*) em Roraima. **Ciência Florestal**, v. 30, n. 1, p. 258-269, 2020. DOI: <https://doi.org/10.5902/1980509831631>.
- GOMES, G. S.; SILVA, G. S.; SANTOS-SILVA, D. L.; ARAUJO, M. F. V.; OLIVEIRA, R. R.; GASPAR, J. C.; MARTINS, P. R. P.; OLIVEIRA, R. F.; CONCEIÇÃO, G. M. Leguminosae: Biodiversity and Taxonomy for the Northeast Region of Brazil. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science (IJAERS)**, v. 6, p. 95-110, 2019. DOI: <https://dx.doi.org/10.22161/ijaers.6.6.10>.
- HENRIQUES, E. P; MORAES, C. B.; SEBBENN, A. M.; TOMAZELLO FILHO, M., MORAES, M. L. T.; MORI, E. S. Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres silviculturais e densidade do lenho em teste de progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 113, p. 119-128, 2017. DOI: <https://dx.doi.org/10.18671/scifor.v45n113.11>.
- KAGEYAMA, P. Y.; VENCOVSKY, R. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (HILL) Maiden. **IPEF**, 9-26, 1983.
- KAGEYAMA, P. Y.; GANDARA, F. V. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Série Técnica - IPEF**. 65-70, 1998.
- KÖPPEN W; GEIGER R. "**Klimate der Erde**. Gotha: Verlag Justus Perthes", Wallmap 150cmx200cm, 1928.
- KULEVICZ, R. A.; OLIVEIRA, O. S.; POMPEU, N.; SILVA, B. A.; SOUZA, É. C. Análise da vulnerabilidade genética das florestas e argumentos para redução do desmatamento. **Revista Ambiente & Sociedade**, v. 23, e02222, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1809-4422asoc20170222r2vu2020L1AO>.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 4. ed. São Paulo: Instituto Plantarum, 2013.
- MORAES, C. B.; FREITAS, T. C. M.; PIERONI, G. B.; RESENDE, M. D. V.; ZIMBACK, L.; MORI, E. S. Genomic population structure of *Parkia platycephala* Benth. (Leguminosae) from Northeastern Brazil. **Genet Resour Crop Evolution**, v. 70, p. 251-261, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01431-5>.

OLIVEIRA, T. W. G.; HIGA, A. R.; SILVA, L. D. Parâmetros genéticos em teste de progênes de polinização aberta de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Scientia Forestalis**, v. 46, n. 118, p. 229-240, jun. 2018. DOI: <https://doi.org/10.18671/scifor.v46n118.09>.

OTSUBO, Helena de Cássia Brassaloti *et al.* Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão sul-mato grossense. **Revista Cerne**. v. 21, n. 4, p. 535-544, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/01047760201521041317>.

OTSUBO, H. C. B.; MORAES, M. L. T.; MORAES, M. A.; JOSÉ NETO, M.; FREITAS, M. L. M.; COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; SEBBENN, A. M. Variação genética para caracteres silviculturais em três espécies arbóreas da região do bolsão sul-mato grossense. **Revista Cerne**. v. 21, n. 4, p. 535-544, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/01047760201521041317>.

PALUDETO, J. G. Z.; PEREK, M.; MUNHOZ, L. V.; SANTOS, J. R. M.; PESCK, V. A.; TAMBARUSSI, E. V. Variabilidade genética em população base de *Eucalyptus viminalis* em idade juvenil. **Scientia Forestalis**, v. 48, n. 126, e3081, 2020. DOI: <https://doi.org/10.18671/scifor.v48n126.07>.

PUPIN, S.; FREITAS, M. L. M.; CANUTO, D. S. O.; SILVA, A. M.; MARIN, A. L. A.; MORAES, M. L. T. Variabilidade genética e ganhos de seleção em progênes de *Myracrodruon urundeuva* Fr. All. **Revista Nativa**, v. 5, n. 1, p. 59-65, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/2318-7670.v05n01a10>.

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

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

RESENDE, M. D. V.; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, 2020. DOI: <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a>.

ROCHA, Rodrigo Barros *et al.* Teste de procedência e progênes de Angico Vermelho (*Anadenanthera peregrina* (L.) Speg) visando o estabelecimento de pomar de sementes. **MG. BIOTA**, v. 2, n. 4. 2009.

SEBBENN, A. M. Número de árvores matrizes e conceitos genéticos na coleta de sementes para reflorestamentos com espécies nativas. **Revista do Instituto Florestal**, v. 14, n. 2. p. 115-132. 2002.

SEBBENN, A. M.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAES, E. Seleção dentro de progênes de polinização aberta de *Cariniana legalis* Mart. O. Ktze (Lecythidaceae), visando à produção de sementes para recuperação ambiental. **Revista Instituto Florestal**, v. 21, n. 1, p. 27-37, 2009. DOI: <https://doi.org/10.24278/2178-5031.2009211196>.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva - *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**. n. 53, p. 31-38, 1998.

SENNA, S. N.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M. Variação e parâmetros genéticos em teste de progênes de polinização livre de *Peltophorum dubium* (Sprengel) taubert em Luiz Antonio-SP. **Scientia Forestalis**, v. 40, n. 95, p. 345-352, 2012.

SILVA, D. Y. B. O.; FARIAS, S. G. G.; ARAUJO, P. C. D.; SOUSA, M. B., SILVA, R. B.; OLIVEIRA, C. V. A. Genetic variability of *Parkia platycephala* populations: support for defining seed collection areas. **Revista Caatinga**, v. 35, n. 4, p. 905-914, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/1983-21252022v35n418rc>.

SILVA, G. J. A. M.; SILVA, A. G. P. F.; RAIMUNDO, H. C.; JOSÉ DE ANCHIETA FERNANDES NETO, J. A.; ANDRADE, K. M.; LICHSTON, J. E. Plantas Forrageiras da Caatinga. **Revista Centauro**. v.7, n.1, p. 1-16, 2016.

SILVA, L. R. F.; ALVES, A. A.; VASCONCELOS, V. R.; NASCIMENTO, H. T. S.; MOREIRA FILHO, M. A. Nutritive value of diets containing pods of faveira (*Parkia platycephala* Benth.) for confined finishing sheep. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n.4, p. 1065-1069, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982012000400032>.

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