



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA E ESTRUTURA
POPULACIONAL DE *Dipteryx alata* Vog. DO CERRADO**

ELIAS EMANUEL SILVA MOTA

Orientador:

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

Goiânia, GO – Brasil

Outubro - 2017

ELIAS EMANUEL SILVA MOTA

**VARIABILIDADE GENÉTICA QUANTITATIVA E ESTRUTURA
POPULACIONAL DE *Dipteryx alata* Vog. DO CERRADO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

Coorientadora:

Prof^ª Dra. Thannya Nascimento Soares

Goiânia, GO – Brasil

2017

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Emanuel Silva Mota, Elias

Variabilidade genética quantitativa e estrutura populacional de *Dipteryx alata* Vog. do Cerrado [manuscrito] / Elias Emanuel Silva Mota. - 2017.

CVIII, 108 f.

Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves; co-orientador Thannya Nascimento Soares.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-Graduação em Genética & Melhoramentos de Plantas, Goiânia, 2017.

Anexos.

Inclui gráfico, tabelas.

1. baru. 2. parâmetros genéticos. 3. QST. 4. estrutura genética. 5. conservação. I. José Chaves, Lázaro, orient. II. Título.

CDU 575

Às minhas mães com muito amor
dedico, por me amar, amar, amar...

AGRADECIMENTOS

À Deus por ser o meu sol, alicerce e ensinar-me que a vida é... dura e bonita, feia e charmosa, desolada e alegre, segundos e décadas (de risos, amores, lutas e conquistas).

Aos presentes que me foram dados e os levo no coração como mães: Romilda Rosa Mota, Anair Marcelino e Alice Marcelino Mateus.

“Era uma vez
O dia em que todo dia era bom
Delicioso gosto e o bom gosto das nuvens
Serem feitas de algodão
Dava pra ser herói no mesmo dia
Em que escolhia ser vilão
E acabava tudo em lanche
Um banho quente e talvez um arranhão
Dava pra ver, a ingenuidade a inocência
Cantando no tom
Milhões de mundos e os universos tão reais
Quanto a nossa imaginação
Bastava um colo, um carinho
E o remédio era beijo e proteção
Tudo voltava a ser novo no outro dia
Sem muita preocupação”

Era uma vez (Kell Smith)

Ao meu mestre e orientador Dr. Lázaro José Chaves, terei uma eterna dívida e gratidão pelos ensinamentos e pelas palavras partilhadas que me deram ânimo, conforto e alegria para eu caminhar e chegar até o final da história “pós-graduação”. Terei o senhor, para todo o sempre, como exemplo a ser seguido. Obrigado e desculpe por dar tanto trabalho.

Aos meus irmãos que sempre me deram força e acreditaram em mim. Não poderia de deixar gravado o afeto e alegria que tenho pela gentileza e apoio que algumas irmãs me deram em especial. Obrigado, Aline Marcelino, Luciana Borges, Salma Lays e Raquel Rosa.

À minha amiga Stella Cristina, ufa, vencemos. Você foi uma das melhores alegrias que tive nesses anos de pós-graduação. Amo seu sorriso e seu jeito único que me faz sentir especial. Meu parabatai.

Aos meus amigos de infância, Mondrian Peixoto, Elaine Senna e minha sobrinha, neguinha, Talita Cristina Mamedes.

Aos meus padrinhos, Agenasci, João Borges e Antônio Carlos, por sempre me apoiarem e pelo aprendizado de vida que sempre tenho com vocês.

Aos amigos, confidentes e hoje irmãos do coração, Tony Ramille (pandinha), Rafael (Rafa), Leonardo (maninho), Cássio (mano), André Moreno, Evandro (moranguinho), Itamar (...), Helber (babu), Wesley, Anderlan, Hugo, Dhiego, Moabe e Rodrigo. Valeu turma “AmorSódeMãe”.

À Carolina, que me ajudou nos momentos difíceis do mestrado e doutorado. Hoje nos vemos pouco, mas saiba que serei eternamente grato pelas conversas e sorrisos que você me proporcionou.

À Anita, parceira na tomada dos dados, nos almoços, nas chuvas, compartilhando carrapatos, nas horas difíceis e claro, em momentos marcantes dessa caminhada. Poxa, pode voltar a trabalhar comigo. E vamos comer pamonha.

Aos amigos que fiz na pós-graduação, em especial a turma do LGBIO e do PGMP, Fernanda, Vanessa, Lays, Ramilla, Rejane, Cássia, Nick, Josimar, Uerick, Odilon, Rhewter, Tatiane e Ariany.

Quero agradecer ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e a todos os professores, na pessoa do professor Dr. Alexandre Siqueira Guedes Coelho, pela oportunidade de incrementar meus conhecimentos.

A todos que de alguma forma contribuíram para que eu pudesse completar toda essa caminhada. Fica o meu mais sincero, OBRIGADO!

RESUMO GERAL

MOTA, E. E. S. **Variabilidade genética quantitativa e estrutura populacional de *Dipteryx alata* Vog. do Cerrado.** 2017. 108 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.¹

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos de caracteres quantitativos de *Dipteryx alata*; inferir sobre a influência de fatores climáticos, edáficos e geográficos sobre a divergência fenotípica entre as subpopulações e comparar a estrutura genética populacional da espécie, com base em dados quantitativos e moleculares para inferir sobre a atuação dos processos adaptativos nas subpopulações. O estudo foi realizado em uma coleção de germoplasma de barueiro, localizado na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia – GO. A coleção de germoplasma foi implantada com 600 plantas em campo, em delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições e uma planta por parcela. As mudas provenientes da sementeira em meados de outubro de 2011 foram transplantadas para o campo em março de 2012. Foi também realizada uma avaliação em plantas matrizes das 25 subpopulações naturais, tendo sido coletados dados fenotípicos em amostras de folhas e inflorescências, em seis estados, amostrando seis plantas por subpopulação. Também foi obtida uma amostra composta de solo com subamostras coletadas na projeção das copas das plantas. As avaliações das plantas que compõem a coleção de germoplasma de barueiro da EA/UFG, para as finalidades deste estudo, iniciaram-se em março de 2013, sendo os acessos individuais caracterizados morfológica e agronomicamente. Os dados quantitativos da coleção e das subpopulações naturais foram submetidos à análise descritiva, à análise de variância e correlação entre os caracteres silviculturais. A partir dos componentes de variância foram estimados também os parâmetros genéticos de interesse. A comparação das estimativas de estrutura genética populacional a partir de dados de marcadores microssatélites (F_{ST}) e dados quantitativos (Q_{ST}) foi realizada via comparação entre as distribuições de probabilidade dos valores das duas estimativas, que foram geradas por meio de 10000 reamostragens via *bootstrap* paramétrico. Houve variação significativa, entre subpopulações e progênies dentro de subpopulações, para a maioria dos caracteres avaliados. Há variabilidade genética tanto entre quanto dentro de subpopulação de barueiro, com estruturação dependente da variável avaliada. Os caracteres, altura inicial, altura final, diâmetro inicial, diâmetro final, altura do fuste e diâmetro de copa apresentaram valores de herdabilidade maiores, tendo então, um maior potencial para ganho genético através de seleção e melhoramento. A matriz de distâncias geográfica apresentou correlação, de baixa magnitude, apenas com a matriz de distâncias dos dados fenotípicos de folhas e com a matriz de dados dos teores nutricionais de folhas. Os resultados dos testes de Mantel simples sugeriram que os fatores ambientais (clima e solo), assim como a distribuição geográfica das subpopulações têm associação, mesmo de pequena magnitude, com a divergência fenotípica entre as subpopulações. Dezoito dos vinte sete caracteres avaliados para a espécie sugerem que a deriva genética é a principal causa da diferenciação entre as subpopulações.

¹Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA – UFG.

Coorientadora: Profa. Dra. Thannya Nascimento Soares. ICB – UFG.

Palavras-chave: baru, parâmetros genéticos, Q_{ST} , estrutura genética, conservação.

GENERAL ABSTRACT

MOTA, E. E. S. **Quantitative genetic variability and population structure of *Dipteryx alata* Vog. from the Brazilian Cerrado.** 2017. 108 f. Thesis (Doctor of Science in Genetics and Plant Breeding)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2017.¹

The objective of this study was to estimate genetic parameters for quantitative traits of *Dipteryx alata*; to infer about the influence of climatic, edaphic and geographic factors on the phenotypic divergence among subpopulations and to compare the population genetic structure of the species, based on quantitative and molecular data, to infer about the adaptive processes in the subpopulations. The germplasm collection consists of 600 plants in the field, in a randomized complete block design, with four replications and one plant per plot. Seedlings from the sowing in mid-October 2011 were transplanted to the field in March 2012. A phenotypic evaluation was also carried out in the 25 natural subpopulations, in which leaf and inflorescence data were collected from adult plants in six states of Central Brazil, sampling six plants per subpopulation. A composite sample of soil was also obtained with subsamples collected in the projection of the canopy of the plants. The evaluations of the plants from the germplasm collection, for the purposes of this study, began in March 2013, being the individual accessions characterized morphologically and agronomically. The quantitative data of the collection and the natural subpopulations were submitted to descriptive analysis, analysis of variance and correlation between the silvicultural characters. From the variance components, the genetic parameters of interest were also estimated. The comparison of the population genetic structure via microsatellite marker (F_{ST}) and quantitative data (Q_{ST}) was performed based on the probability distributions of the values of the two estimates, which were generated by parametric bootstrap using 10000 resamples. There was significant variation between subpopulations and progenies within subpopulations, for most of the traits evaluated. There is genetic variability both among and within subpopulation, and its structuring is inherent to the evaluated variable. The traits, initial height, final height, initial diameter, final diameter, stem height and crown diameter showed higher heritability values, having a greater potential for genetic gain by selection and breeding. The geographic distances matrix showed low magnitude correlation only with the distances matrix of the phenotypic data of leaves and with the data matrix of the nutritional contents of leaves. The results of the Mantel tests suggested that the environmental factors (climate and soil), as well as the geographical distribution of the subpopulations are associated, even in small magnitude, with the phenotypic divergence among the subpopulations. Eighteen of the twenty seven characters evaluated for the species suggest that drift is the main cause of differentiation among subpopulations.

Key words: baru, genetic parameters, Q_{ST} , genetic structure, conservation.

¹ Advisor: Prof. Dr. Lázaro José Chaves. EA – UFG.

Co-Advisor: Profª. Dra. Thannya Nascimento Soares. ICB – UFG.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	11
2	VARIAÇÃO GENÉTICA QUANTITATIVA ENTRE E DENTRO DE SUBPOPULAÇÕES E PROGÊNIES DE <i>Dipteryx alata</i> Vog.....	14
	RESUMO.....	14
	ABSTRACT.....	15
2.1	INTRODUÇÃO.....	16
2.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	18
2.2.1	Caracteres avaliados.....	19
2.2.2	Parâmetros genético quantitativos.....	22
2.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
2.3.1	Caracteres agronômicos.....	25
2.3.2	Caracteres silviculturais.....	36
2.3.3	Caracteres morfológicos de folhas.....	44
2.4	CONCLUSÕES.....	47
2.5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	48
3	COMPARAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA QUANTITATIVA (Q_{ST}) E MOLECULAR (F_{ST}) EM SUBPOPULAÇÕES DE <i>D. alata</i> Vog.....	52
	RESUMO.....	52
	ABSTRACT.....	53
3.1	INTRODUÇÃO.....	54
3.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	56
3.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	60
3.4	CONCLUSÕES.....	68
3.5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	68
4	VARIAÇÃO FENOTÍPICA E ANÁLISE ESPACIAL EM SUBPOPULAÇÕES NATURAIS DE <i>Dipteryx alata</i> Vog.....	74
	RESUMO.....	74
	ABSTRACT.....	75
4.1	INTRODUÇÃO.....	76
4.2	MATERIAL E MÉTODOS.....	78
4.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	83
4.3.1	Caracterização.....	83
4.3.2	Análise de variância e estimativas de parâmetros fenotípicos.....	91
4.3.3	Análise espacial.....	94
4.4	CONCLUSÃO.....	99
4.5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	99
5	CONCLUSÕES GERAIS.....	104
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	105
	ANEXO.....	106

1. INTRODUÇÃO GERAL

A espécie *Dipteryx alata* Vogel (Fabaceae), conhecida como baru ou barueiro, é uma planta que possui uma ampla distribuição no Cerrado brasileiro e alto potencial de utilização/domesticação, pois apresenta várias possibilidades de uso (Almeida et al., 1998; Mota, 2013). Espécies nativas de usos múltiplos são aquelas que oferecem ao produtor recursos diversos ao longo de seu ciclo de vida, como folhas, frutos, flores, resinas, madeiras, cascas etc. Uma árvore de baru, por exemplo, aos 60 anos, oferecerá toras de madeira, mas, desde os cinco anos de idade, produz frutos cuja polpa alimenta o gado na seca e sua semente constitui amêndoa de excelente valor nutricional e energético (Ribeiro et al., 2008), com altos teores de proteínas e lipídios e alta concentração de ácidos graxos insaturados. Os ácidos graxos de maior ocorrência nas amêndoas de baru são o oléico e o linoléico. Os macro e micronutrientes de maiores teores são: potássio, fósforo, enxofre e ferro (Vera et al., 2009).

O barueiro é uma das espécies frutíferas nativas mais promissoras para cultivo, em razão de sua alta taxa de germinação de sementes e de estabelecimento de mudas (Mota, 2013). O consórcio dessa espécie com outras de atributos similares agrega renda à propriedade rural, trazendo recursos financeiros desde os primeiros anos de plantio, enquanto um capital de reserva está sendo acumulado para o futuro (Ribeiro et al., 2008). Pode-se ressaltar também o uso do barueiro em áreas a serem recuperadas, como reservas legais e de proteção ambiental, margens de rios e córregos, o que pode favorecer, em longo prazo, a sua conservação e a manutenção de outras espécies associadas ou usadas como alimento (Sano et al., 2004). Apresenta também grande importância ecológica para o bioma, sendo classificado como espécie chave do Cerrado por ser uma das poucas árvores que amadurece o fruto na estação seca e alimenta várias espécies da fauna em uma época de escassez de alimentos na região (Sano et al., 2004).

Devido ao seu potencial de mercado, o baru vem passando por estudos de caracterização genética, quantificação da sua variabilidade genética e fenotípica, estruturação e divergência genética, entre outros. O melhoramento genético é o principal processo de transformação de um componente da biodiversidade em um recurso genético e finalmente, em um produto com valor econômico no mercado moderno. Ele funciona como

um fator essencial para transformar e adaptar componentes da biodiversidade às necessidades do homem, pois o mercado exige alta qualidade com baixo custo, uma combinação raríssima na natureza (Clement, 2001).

A grande variabilidade genética existente entre e dentro de subpopulações, já constatada nos trabalhos com espécies nativas, constitui uma importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento. Esta variação atua protegendo a população contra as mudanças ambientais e climáticas, servindo também de base para a seleção e o cruzamento em programas de melhoramento (Loveless e Hamrick, 1984; Silva, 2003).

Borges (1980) ainda ressalta que o conhecimento da variabilidade existente em uma população a ser melhorada é o primeiro passo para a condução de um programa de melhoramento. O estudo da variação visa tornar claras as relações genéticas, quantificar o nível de variabilidade total existente e sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas. Isto vem proporcionando importantes contribuições ao melhoramento genético, ao gerenciamento de bancos de germoplasma, à conservação de recursos genéticos e ao entendimento dos processos evolutivos das espécies (Perssoni, 2007). Os caracteres quantitativos têm sido usados como bons indicadores para a determinação da variação entre e dentro de procedências.

A estratégia utilizada para estudo da variação genética via caracteres quantitativos fundamenta-se na estimativa, baseada totalmente no fenótipo observado, de parâmetros genéticos como herdabilidade, variância genética e correlação genética para os caracteres de interesse (Ferreira e Faleiro, 2008). Os caracteres quantitativos são aqueles controlados por vários genes e/ou muito influenciados pelo ambiente (Ramalho et al., 1993). E têm sido utilizados também para avaliar a divergência genética, baseando na quantificação da heterose, ou por processos preditivos. Os métodos preditivos de estudo da diversidade genética baseiam-se em diferenças agronômicas, morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de diversidade genética entre os genótipos (Cruz et al., 2012).

Para se obterem populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade agrônoma ou florestal é necessário identificar genótipos desejados na população sob seleção. Uma estratégia de eficiência comprovada para seleção desses genótipos é a combinação dos testes de procedências e progênies, que permitem a determinação do valor reprodutivo dos indivíduos selecionados, da estimativa de parâmetros genéticos, da estrutura genética e a seleção, orientando decisões práticas no

programa de melhoramento (Aguiar, 2004). Segundo Fernandes et al. (2004), as estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos a partir dos testes de progênies geram também informações sobre o potencial genético de indivíduos, famílias, clones, entre outros, a serem selecionados e/ou recombinados para um novo ciclo de seleção.

O teste de procedências e de progênies é uma das estratégias mais exploradas para a seleção e caracterização dos padrões de herança em espécies florestais. Os testes de progênies são realizados quando se deseja testar a superioridade que visualmente certo indivíduo apresenta. Pelo teste de progênies é possível saber se certo indivíduo é superior aparentemente devido à sua constituição genética superior, ou se é devido a uma condição ambiental favorável (Kageyama, 1980; Oda et al., 2007).

Segundo Paiva et al. (2002), a seleção com base em teste de progênies é sempre mais eficiente do que a realizada como base apenas no fenótipo das plantas individuais, pois avalia os indivíduos a serem selecionados e seus descendentes. É uma metodologia tradicional de fundamental importância para assegurar a escolha das melhores fontes de sementes e permitir o conhecimento da variação entre e dentro das populações nas diferentes origens geográficas.

Os testes de progênies, quando realizados para espécies vegetais perenes, possibilitam a comparação dos genitores em suas várias gerações, sem que se percam as árvores matrizes e, assim, selecionam-se aquelas superiores e promovem a sua recombinação (Oliveira, 1998). A utilização de um pomar de sementes por mudas a partir da seleção dos melhores indivíduos das melhores famílias nos ensaios dos testes de progênies dispensa a necessidade de se retornar às árvores matrizes, que originaram as progênies, pois a maior contribuição dos testes de progênies seria a determinação do valor genotípico dos melhores indivíduos, dando continuidade ao processo por meio da seleção recorrente (Namkoong, 1966).

O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos de caracteres quantitativos de *Dipteryx alata*; inferir sobre a influência de fatores climáticos, edáficos e geográficos sobre a divergência fenotípica entre as subpopulações e comparar a estrutura genética populacional da espécie, com base em dados quantitativos e moleculares para inferir sobre a atuação dos processos adaptativos nas subpopulações, a fim de contribuir para a elaboração de estratégias eficientes para o seu uso e conservação genética.

2. VARIAÇÃO GENÉTICA QUANTITATIVA ENTRE E DENTRO DE SUBPOPULAÇÕES E PROGÊNIES DE *Dipteryx alata* Vog.

RESUMO

O barueiro, devido a sua multiplicidade de usos e seu potencial de mercado é uma das espécies chave entre as frutíferas do Cerrado que devem ser priorizadas para estudos de domesticação e cultivo. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento de progênies de barueiro em campo e estimar parâmetros genéticos de caracteres quantitativos com a finalidade de subsidiar estratégias de conservação e utilização da variabilidade genética da espécie. O estudo foi realizado em uma coleção de germoplasma de barueiro, localizada na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia – GO. A coleção de germoplasma foi implantada com 600 plantas em campo, em delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições e uma planta por parcela. As mudas provenientes da semeadura em meados de outubro de 2011 foram transplantadas para o campo em março de 2012. As avaliações das plantas que compõem a coleção de germoplasma de barueiro da EA/UFG, para as finalidades deste estudo, iniciaram-se em março de 2013, sendo os acessos individuais caracterizados morfológica e agronomicamente. Os dados quantitativos foram submetidos à estatística descritiva e, posteriormente, à análise de variância. O modelo utilizado para avaliação das progênies foi o de blocos completos casualizados com delineamento hierárquico de tratamentos que considera o efeito de subpopulações e progênies dentro de subpopulações. A partir dos componentes de variância foram estimados também os seguintes parâmetros genéticos: herdabilidade entre médias de progênie, divergência genética quantitativa (Q_{ST}), coeficientes de variação genética, experimental e relativo e ganho de seleção em nível de indivíduo e progênie. Foram também estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres morfológicos e agrônômicos. À medida que as plantas foram desenvolvendo houve um melhor desempenho apresentado por algumas subpopulações. O maior desenvolvimento das progênies ocorreu no segundo e terceiro anos após o plantio, apresentando estas as maiores taxas de crescimento mensal e anual. Assim como esperado, o maior desenvolvimento das progênies ocorreu na estação chuvosa. Houve variação significativa, entre subpopulações e progênies dentro de subpopulações, para a maioria dos caracteres avaliados. Há variabilidade genética tanto entre quanto dentro de subpopulação de barueiro e sua estruturação é inerente à variável avaliada. Os caracteres, altura inicial, altura final, diâmetro inicial, diâmetro final, altura do fuste e diâmetro de copa obtiveram valores de herdabilidade relativamente maiores, tendo então, um maior potencial para ganho genético por meio de seleção e melhoramento. Os coeficientes de variação genético estimados para os caracteres indicaram uma pequena a média magnitude da variação genética em relação às médias dos caracteres. Para a maioria dos caracteres morfoagronômicos, os coeficientes de variação experimental apresentaram magnitude média e alta.

Palavras-chave: Caracteres morfoagronômicos, variabilidade, parâmetros genéticos, Cerrado.

QUANTITATIVE GENETIC VARIATION AMONG AND WITHIN SUBPOPULATIONS AND PROGENIES OF *Dipteryx alata* Vog.

ABSTRACT

Dipteryx alata (“baru tree”), due to its multiplicity of uses and its market potential, is one of the key species among the fruit trees of the Brazilian Cerrado that should be prioritized for studies of domestication and cultivation. The objective of this study was to evaluate the development of progenies of “baru tree” in the field and to estimate the genetic parameters of their quantitative traits with the purpose of subsidizing strategies of conservation and utilization of genetic variability of the species. The germplasm collection consists of 600 plants in the field, in a randomized complete block design, with four replications and one plant per plot at the experimental area of the Federal University of Goiás. Seedlings from the sowing in mid-October 2011 were transplanted to the field in March 2012. The evaluations of the plants for the purposes of this study began in March 2013, with the individual accessions being characterized morphologically and agronomically. The quantitative data were submitted to descriptive statistics and to analysis of variance. The model used for progeny evaluation was the randomized complete blocks with a hierarchical design of treatments that considers the effect of subpopulations and progenies within subpopulations. The following genetic parameters were estimated from the components of variance: heritability between progeny means, quantitative genetic divergence (Q_{ST}), coefficients of genetic, experimental and relative variation, and selection gain at the individual and progeny levels. The coefficients of phenotypic and genotypic correlation between the morphological and agronomic characteristics were also estimated. As the plants were developing there was a better performance presented by some subpopulations. The greatest development of the progenies occurred in the second and third year after planting, presenting the highest monthly and annual growth rates. As expected, the greatest development of progenies occurred in the rainy season. There was significant variation, between subpopulations and progenies within subpopulations, for most of the traits evaluated. There is genetic variability both among and within subpopulation, and its structuring is inherent to the each variable. The traits, initial height, final height, initial diameter, final diameter, stem height and crown diameter showed higher heritability values, thus having a greater potential for genetic gain through selection and breeding. The coefficients of genetic variation estimated for the characters indicated a small to the showed medium magnitude of the genetic variation in relation to the means of the characters. In most of the morphoagronomic traits, the coefficients of experimental variation showed medium to high magnitude.

Key words: Morphoagronomic traits, variability, genetic parameters, Cerrado.

2.1 INTRODUÇÃO

O barueiro (*Dipteryx alata* Vog.) é uma leguminosa arbórea (Fabaceae) que apresenta ampla distribuição dentro do Bioma Cerrado (Lorenzi, 1998, Sano et al., 2010b). Sua ampla distribuição geográfica lhe confere diversos nomes populares, como baru, cumaru ou cumbaru, coco-feijão, castaha-de-burro, entre outros (Lorenzi, 2002; Sano et al., 2004). Apresenta grande importância ecológica para o bioma, sendo classificado como espécie chave do Cerrado por ser uma das poucas árvores que amadurece o fruto na estação seca e alimenta várias espécies da fauna (mamíferos, aves, insetos), em uma época de escassez de alimentos na região (Sano et al., 2004). Faz parte do grupo de espécies nativas usadas pela população regional como fonte complementar de renda familiar, em função da sua grande potencialidade de utilização (Almeida et al., 1998). É uma das espécies frutíferas nativas mais promissoras para cultivo, em razão de sua alta taxa de germinação de sementes e de estabelecimento de mudas (Mota, 2013).

Uma árvore de baru, desde os cinco anos de idade, produz frutos, cuja polpa alimenta o gado na seca e sua semente constitui amêndoa de excelente qualidade nutritiva e energética. A amêndoa é consumida de diversas formas, torrada, pé-de-moleque, paçoca, rapadurinhas, cajuzinho e usada na produção de bebidas alcoólicas (baruzeto e licor de baru), panetone, bombom, entre outras receitas. A semente produz um óleo muito fino comparável ao de oliva, utilizado na indústria alimentícia e farmacêutica devido ao seu alto teor de ácido oléico e linoléico (Takemoto et al., 2001). O óleo também é utilizado como aromatizante para o fumo (Almeida, 1998). O consórcio dessa espécie com outras de atributos similares agrega renda à propriedade rural, trazendo recursos financeiros desde os primeiros anos de plantio, enquanto um capital de reserva está sendo acumulado para o futuro (Ribeiro et al., 2008). A produção de frutos por planta pode chegar a 5000 unidades, ressaltando que há variação na produção tanto entre árvores quanto entre os anos (Sano et al., 2004).

Devido a sua multiplicidade de usos e seu potencial de mercado, o barueiro é uma das espécies chave entre as frutíferas do Cerrado que devem ser priorizadas para estudos de domesticação e cultivo (Junqueira et al., 2008). A seleção praticada pelo homem visa explorar a variabilidade natural existente em uma dada população, de uma maneira direcional, procurando favorecer, para reprodução, apenas aqueles indivíduos que

manifestam características consideradas desejáveis para melhoramento, em função do uso a ser dado ao produto final (Vencovsky, 1978).

Para se obter sucesso nos programas de melhoramento, deve ocorrer, obrigatoriamente, a variabilidade na população onde se pratica a seleção, de modo que apareçam diferenças significativas entre os indivíduos envolvidos (Borges, 1980). Ao se planejar um programa de melhoramento genético, o primeiro problema que surge para o melhorista é o conhecimento da variabilidade existente na população a ser melhorada. Essa é a condição básica para a condução do programa, tendo em vista que a variação existente nos caracteres avaliados constitui a matéria-prima de seu trabalho (Oda et al, 2007).

Para se obterem populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade é necessário identificar genótipos desejados na população sob seleção. Uma estratégia de eficiência comprovada para seleção desses genótipos é a combinação dos testes de procedências e progênies, que permitem a determinação do valor reprodutivo dos indivíduos selecionados, da estimativa de parâmetros genéticos, da estrutura genética e a seleção, orientando decisões práticas no programa de melhoramento (Sampaio et al., 2000; Aguiar, 2004). Segundo Fernandes et al. (2004), as estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos a partir dos testes de progênies geram também informações sobre o potencial genético de indivíduos e famílias, entre outros, a serem selecionados e/ou, recombinados para um novo ciclo de seleção.

A seleção com base em teste de progênies é sempre mais eficiente do que a realizada como base apenas no fenótipo das plantas individuais, pois avalia não só os indivíduos a serem selecionados como também os seus descendentes (Paiva et al., 2002). A utilização dos testes de procedências e progênies é uma metodologia tradicional de fundamental importância para assegurar a escolha das melhores fontes de sementes e permitir o conhecimento da variação entre e dentro das populações nas diferentes origens geográficas. Complementarmente, a informação de procedência permite identificar a localização geográfica das populações que conservam maior variabilidade genética da espécie. Mediante isso, a informação de progênies permite caracterizar a fração herdável das características (herdabilidade) e o progresso genético com a prática da seleção (Cruz et al., 2004).

Os testes de progênies, quando realizados para espécies vegetais perenes, possibilitam a comparação dos genitores em suas várias gerações, sem que se percam as

árvores matrizes e, assim, selecionam-se aquelas superiores promovendo a sua recombinação (Oliveira, 2008). A utilização de um pomar de sementes por mudas a partir da seleção dos melhores indivíduos das melhores famílias nos ensaios de progênes dispensa a necessidade de se retornar às árvores matrizes, que originaram as progênes, pois a maior contribuição dos testes de progênes seria a determinação do valor genotípico dos melhores indivíduos, dando continuidade ao processo por meio da seleção recorrente (Namkoong, 1966).

Dentro deste contexto, o presente trabalho teve como objetivos: avaliar o desenvolvimento de progênes de barueiro (*Dipteryx alata*) em campo experimental *ex situ* e estimar parâmetros genéticos de caracteres quantitativos com a finalidade de subsidiar estratégias de conservação e melhoramento genético da espécie.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na Coleção de Germoplasma de Barueiro da UFG, localizado na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, a 16°35' 58" de latitude Sul, 49°16' 59" de longitude Oeste e 715 m de altitude. A coleção de germoplasma foi instalada com 600 plantas em campo, distribuídas em 150 progênes com 4 repetições, em delineamento de blocos completos casualizados, com espaçamento 3 m x 2 m. A coleta do material para formação da coleção foi realizada nos meses de outubro e novembro de 2011, em 25 áreas do bioma Cerradões dos Estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e São Paulo (Mota, 2013). As áreas de coleta com as respectivas coordenadas geográficas estão listadas na Tabela 2.1. Em cada uma das 25 subpopulações foram coletados frutos de seis matrizes, com coleta de 25 frutos por matriz para a instalação de experimento de progênes e procedências.

As mudas provenientes da semeadura em meados de outubro de 2011 foram transplantadas para o campo em março de 2012, na mesma estação chuvosa. Foram transplantadas para o campo, quatro mudas por progênie, em delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições e uma planta por parcela. O plantio em parcela de planta única é recomendado neste caso porque o experimento será usado como

pomar de sementes, sendo então, um mecanismo para evitar o cruzamento de indivíduos aparentados.

Tabela 2.1 Localidades e coordenadas geográficas das 25 subpopulações de *Dipteryx alata* Vog. amostradas no Cerrado.

Subpopulação	Município – Estado	Latitude	Longitude (O)	Altitude (m)
1	Cocalinho – MT	14° 09,495'	51° 15,004'	246
2	Água Boa – MT	13° 50,058'	52° 02,325'	292
3	Pirenópolis – GO	16° 00,220'	49° 01,506'	769
4	Sonora – MS	17° 50,337'	54° 42,776'	325
5	Alcinópolis – MS	18° 15,590'	53° 56,202'	407
6	Alvorada – TO	12° 26,471'	49° 07,329'	302
7	São Miguel do Araguaia – GO	13° 13,772'	50° 06,632'	362
8	Luziânia – GO	16° 44,108'	48° 07,032'	859
9	Icém – SP	20° 24,027'	49° 14,588'	477
10	Monte Alegre de Minas – MG	18° 58,789'	49° 01,394'	725
11	Estrela do Norte – GO	13° 49,789'	49° 08,394'	398
12	Santa Terezinha – GO	14° 31,526'	49° 37,244'	584
13	Arinos – MG	15° 55,371'	46° 07,986'	524
14	Pintópolis – MG	16° 04,354'	45° 11,215'	517
15	Paraíso das Águas – MS	18° 58,292'	52° 52,922'	672
16	Terenos – MS	20° 25,696'	55° 03,477'	257
17	Camapuã – MS	19° 31,509'	53° 56,607'	554
18	Indiara – GO	17° 14,260'	49° 57,722'	597
19	Barra do Garças – MT	16° 06,380'	52° 28,932'	316
20	Nossa Senhora do Livramento – MT	16° 14,704'	57° 32,844'	309
21	Jandaia – GO	16° 54,719'	50° 12,121'	613
22	Natividade – TO	11° 40,538'	47° 43,121'	327
23	Arraias – TO	12° 56,646'	46° 55,846'	721
24	Aquidauana – MS	20° 39,167'	55° 59,910'	222
25	Cárceres – MT	15° 40,722'	56° 18,895'	252

2.2.1 Caracteres avaliados

As avaliações das plantas que compõe a Coleção de Germoplasma de Barueiro da UFG, para as finalidades deste estudo, iniciaram-se em março de 2012, sendo os acessos individuais caracterizados morfológica e agronomicamente.

Os caracteres mensurados foram:

- a) Altura da planta: medindo-se da superfície do solo até o ápice da copa com o auxílio de uma trena. Foram consideradas as medidas inicial e final (ALTI e ALTF) com os dados tomados na primeira e última leituras.
- b) Diâmetro da planta: medindo-se a 10 cm do solo com o auxílio de um paquímetro digital. Foram também utilizados os diâmetros inicial e final (DIAI e DIAF) com os dados tomados na primeira e última leituras.
- c) Taxa de crescimento da altura (TCALT) e a taxa de crescimento do diâmetro (TCDA), calculadas estimando-se um coeficiente de regressão linear da variável original sobre o tempo, para cada planta, a partir dos dados obtidos das leituras de altura e diâmetro basal de cada planta durante quatro anos (de março/2012 a março/2016).

Estas variáveis, referente ao desenvolvimento das progênies, foram avaliadas entre março de 2012 e março de 2016. No primeiro ano foi realizada uma avaliação no segundo dia após o plantio (03/2012) e duas avaliações posteriores, a primeira, quatro meses após o plantio (07/2012) e a segunda no final da estação seca (09/2012). No segundo ano realizaram-se também três avaliações, a primeira no final da estação chuvosa (02/2013), a segunda três meses após (05/2013) e a terceira no final da estação seca (09/2013). No terceiro ano foram tomadas duas medidas, a primeira com o término da estação chuvosa (02/2014 - altura; 03/2014 - diâmetro) e a segunda no final da estação seca (08/2014 - altura; 09/2014 - diâmetro). Posteriormente foi tomada mais uma medida no final da estação seca (03/2015 - altura; 04/2015 - diâmetro) e outra um ano após (03/2016).

- d) Altura do fuste (ALTFU): correspondente à distância entre o nível do solo até a inserção da copa.
- e) Diâmetro à altura do peito (DIAP): medido a 1,20 m do nível do solo.
- f) Comprimento de copa: $CC = ALTF - ALTFU$.
- g) Diâmetro da copa (DC): obtido pela média de duas mensurações nas direções norte-sul e leste-oeste.
- h) Proporção da copa: $PC = CC / ALTF * 100$.
- i) Área de projeção da copa: $APC = DC^2 * \pi / 4$.
- j) Grau de esbeltez: $GE = ALTF / DIAP$.
- k) Índice de saliência: $IS = DC / DIAP$.
- l) Índice de abrangência: $IA = DC / ALTF$.
- m) Forma de copa: $FC = DC / CC$.

- n) Ângulo de inserção da folha ao ramo (ANGF), obtido com um medidor digital de ângulo, amostrando quatro folhas por acesso, aleatoriamente.
- o) Bifurcação (BI) e Retidão (RE): conforme diagrama apresentado no Anexo I e II.

Os índices morfométricos estimados para descrever as relações de dimensão das árvores amostras de *D. alata* (Figura 2.1) e fazer inferência sobre o crescimento destas foram tomados ao final do quarto ano após o plantio e seguiram as descrições de Durlo e Denardi (1998). Segundo estes autores, o grau de esbeltez é calculado pela relação ALT/DAP, em que, a altura total é medida em metros e o diâmetro à altura do peito (DAP), em centímetros. O índice de saliência é a relação entre diâmetro de copa, em metros e o DAP, em centímetros. O índice de abrangência se calcula pela relação entre o diâmetro de copa e a altura total da árvore, ambos em metros. Formas de copa é a relação entre o diâmetro de copa e a altura da copa, ambos em metros. A proporção de copa corresponde à relação entre o comprimento da copa e altura total da árvore, ambos em metros.

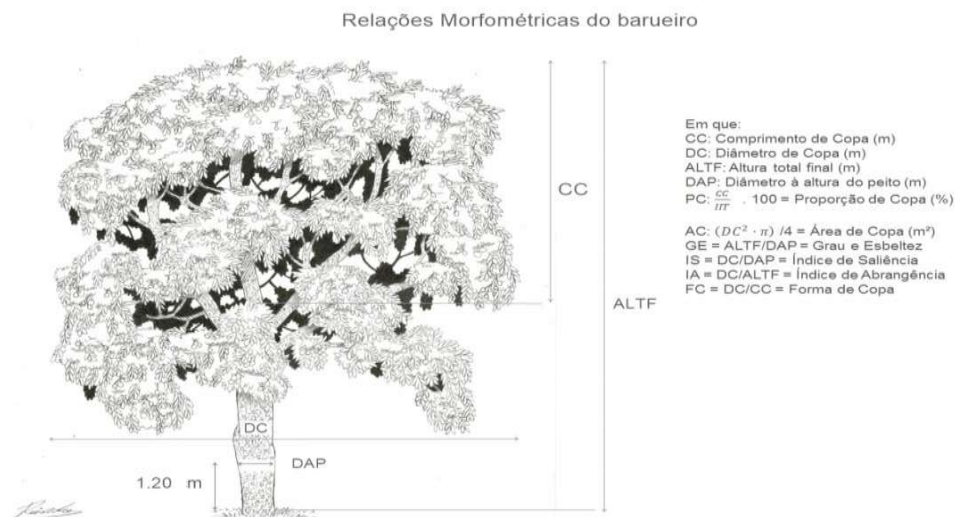


Figura 2.1 Modelo de uma árvore de barueiro e suas relações morfométricas, adaptado de Burger (1939). Desenho confeccionado pelo artista plástico Ricardo Ribeiro da Silva (Silva, 2017).

- p) Comprimento do folíolo (CFOL) e largura do folíolo (LFOL), sendo medidos dois folíolos por folha (o segundo e seu oposto) e um total de quatro folhas por planta, ao final do quarto ano após o plantio.
- q) Número de folíolos por folha (NFOL), sendo medidas quatro folhas por planta, ao final do quarto ano após o plantio.
- r) Tamanho total da folha (TTFO), em um total de quatro folhas por planta, ao final do quarto ano após o plantio.

2.2.2 Parâmetros genético-quantitativos

Os dados quantitativos foram submetidos à estatística descritiva e, posteriormente, à análise de variância (ANOVA). O modelo utilizado para análise foi o de blocos completos casualizados com delineamento hierárquico de tratamentos que considera o efeito de subpopulações e progênies dentro de subpopulações. O modelo utilizado foi:

$$Y_{ijk} = m + s_i + p_{j(i)} + b_k + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

Y_{ijk} : observação coletada da variável Y , na planta do bloco k , da progênie j , da subpopulação i ;

m : média geral das observações;

s_i : efeito aleatório da subpopulação i , ($i = 1, 2, \dots, S$);

$p_{j(i)}$: efeito aleatório da progênie j , dentro da subpopulação i , ($j = 1, 2, \dots, p_i$);

b_k : efeito aleatório do bloco k , ($k = 1, 2, \dots, B$);

e_{ijk} : efeito do erro experimental.

Baseado no modelo estatístico mencionado, utilizou-se o esquema de análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios (Tabela 2.2).

Tabela 2.2 Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios conforme o modelo estatístico hierárquico como efeitos de subpopulações e progênies dentro de subpopulações para caracteres quantitativos de *Dipteryx alata* Vog. avaliados em campo.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)
Blocos	B - 1		
Subpopulações	S - 1	Q ₁	$\sigma^2 + k_2\sigma_{P/S}^2 + k_3\sigma_S^2$
Progênies (Subpopulações)	P - S	Q ₂	$\sigma^2 + k_1\sigma_{P/S}^2$
Resíduo	(B - 1)(P - 1)-f	Q ₃	σ^2
Total	N - 1		

B: número de blocos (B = 4); S: número de subpopulações (S = 25); P: número total de progênies (P = 150); f: número de dados faltantes e N: número total de parcelas.

Valores de k correspondem aos coeficientes dos componentes de variâncias, calculados por:

$$k_1 = \frac{1}{M - S} \left[\sum_{i=1}^S \sum_{j=1}^{p_i} n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_{ij}} - \frac{1}{n_{i.}} \right) \right]; k_2 = \frac{1}{S - 1} \left[\sum_{i=1}^S \sum_{j=1}^{p_i} n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_{i.}} - \frac{1}{n_{..}} \right) \right]; k_3 = \frac{1}{S - 1} \left[\sum_{i=1}^S n_{i.}^2 \left(\frac{1}{n_{i.}} - \frac{1}{n_{..}} \right) \right]$$

sendo: n_{ij} : número de indivíduos na progênie j da subpopulação i ; n_i : número de matrizes da subpopulação i .

A partir dos componentes de variância foram estimadas a proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações (P_{Sub}) e a proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de subpopulações ($P_{Pro(sub)}$) (Mota, 2013). Utilizando também os componentes de variância e admitindo reprodução por alogamia, foi estimado o parâmetro Q_{ST} , que mede a diferenciação genética quantitativa entre subpopulações, para cada caráter avaliado, sendo:

$$Q_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_{Sub}^2}{\hat{\sigma}_{Sub}^2 + \frac{2}{1 + F_{IS}} \hat{\sigma}_a^2}$$

$\hat{\sigma}_{Sub}^2$: estimativa da variância entre subpopulações;

F_{IS} : índice de fixação intrapopulacional;

$\hat{\sigma}_a^2$: estimativa da variância aditiva dentro de subpopulações:

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4\hat{\sigma}_{Prog(Sub)}^2$$

A partir dos componentes de variância, que considerou apenas o efeito de progênie dentro de subpopulações, foram estimados também os seguintes parâmetros genéticos:

A herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{pro(sub)}^2}{\hat{\sigma}_{pro(sub)}^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{B}}$$

em que:

$\hat{\sigma}_{pro(sub)}^2$: variância genética entre progênies, dentro de populações;

$\hat{\sigma}^2$: estimativa da variância residual;

B = número de blocos.

O coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações:

$$CV_g = \frac{\hat{\sigma}_{prog(sub)}}{\hat{m}} \cdot 100$$

em que:

\hat{m} = média geral.

O coeficiente de variação residual:

$$CV_e = \frac{\hat{\sigma}_e}{\hat{m}} \cdot 100$$

Em que:

$\hat{\sigma}_e$: estimativa da variância residual.

O coeficiente de variação relativa:

$$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$$

O ganho de seleção foi estimado em nível de indivíduo (GS_{ind}) e de progênie (GS_{prog}), considerando-se que as 150 progênies são de meios irmãos e que, portanto, toda a variância entre elas é de natureza aditiva, com intensidade de seleção de 20% (portanto diferencial de seleção de 1,4). Para selecionar as melhores matrizes (seleção individual) ou as melhores progênies, e manter a coleção intacta, a seleção é realizada apenas do lado feminino.

Quanto ao ganho de seleção em percentual da média, foram estimados do seguinte modo:

$$GS_{prog} = \frac{1,4 \frac{(\hat{\sigma}_{prog}^2)/2}{\hat{\sigma}_{fen(prog)}}}{\hat{m}} \cdot 100 \quad GS_{ind} = \frac{1,4 \frac{(4\hat{\sigma}_{prog}^2)/2}{\hat{\sigma}_{fen(ind)}}}{\hat{m}} \cdot 100$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{fen(prog)}$: variância fenotípica em nível de progênies sendo $\hat{\sigma}_{fen(prog)}^2 = \hat{\sigma}_{prog}^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r}$

$\hat{\sigma}_{fen(ind)}$: variância fenotípica em nível individual sendo $\hat{\sigma}_{fen(ind)}^2 = \hat{\sigma}_{prog}^2 + \hat{\sigma}_e^2$

Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres morfológicos e agrônômicos avaliados. As correlações fenotípicas foram obtidas por meio de estimativas dos coeficientes de correlação linear simples e testadas utilizando-se o teste t. Essas análises de correlação foram realizadas no *software* R, usando-se o pacote “ds” e o procedimento “dscor”, por meio da expressão:

$$r_F = \frac{COV_{fen}(xy)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{fen(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{fen(y)}^2)}}, \text{ para o par de variáveis } x \text{ e } y.$$

A correlação genotípica foi calculada por meio da submissão dos dados experimentais coletados ao modelo 05 do programa Selegen-REML/BLUP. Este modelo fornece a matriz de covariância e correlações genéticas. A significância das correlações genéticas foi verificada pelo teste t ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A sobrevivência das progênies de *Dipteryx alata* implantadas na coleção *ex situ*, BAG-baru, foi alta, sendo de 99,83% (1º ano), 99,66% (2º ano), 98,33% (3º ano) e 97,00% (4º ano), respectivamente, o que indica ótima adaptação das progênies nas condições locais do experimento. Essa alta sobrevivência também está correlacionada aos tratos culturais realizados na coleção, como a poda semestral e irrigação feita a cada 15 dias na estação seca em seu primeiro ano após o plantio. Gomes (2011), avaliando teste de progênie de *D. alata* observou percentuais relativamente baixos de mortalidade, que também foram aumentando com a idade, sendo de 1,3% no primeiro ano de idade, 1,8% para o terceiro ano, 2,6% para o quinto ano.

2.3.1 Caracteres agronômicos

Após quatro anos do plantio em campo das progênies de barueiro, oriundas de 25 subpopulações, a média da altura passou de 14,19 cm (ALTI) para 306,84 cm (ALTF). Gomes (2011), avaliando teste de progênie da espécie em estudo, observou altura total média (para três procedências) de 380,00 cm no final do quinto ano após o plantio, valor este dentro do esperado para o próximo ano de acordo com as taxas de crescimento estimadas (Tabela 2.3). À medida que as plantas foram desenvolvendo houve um melhor desempenho apresentado por algumas subpopulações. O CV (%) e o intervalo de variação, mínimo e máximo, da ALTF corroboram com a afirmação de que as plantas apresentaram uma alta variação em seu crescimento (Tabela 2.3). As subpopulações que apresentaram as maiores médias para a variável ALTF foram, respectivamente, 4 (Sonora, MS), 15 (Paraíso, MS), 25 (Cárceres, MT), 13 (Arinos, MG), 8 (Luziânia, GO), 16 (Terenos, MS) e 24 (Aquidauana, MS).

Tabela 2.3 Média por subpopulação, valores mínimos e máximos (nível individual) e coeficientes de variação fenotípica (CV) de variáveis relacionadas à altura da planta de progênies de *Dipteryx alata* Vog. da Coleção de Germoplasma da EA/UFG.

Subpopulações	Caracteres					
	ALTI	ALTF	TCALT1	TCALT2	TCALT3	TCALT4
1	13,913	266,75	28,753	70,068	99,906	69,246
2	14,458	276,17	30,738	87,426	79,397	57,829
3	15,559	330,71	38,222	103,96	106,07	58,083
4	15,125	393,91	38,878	114,63	121,53	85,004
5	12,800	274,54	36,792	88,155	81,116	55,712
6	15,533	257,05	31,350	68,099	80,398	55,610
7	13,579	232,88	26,713	63,396	71,261	51,943
8	15,921	352,71	48,319	115,12	88,581	70,355
9	12,317	249,05	30,092	71,766	75,643	52,870
10	12,979	329,75	35,464	107,16	95,429	70,581
11	14,896	279,63	29,095	79,930	79,736	75,541
12	14,046	313,58	38,236	101,25	98,066	54,441
13	15,188	367,35	37,121	114,24	98,251	93,616
14	13,838	275,43	36,551	84,020	73,902	59,604
15	14,617	386,78	39,855	126,02	107,10	94,206
16	12,708	338,00	36,590	103,06	95,967	80,733
17	12,383	315,74	29,967	90,997	101,80	72,215
18	14,567	281,35	33,544	84,740	79,777	60,145
19	13,992	271,30	33,879	83,477	83,267	50,015
20	12,396	289,96	31,672	77,730	95,779	66,457
21	15,879	327,57	41,315	110,92	81,228	67,656
22	13,417	243,33	30,041	72,324	71,488	49,710
23	14,946	312,48	39,764	98,013	79,618	67,489
24	14,804	333,91	38,797	106,38	97,026	68,121
25	15,067	369,65	32,705	101,66	106,85	101,80
Média	14,197	306,84	34,977	92,984	90,037	67,703
Mínimo	8,0000	72,000	6,3000	4,0300	13,510	7,7700
Máximo	22,000	704,00	109,73	285,00	234,75	235,89
CV %	19,170	36,302	46,566	51,378	43,723	67,593

ALTI: altura das progênies inicial (cm); ALTF: altura das progênies final (cm); TCALT1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (cm/ano); TCALT2: taxa de crescimento da altura do segundo ano (cm/ano); TCALT3: taxa de crescimento da altura do terceiro ano (cm/ano) e TCALT4: taxa de crescimento da altura do quarto ano (cm/ano).

As taxas de crescimento (TC) da altura não apresentaram uma uniformidade entre os quatro anos avaliados e entre as estações. Os coeficientes e amplitudes, mínimas e máximas, de variação e as médias das subpopulações das TC demonstraram uma alta variabilidade entre as subpopulações e entre as plantas dentro das subpopulações (Tabela 2.3). O CV (%) variou de 43,73 a 67,59 para as TC nos quatro anos avaliados após o

plântio, e as médias das subpopulações variaram de 26,71 cm/ano a 48,31 cm/ano para a TCALT1; 63,39 cm/ano a 126,01 cm/ano para a TCALT2; 71,26 cm/ano a 121,53 cm/ano para a TCALT3 e 49,71 cm/ano a 101,80 cm/ano para a TCALT4. As subpopulações com as maiores TCALT média para os quatro anos avaliados foram, respectivamente: TCALT1 – 8 (Luziânia, GO), 21 (Jandaia, GO), 15 (Paraíso, MS), 23 (Arraias, TO) e 4 (Sonora, MS); TCALT2 – 15, 8, 4, 13 (Arinos, MG) e 21; TCALT3 – 4, 15, 25 (Cárceres, MT), 3 (Pirenópolis, GO) e 17 (Camapuã, MS); TCALT4 – 25, 15, 13, 4 e 16 (Terenos, MS).

O maior desenvolvimento das progênies de barueiro em seu crescimento longitudinal ocorreu no segundo e terceiro ano após o plantio, apresentando estes as maiores TCALT3 mensal e anual (Tabela 2.3 e Figura 2.2). Assim como esperado, a altura teve um maior desenvolvimento na estação chuvosa (Figura 2.2) e um decréscimo no desenvolvimento das plantas na estação seca.

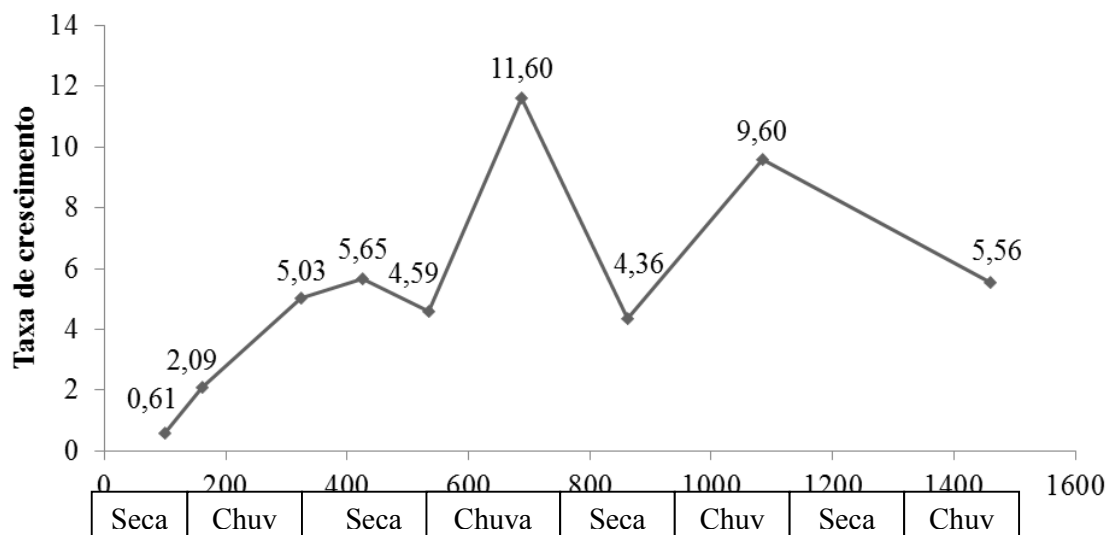


Figura 2.2 Taxa de crescimento mensal da variável altura (média geral), durante quatro anos, das progênies da Coleção de Germoplasmade *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG. Março/2012 a Março/2016.

A circunferência do caule, a 10 cm da superfície do solo, apresentou o mesmo padrão de crescimento, entre os anos e as estações, que a altura, no período de quatro anos após o plantio. As taxas de crescimento nos quatro anos avaliados demonstram a alta variação retratada em suas amplitudes de variação e seus coeficientes de variação. A amplitude mínima e máxima observada, respectivamente, foi de 1,070 mm/ano (TCDIA1) e 33,37 mm/ano (TCDIA2) e os CV's(%) foram todos altos, acima de 38,00 (Tabela 2.4).

Tabela 2.4 Média por subpopulação, valores mínimos e máximos (nível individual) e coeficientes de variação fenotípica (CV) do desenvolvimento do caracter diâmetro de progênes de *Dipteryx alata* Vog. da Coleção de Germoplasma da EA/UFG.

Subpopulações	DIAI	DIAF	TCDIA1	TCDIA2	TCDIA3	TCDIA4
1	4,8371	53,538	9,4463	13,313	13,752	11,285
2	5,4117	54,331	8,1321	15,884	12,433	8,9135
3	5,5992	57,663	9,0425	17,346	14,068	9,3842
4	5,6558	65,063	10,625	18,405	15,770	10,749
5	5,3829	56,618	8,8433	16,515	13,131	10,487
6	4,9738	47,346	7,4925	12,738	10,730	8,3445
7	5,2104	47,659	7,3538	12,800	10,519	9,2736
8	5,8863	62,421	11,213	19,165	15,117	8,1490
9	5,2467	53,091	8,3650	14,252	12,608	10,591
10	5,4563	61,523	8,4458	18,095	15,450	11,152
11	5,4100	53,232	8,7729	15,741	11,523	9,1758
12	5,3542	58,509	10,090	17,173	13,207	10,160
13	5,2550	65,526	10,372	18,220	16,997	11,066
14	5,1138	53,689	9,1639	14,850	12,335	9,1136
15	5,2129	63,683	10,547	19,341	15,220	9,6452
16	5,1004	64,625	10,537	17,705	15,702	11,905
17	5,0778	56,542	8,7025	14,770	14,900	10,664
18	5,8196	53,879	9,0013	15,838	10,920	9,9404
19	5,8500	55,984	8,8252	15,130	13,564	9,9564
20	5,3121	58,186	8,1413	16,248	14,799	10,926
21	5,6829	60,773	10,502	18,085	13,083	10,618
22	5,1879	50,309	7,9963	14,580	11,166	8,9925
23	5,0888	54,961	8,7421	14,965	13,578	10,127
24	5,6379	63,045	10,983	19,213	13,526	10,837
25	5,8358	61,568	9,4425	17,084	15,166	10,635
Média	5,3837	57,365	9,2275	16,303	13,576	10,094
Mínimo	2,7300	24,270	1,0700	3,4300	2,4300	1,3200
Máximo	7,5700	93,530	23,810	33,370	32,640	29,480
CV %	13,696	23,829	40,774	38,495	43,689	38,858

DIAI: diâmetro das progênes inicial (mm); DIAF: diâmetro das progênes final (mm); TCDIA1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (mm/ano). TCDIA2: taxa de crescimento do diâmetro do segundo ano (mm/ano); TCDIA3: taxa de crescimento do diâmetro do terceiro ano (mm/ano) e TCDIA4: taxa de crescimento do diâmetro do quarto ano (mm/ano).

O segundo e terceiro anos também foram os de maiores desenvolvimento das progênes em campo e o maior crescimento também ocorreu na estação chuvosa (Figura 2.3). A média do diâmetro final (DIAF) foi de 57,36 mm (5,736 cm). As subpopulações com melhor desenvolvimento para a variável DIAF foram (Tabela 2.4), respectivamente, 13 (Arinos, MG), 4 (Sonora, MS), 16 (Terenos, MS), 15 (Paraíso, MS), 24 (Aquidauana,

MS), 8 (Luziânia, GO) e 25 (Cárceres, MT), sendo as mesmas com melhor desempenho para a ALTF e em sua maioria, são subpopulações da região do Mato Grosso do Sul. O melhor desempenho para as TCDIA foi retratado pelas seguintes subpopulações: TCDIA1 - 8 (Luziânia, GO), 24 (Aquidauana, MS), 4 (Sonora, MS), 15 (Paraíso, MS) e 16 (Terenos, MS); TCDIA2 - 15 (Paraíso, MS), 24, 8, 4 e 13 (Arinos, MG); TCDIA3 - 13, 4, 16, 10 (Monte Alegre de Minas, MG) e 15; TCDIA4 - 16, 1 (Cocalinho, MT), 10, 13 e 20 (Várzea Grande, MT).

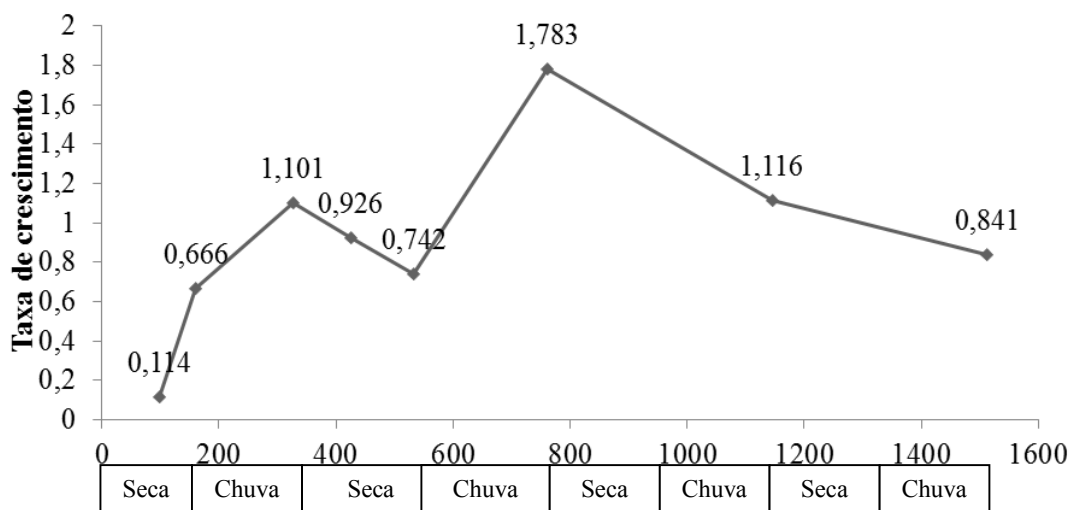


Figura 2.3 Taxa de crescimento mensal do diâmetro (média geral), durante quatro anos, das progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG. Março/2012-Março/2016.

O baixo crescimento das progênies de *D. alata* no primeiro ano está ligado ao fato de terem sido plantadas no final da estação chuvosa, sendo assim, nos meses da estação seca o suprimento de água que recebiam foi todo por irrigação (a cada 15 dias), e também devido ao estresse provocado pelo transplantio. Outro fator relevante é que as plantas do Cerrado realizam primeiro o crescimento da parte subterrânea, para o suprimento de água, devido às duas estações (seca e chuva) bem definidas a que estão sujeitas. Este comportamento foi observado em trabalho realizado em casa de vegetação com o barueiro (Mota, 2013) e outras frutíferas nativas do Cerrado, Cagaita (Novaes, 2014) e Jatobá-do-cerrado (Castro, 2016). Uma alternativa a ser avaliada poderia ser o plantio direto de sementes no solo, em que a planta poderia ter um melhor desenvolvimento ao se evitar o transplantio.

Tabela 2.5 Subpopulação, matriz e progênie (identificação em campo) das plantas com florescimento e frutificação precoce da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Subpopulação	Matriz	Progênie	Ano	
			2014/2015	2015/2016
1 (Cocalinho, MT)	1	1		1
1 (Cocalinho, MT)	2	2		1
1 (Cocalinho, MT)	3	3	1	1
1 (Cocalinho, MT)	4	4	1	
1 (Cocalinho, MT)	5	5	1	1
3 (Pirenópolis, GO)	4	16		1
3 (Pirenópolis, GO)	6	18	1	
4 (Sonora, MS)	1	19		1
4 (Sonora, MS)	3	21	1	1
4 (Sonora, MS)	4	22	1	1
4 (Sonora, MS)	5	23		1
5 (Alcinópolis, MS)	4	28	1	1
6 (Alvorada, TO)	1	31	1	1
8 (Luziânia, GO)	4	46	1	
9 (Icém, SP)	2	50		1
10 (Monte Alegre de Minas – MG)	4	58	1	1
12 (Santa Terezinha, GO)	1	67	1	1
13 (Arinos, MG)	1	73		1
13 (Arinos, MG)	2	74		1
15 (Paraíso das Águas, MS)	3	87	1	1
16 (Terenos, MS)	3	93		1
16 (Terenos, MS)	4	94	1	1
17 (Camapuã, MS)	4	100	1	1
17 (Camapuã, MS)	6	102		1
20 (Nossa Senhora do Livramento, MT)	2	116	1	2
20 (Nossa Senhora do Livramento, MT)	4	118	1	1
20 (Nossa Senhora do Livramento, MT)	6	120	1	1
23 (Arraias, TO)	6	138	1	1
24 (Aquidauana, MS)	1	139		1
24 (Aquidauana, MS)	3	141	1	1
24 (Aquidauana, MS)	4	142		1
25 (Cárceres, MT)	4	148		1
25 (Cárceres, MT)	5	149		1

Algumas progênies apresentaram floração e frutificação precoce com três (3,220% do total) e quatro (5,320% do total) anos após o plantio (Tabela 2.5). A maioria dessas progênies é oriunda de subpopulações do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul e apresentaram melhor desenvolvimento para os caracteres referentes à altura e ao diâmetro.

Podem-se destacar as subpopulações 4 (Sonora, MS), 15 (Paraíso, MS), 25 (Cárceres, MT), 13 (Arinos, MG), 16 (Terenos, MS), 24 (Aquidauana, MS) e 8 (Luziânia, GO). E para o caráter produção precoce é importante ressaltar a subpopulação 1 (Cocalinho, MT) e 20 (Nossa Senhora do Livramento, MT) que tiveram, respectivamente, 5 e 4 plantas produzindo no terceiro e/ou no quarto ano de avaliação (Tabela 2.5).

Houve variação significativa, entre subpopulações e progênies dentro de subpopulações, para a maioria dos caracteres avaliados relacionados à altura e diâmetro (Tabela 2.6 e 2.7). A excessão foi para as variáveis, taxa de crescimento da altura em seu quarto ano (entre progênies dentro de subpopulação), taxa de crescimento do diâmetro no segundo e terceiro ano (entre progênies dentro de subpopulação) e taxa de crescimento do diâmetro em seu quarto ano (para os dois níveis hierárquicos avaliados). Mota (2013), trabalhando com as mesmas plantas em casa de vegetação, Siqueira et al. (1993), Gomes (2011) e Zaruma (2014), também trabalhando com teste de progênie em *D. alata*, detectaram variabilidade significativa para os caracteres ligados diretamente à altura e ao diâmetro.

Para os caracteres de desenvolvimento, altura e diâmetro (iniciais e finais), a variabilidade genética está estruturada com maior concentração entre progênies dentro de subpopulações. Já para as taxas de crescimento, houve uma maior variabilidade genética entre progênies dentro de subpopulações para a TCALT1, TCALT2, TCDIA1 e TCDIA4. As taxas de crescimento, TCALT3, TCALT4, TCDIA2 e TCDIA3 demonstraram uma maior variabilidade genética entre subpopulações (Tabela 2.6 e 2.7). Portanto, há variabilidade genética tanto entre quanto dentro de subpopulação de barueiro, e sua estruturação está inerente a cada variável avaliada. Mota (2013), também obteve maior concentração da variabilidade genética entre progênies dentro de subpopulação para a maioria dos caracteres agronômicos correlacionados ao desenvolvimento de plântulas do barueiro em viveiro.

Tabela 2.6 Análise de variância de caracteres relacionados à altura da planta de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Fonte de Variação	Quadrado Médio											
	GL	ALTI	GL	ALTF	GL	TCALT1	GL	TCALT2	GL	TCALT3	GL	TCALT4
Blocos	3	94,978 ***	3	124236 ***	3	1558,1 ***	3	31175 ***	3	11785 ***	3	3994,9 ^{NS}
Subpopulações	24	30,825 ***	24	47395 ***	24	577,72 ***	24	6888,2 ***	24	4142,1 ***	24	4687,3 ***
Progênie (Subpopulação)	125	12,722 ***	125	14786 ***	125	292,12 ^{NS}	125	2510,6 **	125	1681,8 *	125	1988,4 ^{NS}
Resíduo	447	4,0750	424	8935,0	438	231,65	430	1757,2	426	1292,9	412	1961,4
P_{Sub} %		25,867		48,059		43,993		49,165		51,291		94,331
$P_{Pro(Sub)}$ %		74,133		51,941		56,007		50,835		48,709		5,6690
h^2_m		0,7394		0,5787		0,6142		0,3489		0,3915		0,1975
CVg (%)		11,976		17,548		28,541		18,052		15,841		16,156
CVe (%)		14,219		30,806		45,871		49,714		39,936		65,415
CVr		0,8423		0,5696		0,2577		0,3631		0,3967		0,2470
Q_{ST}		0,0621		0,1493		0,1296		0,1550		0,1664		0,7593
GS _{ind} (%)		8,1847		0,2236		2,3552		0,3868		0,4228		0,2378
GS _{prog} (%)		3,6458		0,1289		1,2819		0,2867		0,3003		0,2028

ALTI: altura das progênies inicial (cm); ALTF: altura das progênies final (cm); TCALT1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (cm). TCALT2: taxa de crescimento da altura do segundo ano (cm); TCALT3: taxa de crescimento da altura do terceiro ano (cm); TCALT4: taxa de crescimento da altura do quarto ano (cm). Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pro(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de uma mesma subpopulação; h^2_m : Herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações; CVg: Coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações; CVe: Coeficiente de variação residual; CVr: Coeficiente de variação relativa; Q_{ST} : diferenciação genética quantitativa entre subpopulações; GS(ind): ganho de seleção individual (considerando seleção de 20%) e GS(prog): ganho de seleção genético.

Tabela 2.7 Análise de variância para caracteres relacionados ao diâmetro de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Fonte de Variação	Quadrado Médio											
	GL	DIAI	DIAF	GL	TCDIA1	GL	TCDIA2	GL	TCDIA3	GL	TCDIA4	
Blocos	3	1,4692 **	3	626,26 **	3	108,10 ***	3	170,78 **	3	102,92 *	3	27,219 ^{NS}
Subpopulações	24	2,0668 ***	24	630,37 ***	24	26,742 **	24	91,451 ***	24	70,725 ***	24	20,909 ^{NS}
Progênie (Subpopulação)	125	0,9809 ***	125	220,82 **	125	18,026 **	125	38,723 ^{NS}	125	37,419 ^{NS}	125	12,139 ^{NS}
Resíduo	445	0,3325	425	148,72	445	12,322	434	35,793	421	32,009	421	15,949
P_{Sub} %		21,824		48,534		20,278		74,932		50,621		0,0000
$P_{Pro(Sub)}$ %		78,176		51,466		79,722		25,068		49,379		10,000
h^2_m		0,7123		0,5028		0,3677		0,2481		0,2630		-
CVg (%)		8,4267		10,467		14,645		10,497		12,354		-
CVe (%)		10,711		21,259		38,469		36,696		41,673		39,564
CVr		0,7867		0,4923		0,3807		0,2861		0,2965		-
Q_{ST}		0,0503		0,1517		0,0460		0,3618		0,1628		0,0000
GS _{ind} (%)		19,884		0,9523		3,8844		1,2991		1,6661		-
GS _{prog} (%)		9,2614		0,6007		2,8153		1,0588		1,3411		-

DIAI: diâmetro das progênies inicial (mm); DIAF: diâmetro das progênies final (mm); TCDIA1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (mm/ano). TCDIA2: taxa de crescimento do diâmetro do segundo ano (mm/ano); TCDIA3: taxa de crescimento do diâmetro do terceiro ano (mm/ano); TCDIA4: taxa de crescimento do diâmetro do quarto ano (mm/ano). Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pro(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de uma mesma subpopulação; h^2_m : Herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações; CVg: Coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações; CVe: Coeficiente de variação residual; CVr: Coeficiente de variação relativa; Q_{ST} : diferenciação genética quantitativa entre subpopulações; GS(ind): ganho de seleção individual(considerando seleção de 20%) e GS(prog): ganho de seleção genético.

A herdabilidade estimada, em nível de médias de progênies dentro de subpopulações, variou de 0,197 para TCALT4 a 0,739 para ALTI (Tabela 2.6 e 2.7). Os caracteres, altura e diâmetro (iniciais e finais) obtiveram valores de herdabilidade maiores, tendo então, um maior potencial para ganho genético através de seleção e melhoramento. Valores de herdabilidades maiores que 0,50 são considerados altos (Resende, 1995). Siqueira et al. (1993) e Zaruma (2014), trabalhando com teste de progênie em *D. alata*, obtiveram também maior herdabilidade para os caracteres altura e diâmetro da planta. Gomes (2011), estudando progênies de barueiro de três localidades, obteve valores de herdabilidade em nível de médias de progênies para altura e diâmetro, em diferentes épocas de avaliação (a 1, 3, 5, 10 e 11 anos), variando de 0,456 a 0,880 para altura total do primeiro ano e diâmetro à altura do peito no décimo primeiro ano, respectivamente.

Os coeficientes de variação genética estimados para caracteres de crescimento em altura e diâmetro variaram de 8,426% (DIAI) a 28,541% (TCALT1), indicando uma pequena a média magnitude da variação genética em relação às médias dos caracteres em estudo. Os coeficientes de variação experimentais (CV_e) foram mais baixos, porém variáveis para a altura e diâmetro (inicial e final) das plantas, intermediários e mais variáveis para a TCDIAP, TCDIAS e TCALTT, e extremamente altos e também variáveis para TCALTS, TCALTQ e TCDIAT (Tabela 2.6 e 2.7).

Sendo assim, as variáveis ligadas diretamente ao desenvolvimento das progênies foram as que revelaram os valores mais baixos para os CV_e das análises de variância, mostrando portanto, menor variação residual. Isso indica que os dados tomados diretamente sobre as plantas avaliadas apresentam uma melhor eficiência experimental e ainda, segundo Moraes et al. (2013), essa tendência de aumento do CV_e em função da idade do experimento (Tabela 2.6 e 2.7), evidencia os efeitos ambientais e também é devido as progênies estarem em pleno desenvolvimento vegetativo e ainda não se estabilizaram na condição do atual sítio de plantio. Siqueira et al. (1993) e Zaruma (2014), ambos trabalhando com *D. alata*, em teste de progênies, com idade de 8 e 9 anos, respectivamente, corroboram com essa afirmação. Estes autores obtiveram CV_e para altura de 14,59% e 16,51%, respectivamente, e diâmetro à altura do peito com CV_e de 16,33% e 15,73%, respectivamente.

Melhores ganhos são obtidos quando se dispõem de altas estimativas de herdabilidade e a razão entre os coeficientes de variação genético e experimental (CV_r) estimada for igual ou maior que 1,0 (Cruz et al., 2004). Os CV_r das variáveis agrônômicas

avaliadas (Tabela 2.6 e 2.7), obtiveram valores mais próximos da unidade para altura inicial (ALTI) e diâmetro inicial (DIAI). Estas características também exibiram valores mais elevados para a herdabilidade (em nível de média de progênie). Estas constatações refletem uma situação favorável à seleção de características de importância agrônômica, como altura inicial e diâmetro inicial do fuste.

Gomes (2011), trabalhando teste de progênie com o barueiro, observou que todos os caracteres relacionados à altura e ao diâmetro, avaliados nas idades de 1, 3, 5, 10 e 11 anos, são adequados para o sucesso da seleção para todas as idades, pois apresentaram valores de CVr variando de 0,97 a 1,20 (entre os anos) para altura total, 1,264 a 1,265 (entre os anos) para diâmetro do coleto. As características TCALT4, TCDIA2 e TCDIA3 apresentaram as menores estimativas para o CVr e herdabilidade, mostrando que, na estrutura experimental adotada, houve menor expressão da variabilidade genotípica para essas características.

Quanto às estimativas do ganho de seleção (Gs), se a intensidade de seleção for fixada em 20%, espera-se um melhor ganho apresentado pelos caracteres ALTI e DIAI em nível de indivíduo e progênie. Para o restante dos caracteres agrônômicos o Gs, em nível individual e de progênie, variou de 0,223% (ALTF) a 3,884% (TCDIA1) e 0,128% (ALTF) a 2,815% (TCDIA1), respectivamente (Tabela 2.6 e 2.7).

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população. Correlações genéticas positivas e de alta magnitude entre dois caracteres permitem utilizar apenas um deles na seleção, sem grandes prejuízos para qualquer dos caracteres e a seleção em um implicará no outro (Vencovsky, 1978).

As estimativas de correlações genotípicas entre os doze caracteres agrônômicos, que refletem associações de natureza herdável, são apresentadas na Tabela 2.8. As correlações genotípicas de maiores magnitudes foram aquelas envolvendo altura final (ALTF) e taxa de crescimento da altura no segundo ano (0,9982), altura final e taxa de crescimento da altura no quarto ano (0,8579), altura final e diâmetro final (0,8470), indicando que é possível aumentar a altura final (em seu quarto ano) por intermédio de seleção indireta para as taxas de crescimento no segundo e quarto ano e também por meio do diâmetro final e vice-versa para a última variável.

A altura inicial apresentou correlações de alta magnitude com a TCALT1 (0,780), o DIAF(0,695) e a TCDIA4 (0,746). Sendo assim, através da seleção indireta na

altura inicial é possível obter ganhos no DIAF e na TCDIA4. Esta é uma correlação importante a futuros programas de melhoramento da espécie, pois, alternativas que visam à diminuição do tempo para que se complete uma geração de melhoramento são necessárias e vantajosas. A seleção precoce visa identificar caracteres de plantas em idade juvenil correlacionados àqueles de interesse econômico em árvores em idades mais avançadas, ou seja, predizer, em idade juvenil, o desempenho de um indivíduo adulto, diminuindo, assim, o tempo para se completar um ciclo de seleção (Gonçalves et al., 1998).

Houve também correlação genotípica de alta magnitude entre, TCALT1 e DIAF (0,813), TCALT1 e TCDIA2 (0,878), TCALT2 e TCALT4 (0,868), TCALT2 e DIAF (0,861), TCALT2 e TCDIA2 (0,772), TCALT4 e DIAI (0,695) e DIAF e TCDIA2 (0,811). O diâmetro final pode alcançar um crescimento maior (em seu quarto ano) selecionando indiretamente as melhores progênies com maiores taxa de crescimento para altura e diâmetro no segundo ano de avaliação. E também por meio da seleção indireta no DIAI é possível obter uma melhor TCALT4, neste caso, a realização de seleção precoce. Quanto às demais correlações apresentaram estimativas de baixa à média magnitude.

Tabela 2.8 Estimativas de coeficientes de correlação genotípica (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) entre as variáveis agrônômicas de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

	ALTI	ALTF	TCALT1	TCALT2	TCALT3	TCALT4	DIAI	DIAF	TCDIA1	TCDIA2	TCDIA3	TCDIA4
ALTI	-	0,2883 **	0,2156 **	0,2561 **	0,1970 **	0,1236 **	0,4116 **	0,2151 **	0,2042 **	0,2315 **	0,1420 **	-0,1086 **
ALTF	0,2926 **	-	0,4997 **	0,7835 **	0,7160 **	0,7032 **	0,2201 **	0,8042 **	0,5243 **	0,6947 **	0,6628 **	0,0457 NS
TCALT1	0,7801 **	0,5967 **	-	0,5541 **	0,1998 **	0,0882 *	0,1660 **	0,6066 **	0,7965 **	0,5539 **	0,3286 **	-0,0584 NS
TCALT2	0,2966 **	0,9982 **	0,6134 **	-	0,3661 **	0,2833 **	0,1642 **	0,8001 **	0,5715 **	0,7966 **	0,5819 **	-0,0345 NS
TCALT3	0,0510 NS	0,6835 **	0,1788 NS	0,6471 **	-	0,3443 **	0,1335 **	0,5118 **	0,2511 **	0,4180 **	0,5255 **	0,0519 NS
TCALT4	0,0388 NS	0,8579 **	0,4591 **	0,8683 **	0,3273 **	-	0,1372 **	0,3626 **	0,1790 **	0,2311 **	0,3528 **	0,1081 *
DIAI	0,2301 *	0,4504 **	0,3369 **	0,4427 **	-0,0119 NS	0,6950 **	-	0,2171 **	0,1001 *	0,1897 **	0,1134 **	0,0182 NS
DIAF	0,6958 **	0,8470 **	0,8134 **	0,8614 **	0,3813 **	0,6564 **	0,3784 **	-	0,6155 **	0,8170 **	0,7489 **	0,2586 **
TCDIA1	0,1810 NS	0,3483 **	0,6100 **	0,3884 **	0,0615 NS	0,2655 **	-0,3075 **	0,4495 **	-	0,5276 **	0,3078 **	-0,0398 NS
TCDIA2	0,6908 **	0,7823 **	0,8780 **	0,7723 **	0,5535 **	0,5677 **	0,4816 **	0,8112 **	0,3274 **	-	0,4332 **	-0,0192 NS
TCDIA3	-0,0127 NS	0,6412 **	0,2125 *	0,6744 **	0,1979 *	0,6242 **	0,0231 NS	0,6249 **	0,4908 **	0,1432 NS	-	-0,0300 NS
TCDIA4	0,7466 **	0,3783 **	0,3910 **	0,3490 **	0,3530 **	0,1285 NS	0,4750 **	0,5389 **	-0,4023 **	0,6156 **	-0,1146 NS	-

ALTI: altura das progênies inicial (cm); ALTF: altura das progênies final (cm); TCALT1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (cm/ano). TCALT2: taxa de crescimento da altura do segundo ano (cm/ano); TCALT3: taxa de crescimento da altura do terceiro ano (cm/ano); TCALT4: taxa de crescimento da altura do quarto ano (cm/ano); DIAI: diâmetro das progênies inicial (mm); DIAF: diâmetro das progênies final (mm); TCDIA1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano (mm/ano). TCDIA2: taxa de crescimento do diâmetro do segundo ano (mm/ano); TCDIA3: taxa de crescimento do diâmetro do terceiro ano (mm/ano); TCDIA4: taxa de crescimento do diâmetro do quarto ano (mm/ano). Significância: NS: não significativo; *** 0,01 ** 0,05 de probabilidade pelo teste t.

As estimativas de correlação fenotípica (Tabela 2.8) foram, em geral, de baixa a médiamagnitude. As correlações de alta magnitude e que envolveram caracteres de

interesse foram ALTF com a TCALT2 (0,783), a TCALT3 (0,716) a TCALT4 (0,703) e o DIAF (0,804), o que sugere que uma seleção nestas características promoverá um maior crescimento na ALTF (em seu quarto ano) e pode-se optar em selecionar melhores progênies para o DIAF e ALTF com base em apenas uma das duas variáveis.

Detectaram-se também correlações fenotípicas de alta magnitude para os pares de variáveis, TCALT1 e TCDIA1 (0,7965), TCALT2 e DIAF (0,8001), TCALT2 e TCDIA2 (0,7966), DIAF e TCDIA2 (0,8170) e DIAF e TCDIA3 (0,7489). Nestes casos, faz-se importante destacar as correlações entre as taxas de crescimento no segundo e terceiro ano com o diâmetro final, pois, com a avaliação do desenvolvimento das plantas é possível selecionar as progênies com diâmetros maiores.

2.3.2 Caracteres silviculturais

A média para a altura do fuste (ALTFU) e diâmetro à altura do peito (DIAP) foram, respectivamente, 167,92 cm e 32,07 mm. O CV% do DIAP retratou uma alta variação (Tabela 2.9). Gomes (2011), avaliando três subpopulações de barueiro, em seu quinto ano de avaliação, obteve DIAP médio de 49,6 mm, sendo a média da TCDIA4 igual a 10,09 mm (Tabela 2.4), este valor é compatível com o esperado para o quinto ano das progênies do presente estudo.

Pensando no uso do barueiro para fins de produção, espera-se fuste mais baixo, no entanto, para o uso da madeira é esperado fuste mais alto e maior diâmetro. Quanto maior o diâmetro do fuste mais nobre será o uso definido para a madeira e podem ser alcançados melhores preços (Salgado, 2004). Pensando no acesso mais fácil aos frutos, ainda que, em sua maioria, sejam coletados no solo, as subpopulações 7 (São Miguel do Araguaia, GO), 22 (Natividade, TO), 9 (Icém, SP) e 19 (Barra do Garças, MT) obtiveram melhores desempenhos (Tabela 2.9). Tendo como finalidade o uso madeireiro, apresentaram fustes maiores as subpopulações: 4 (Sonora, MS), 15 (Paraíso, MS) e 13 (Arinos, MG), e um maior diâmetro foi retratado pelas subpopulações 15, 24 (Aquidauana, MS), 13, 4 e 25 (Cárceres, MT).

O comprimento da copa (CC) e o diâmetro da copa (DC) apresentaram uma alta variação de acordo com os seus CV's (%) e amplitudes, mínima e máxima (Tabela 2.9). Essa variação provavelmente está associada à dinâmica de crescimento das progênies, pois, espera-se que primeiro a planta tenha um crescimento em altura e posteriormente um

investimento em sua copa. As subpopulações com maiores médias para o CC foram, respectivamente, 25 (Cárceres, MT), 15 (Paraíso, MS), 13 (Arinos, MG), 4 (Sonora, MS) e 8 (Luziânia, GO). As subpopulações que apresentaram maiores médias para o DC foram quase que as mesmas com maior CC, sendo elas, 8, 13, 16 (Terenos, MS), 10 (Monte Alegre de Minas, MG) e 25.

A proporção de copa (PC) obteve valor médio inferior a 50% (44,65%) (Tabela 2.9). Espera-se que esse valor aumente à medida que as árvores cresçam e desenvolvam o seu comprimento de copa. Segundo Durlo & Dernadi (1998), a PC é um indicativo de qualidade das árvores, refletindo sua vitalidade e também o seu grau de concorrência.

Tabela 2.9 Média por subpopulação, valores mínimos, máximos e coeficientes de variação fenotípica (nível de plantas) para caracteres silviculturais de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Subpopulações	Caracteres					
	ALTFU	DIAP	CC	DC	PC	APC
1	168,25	29,267	1,2371	1,5250	43,331	2,0576
2	161,86	31,053	1,2065	1,5276	41,864	2,1713
3	178,88	31,715	1,4708	1,5825	43,785	2,2838
4	215,74	38,516	1,7752	1,8248	43,957	2,9104
5	153,46	29,148	1,1933	1,6523	41,874	2,3929
6	153,84	27,069	1,1864	1,4655	44,270	1,9107
7	128,55	25,310	1,0517	1,3902	43,765	1,8058
8	182,62	37,380	1,6752	2,0957	46,019	3,7810
9	140,00	26,597	1,1005	1,6002	42,353	2,3018
10	170,33	34,190	1,5758	1,9223	47,233	3,1920
11	155,64	30,846	1,3626	1,6759	45,018	2,5026
12	168,41	32,799	1,4173	1,7523	44,947	2,7769
13	191,57	38,637	1,8088	2,0619	48,788	3,6134
14	161,75	26,733	1,2281	1,5431	42,175	2,0819
15	211,59	40,760	1,8096	1,7943	46,068	2,9386
16	181,29	37,285	1,5754	1,9529	45,236	3,4300
17	169,27	30,634	1,5113	1,6874	46,664	2,6321
18	153,83	26,488	1,2413	1,5267	43,717	2,2048
19	146,55	28,623	1,2717	1,4154	45,487	1,7853
20	153,00	31,630	1,3692	1,7554	45,626	2,7278
21	185,35	34,355	1,4217	1,8991	41,579	3,1045
22	132,96	24,870	1,1474	1,5248	43,513	2,1001
23	159,96	29,380	1,4723	1,8548	44,885	2,9675
24	185,82	38,953	1,5882	1,8539	44,532	3,1752
25	185,22	37,746	1,8443	1,9146	49,114	3,0945
Média	167,92	32,075	1,4225	1,7126	44,651	2,6395
Mínimo	47,000	10,110	0,4000	0,4300	19,880	0,4010
Máximo	390,00	71,780	3,4300	3,4500	70,580	9,6190
CV %	19,635	27,026	28,121	37,679	19,635	68,330

ALTFU: altura do fuste (cm); DIAP: diâmetro à altura do peito (mm); CC: Comprimento da copa (m). DC: diâmetro da copa (m); PC: proporção da copa (%); APC: área de projeção da copa (m²).

A área de projeção da copa (APC) obteve um alto valor para o CV (%) (Tabela 2.9). Esse resultado é esperado devido às progênies estarem em seu estágio de crescimento. O espaço ocupado pela árvore (APC) tende a aumentar e torna-se mais estável à medida que ela vai se tornando adulta e estabilizando a projeção de sua copa. Portanto, a APC, por descrever a relação das árvores e seu espaço ocupado, pode espessar também o grau de concorrência do povoamento, predizer características de vitalidade, estabilidade e produtividade de cada indivíduo (Durlo e Denardi, 1998). As subpopulações com maiores médias para APC foram: 8 (Luziânia, GO), 13 (Arinos, MG), 16 (Terenos, MS), 10 (Monte Alegre de Minas, MG) e 24 (Aquidauana, MS).

O grau de esbeltez (GE) obteve intervalo de variação, mínimo e máximo, variando de 0,480 a 2,070. Esta variável caracteriza a estabilidade das árvores. Quanto mais alto este valor, mais instável é a árvore. Segundo Durlo (2001), esta característica diminui com o aumento da idade das árvores, que vão deixando de crescer em altura e aumentando em diâmetro, e tendendo a alcançar uma condição de maior robustez e estabilidade.

Observou-se que o índice de saliência (IS) das progênies tem um diâmetro de copa, em média 57 vezes maior que o seu DIAP (Tabela 2.10) e, devido ao estado ativo de crescimento das plantas, apresentou também uma alta variação, representada pelo seu CV(%) e amplitudes de variação (Tabela 2.10). À medida que as árvores vão crescendo em altura, elas tendem a apresentar um crescimento mais acelerado do tronco do que o desenvolvimento da copa (Durlo, 2001; Wink et al., 2012). Um menor valor do índice de saliência é indicativo de uma maior área de superfície de copa, ou área de assimilação, ocupando então mais eficientemente o espaço, considerando para isto uma dada área de projeção de copa (Sterba, 1992). Os melhores IS, com valores mais próximos de zero, foram observados nas subpopulações: 15 (Paraíso das Águas, MS), 4 (Sonora, MS), 3 (Pirenópolis, GO), 24 (Aquidauana, MS) e 25 (Cárceres, MT).

As progênies de barueiro, com seu crescimento ativo em campo, apresentaram um alto CV(%) para o índice de abrangência (IA). Pensando-se em produtividade, razão DC/ALT, esperam-se valores mais altos para o IA, no entanto, quando o interesse é a madeira, preferem-se valores mais baixos de IA. As subpopulações que se espera um melhor potencial produtivo foram (Tabela 3.3.8), respectivamente, 6 (Alvorada, TO), 9 (Icém, SP), 22 (Natividade, TO), 1 (Cocalinho, MT) e 7 (São Miguel do Araguaia, GO). As

com potencial madeireiro, foram, respectivamente, 4 (Sonora, MS), 15 (Paraíso das Águas, MS), 3 (Pirenópolis, GO), 25 (Cárceres, MT) e 17 (Camapuã, MS).

Tabela 2.10 Média por subpopulação, valores mínimos, máximos e coeficientes de variação fenotípica (nível de plantas) para caracteres morfoagronômicos de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Subpopulações	Caracteres						
	GE	IS	IA	FC	BI	RE	ANGF
1	1,0725	0,5900	0,6300	1,4073	3,9048	3,2857	57,960
2	0,9943	0,5400	0,5716	1,4123	3,6087	3,4545	53,863
3	1,0738	0,5142	0,4998	1,1798	3,5833	3,3750	50,263
4	1,0748	0,5048	0,4840	1,1430	3,8696	3,2609	55,610
5	1,0178	0,6130	0,6138	1,5273	3,6087	3,3913	52,741
6	1,1272	0,6578	0,6590	1,4476	3,7895	3,4737	50,959
7	1,0248	0,6057	0,6294	1,4815	4,1304	3,7391	51,690
8	0,9700	0,5648	0,6045	1,3656	3,4091	2,8636	57,224
9	0,9677	0,6195	0,6543	1,6255	2,9091	3,7273	52,408
10	1,0217	0,5867	0,5917	1,3001	3,2917	3,5000	54,056
11	1,0190	0,5924	0,6148	1,4433	3,3043	3,6087	53,814
12	0,9568	0,5318	0,5689	1,3278	3,7727	3,3636	51,775
13	1,0013	0,5565	0,5561	1,1986	3,7391	3,3478	55,453
14	1,0733	0,6019	0,5659	1,4260	3,3182	3,5000	56,697
15	1,0505	0,4815	0,4958	1,1230	3,6364	3,7273	54,815
16	0,9635	0,5583	0,5938	1,3711	3,8333	3,6667	57,750
17	1,1324	0,5929	0,5367	1,1978	3,7727	2,5909	53,735
18	1,0574	0,5730	0,5568	1,3377	3,6667	3,3750	53,058
19	1,0238	0,5424	0,5520	1,3127	3,6667	3,6667	56,872
20	1,0354	0,6096	0,6122	1,3863	3,4167	3,5833	59,980
21	0,9765	0,5809	0,6009	1,5332	3,9167	2,8333	57,700
22	1,0652	0,6513	0,6344	1,5235	3,2500	3,2917	50,934
23	1,0678	0,6500	0,6283	1,4604	3,8696	3,5652	53,189
24	0,9159	0,5268	0,5688	1,3370	3,5909	3,4545	58,564
25	1,0087	0,5309	0,5283	1,1088	3,6957	3,8696	55,569
Média	1,0268	0,5747	0,5819	1,3581	3,6208	3,4205	54,676
Mínimo	0,4800	0,3200	0,3130	0,4470	1,0000	1,0000	28,200
Máximo	2,0700	1,3200	1,7590	3,8310	5,0000	5,0000	89,300
CV %	23,436	27,026	28,121	37,679	30,570	32,863	18,260

GE: grau de esbeltez; IS: índice de saliência; IA: índice de abrangência; FC: forma da copa; BI: bifurcação; RE: retidão e ANGF: ângulo de inserção da folha.

O formal de copa serve como critério para a marcação de desbastes. Valores menores representam uma melhor produtividade da árvore, devido unicamente à relação entre o manto de copa e a área de projeção de copa. Em consequência do quarto ano (ano de avaliação da copa) as progênies estarem formando sua copa, o formal de copa (FC) retratou uma alta variação, representada pelo CV(%) e amplitude de variação (Tabela

2.10). As subpopulações que apresentaram uma melhor produtividade foram, respectivamente, 25 (Cárceres, MT), 15 (Paraíso das Águas, MS), 4 (Sonora, MS), 3 (Pirenópolis, GO) e 17 (Camapuã, MS).

As progênies de *D. alata* apresentaram uma média de 3,62 (mais próximo de 4) para a bifurcação do tronco e 3,42 para a retidão do tronco (Tabela 2.10). Isto que corresponde à bifurcação acima de 1,30 m de altura do solo, com diâmetro inferior ao tronco principal e a tortuosidade do tronco acentuada acima de 1,30 m. Para fim madeireiro, espera-se um tronco sem bifurcação e com retidão (nota=5). Entretanto, como não foi realizada nenhuma seleção na coleta das sementes, ou seja, foram coletadas de árvores com boa ou má formação, o fato de algumas subpopulações apresentarem valores próximos ao desejado para as duas variáveis, permite que estes valores médios possam ser melhorados pela seleção das melhores progênies dentro de subpopulações com menor tortuosidade e ausência de bifurcação. Zaruma (2014), avaliando teste de progênie de *D. alata* aos 9 anos de idade, oriundo de três subpopulações naturais do Cerrado, obteve resultado semelhante ao do presente estudo, com média para a forma do fuste (bifurcação e retidão) de 3,39. Os menores graus de tortuosidade foram observados nas subpopulações 25 (Cárceres, MT), 7 (São Miguel do Araguaia, GO), 15 (Paraíso das Águas, MS), 9 (Icém, SP), 16 (Terenos, MS) e 19 (Barra do Garças, MT).

O ângulo de inserção da folha apresentou um CV(%) mediano, quando comparado aos altos intervalos dos CV's inerentes a dados obtidos em variáveis de plantas frutíferas nativas e um ângulo médio de 54,67 (Tabela 2.10). Isso demonstra que as folhas estão inseridas de forma mais próximas aos galhos.

Houve variação significativa (e altamente significativa) para quase todos os caracteres silviculturais estudados e níveis hierárquicos: entre subpopulação e progênie dentro de subpopulação (Tabela 2.11 e 2.12). Tendo como exceção às variáveis não significativas, diâmetro à altura do peito (entre progênies dentro de subpopulação), proporção da copa (para os dois níveis hierárquicos), grau de esbeltez (para os dois níveis hierárquicos), bifurcação (para os dois níveis hierárquicos), retidão (entre progênie dentro de subpopulação) e ângulo de inserção da folha (entre progênie dentro de subpopulação).

Tabela 2.11 Análise de variância para caracteres silviculturais de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Fonte de Variação	Quadrado Médio											
	GL	ALTFU	GL	DIAP	GL	CC	GL	DC	GL	PC	GL	APC
Blocos	3	34740 ***	3	786,67 ***	3	3,3329 ***	3	0,7516 NS	3	348,90 **	3	7,9412 *
Subpopulações	24	10522 ***	24	491,94 ***	24	1,2827 ***	24	0,9159 ***	24	92,080 NS	24	7,3907 ***
Progênie (Subpopulação)	125	3456,0 ***	125	130,86 NS	125	0,4549 *	125	0,4869 **	125	86,570 NS	125	3,8501 *
Resíduo	407	1967,0	397	119,75	420	0,3488	422	0,3444	420	71,160	422	2,8072
P_{Sub} %		44,019		84,356		56,443		33,342		5,6126		36,056
$P_{Pro(Sub)}$ %		55,981		15,644		43,557		66,658		94,387		63,944
h^2_m		0,6165		0,4016		0,4262		0,3984		0,1957		0,3821
CVg (%)		15,849		13,582		17,599		13,741		4,6323		24,620
CVe (%)		26,415		34,117		41,518		34,268		18,892		63,477
CVr		0,6000		0,3981		0,4239		0,4010		0,2452		0,3879
Q_{ST}		0,1298		0,5055		0,1972		0,0866		0,0111		0,0966
GS _{ind} (%)		0,4414		1,1942		29,980		22,646		0,3556		13,872
GS _{prog} (%)		0,2460		0,8467		20,577		15,998		0,3039		9,9631

ALTFU: altura do fuste (cm); DIAP: diâmetro à altura do peito (mm); CC: Comprimento da copa (m). DC: diâmetro da copa (m); PC: proporção da copa (%); APC: área de projeção da copa (m²). Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pro(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de uma mesma subpopulação; h^2_m : Herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações; CVg: Coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações; CVe: Coeficiente de variação residual, CVr: Coeficiente de variação relativa; Q_{ST} : diferenciação genética quantitativa entre subpopulações; GS(ind): ganho de seleção individual (considerando seleção de 20%) e GS(prog): ganho de seleção genético.

Tabela 2.12 Análise de variância para caracteres silviculturais de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Fonte de Variação	Quadrado Médio											
	GL	GE	IS	GL	IA	FC	GL	BI	RE	GL	ANGF	
Blocos	3	0,0447 NS	0,1047 **	3	0,0884 *	1,4080 ***	3	3,4329 *	0,6943 NS	3	19,179 NS	
Subpopulações	24	0,0598 NS	0,0456 **	24	0,0537 ***	0,4402 **	24	1,6318 NS	2,0013 *	24	164,52 *	
Progênie (Subpopulação)	125	0,0603 NS	0,0270 *	125	0,0320 *	0,2930 *	125	1,2901 NS	1,3678 NS	125	92,253 NS	
Resíduo	397	0,0571	0,0213	421	0,0233	0,2343	413	1,1661	1,1933	418	98,750	
P_{Sub} %		0,0000	35,376		29,359	29,368		31,368		37,583		100,00
$P_{Pro(Sub)}$ %		100,00	64,624		70,641	70,632		68,632		62,417		0,0000
h^2_m		0,0568	0,3168		0,3614	0,2733		0,1416		0,2002		0,0521
CVg (%)		2,8472	8,4765		9,7289	10,832		6,0260		7,9294		2,1277
CVe (%)		23,277	25,412		26,209	35,639		29,824		31,936		18,175
CVr		0,1223	0,3336		0,3712	0,3039		0,2021		0,2483		0,1171
Q_{ST}		0,0000	0,0940		0,0730	0,0731		0,0798		0,1025		0,0000
GS _{ind} (%)		4,0196	48,782		58,275	17,434		3,0332		4,7534		0,0692
GS _{prog} (%)		3,8494	37,514		42,745	13,906		2,7139		4,0482		0,0665

GE: grau de esbeltez; IS: índice de saliência; IA: índice de abrangência; FC: forma da copa; BI: bifurcação; RE: retidão e ANGF: ângulo de inserção da folha. Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0,001 ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pro(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de uma mesma subpopulação; h^2_m : Herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações; CVg: Coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações; CVe: Coeficiente de variação residual, CVr: Coeficiente de variação relativa; Q_{ST} : diferenciação genética quantitativa entre subpopulações; GS(ind): ganho de seleção individual (considerando seleção de 20%) e GS(prog): ganho de seleção genético.

As variações genéticas foram detectadas para quase todas as características e níveis hierárquicos, entre subpopulação e progênie dentro de subpopulação, muito embora os valores tenham variado tanto entre e dentro de subpopulações como entre

características. A maior parte da variabilidade genética concentrou-se entre progênies dentro de subpopulação, variando de 55,98% para a altura do fuste a 100% para o grau de esbeltez (Tabela 2.11 e 2.12). O diâmetro à altura do peito e comprimento da copa teve suas variações concentradas em maior parte entre subpopulações. Essa estruturação vem sendo expressa em outros trabalhos com o barueiro (Soares et al., 2008; Gomes, 2011; Mota, 2013).

Os caracteres silviculturais revelaram valores de herdabilidade que variaram de 0,052 (ANGF) até 0,616 (ALTFU) (Tabela 2.11 e 2.12). O coeficiente de variação genético (CVg) variou de 2,847 (GE) a 24,62% (APC) (Tabela 2.11 e 2.12). As maiores estimativas para o CVg foram apresentadas pelos caracteres APC (24,62%), CC (17,59%), ALTFU (15,84%), DC (13,74%) e DIAP (13,58%), sendo estes também os de maiores herdabilidades. A razão entre os coeficientes de variação genético e experimental (CVr) obteve valores maiores para ALTFU, CC e DC. Entre todos os caracteres silviculturais estudados, estes mostraram maior variabilidade.

Na maioria das características silviculturais, os coeficientes de variação experimental (CVe) estiveram dentro das magnitudes média e alta para experimentos com culturas perenes. Dos CVe obtidos, 50,0% foram inferiores a 30%; 33,33%, entre 30 e 40% e 16,67% maior que 40% (Tabela 2.11 e 2.12). Valores médios e altos de CVe também foram verificados em outros experimentos que avaliaram subpopulações de frutíferas do Cerrado (Almeida-Júnior, 2012; Novaes, 2014; Almeida, 2015; Castro, 2016). Os CVe mais elevados podem estar associados a causas como longo ciclo da cultura, tamanho grande dos experimentos, respostas diferenciadas dos genótipos aos estresses de altas temperaturas e seca, respostas diferenciadas das progênies aos tratos culturais e devido ao fato do experimento ser formado por apenas uma planta por parcela.

As características morfoagronômicas que mais contribuíram para a divergência genética quantitativa (Q_{ST}) entre as subpopulações estudadas (Tabela 2.11 e 2.12) foram diâmetro à altura do peito (DIAP) (0,402) e comprimento da copa (CC) (0,139).

Os percentuais dos ganhos de seleção nas variáveis CC, DC, IS e IA foram moderados, tanto em nível de indivíduo quanto em nível de progênie (Tabela 2.11 e 2.12). Seria adequado selecionar famílias cujos valores fenotípicos superam a média geral, uma vez que se está promovendo aumento em variáveis que descrevem a produção. Sendo assim, obter ganhos genéticos sobre estas variáveis faz-se importante. Isto garante ao melhorista um genótipo com características comerciais para o mercado.

As estimativas de correlação genotípica e fenotípica (Tabela 2.13) foram, em geral, de média a baixa magnitude. Verifica-se aspecto positivo para a seleção indireta, em especial às situações cuja herdabilidade de um carácter é elevada. Se uma variável de interesse exibe baixa herdabilidade, a seleção indireta, utilizando a variável correlacionada e de alta herdabilidade, poderá ser mais eficiente que a seleção direta (Cruz e Carneiro, 2003). Pensando nesta perspectiva, a altura total final (ALTF) apresentou correlação genotípica e fenotípica de alta magnitude (Tabela 3.3.11) com ALTFU, CC e de carácter apenas fenotípica com o DIAP, DC e APC e somente correlação genotípica entre ALTF e PC e ALTF e BI, sendo esta última negativa. Logo, a seleção de progênies com maior altura acarretará em um maior diâmetro e comprimento de copa e maior área de projeção da copa, esperando-se também maior produtividade.

Tabela 2.13 Estimativas de coeficientes de correlação genotípica (abaixo da diagonal) e fenotípica (acima da diagonal) entre as variáveis de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

	ALTFU	DIAP	CC	DC	PC	APC	GE	IS	IA	FC	BI	RE	ANGF	ALTF
ALTFU	-	0,7159 **	0,6049 **	0,6423 **	0,0195 NS	0,6097 **	-0,0164 NS	-0,2468 **	-0,2226 **	-0,1935 **	0,1535 **	0,0158 NS	0,2095 **	0,8349 **
DIAP	0,8545 **	-	0,6576 **	0,7503 **	0,2855 **	0,7492 **	-0,4923 **	-0,4168 **	0,0423 NS	-0,1322 **	0,0440 NS	0,0982 NS	0,2320 **	0,7359 **
CC	0,7178 **	0,4145 **	-	0,6880 **	0,7212 **	0,6600 **	0,1135 **	-0,1406 **	-0,2804 **	-0,5890 **	0,0856 *	0,0720 NS	0,1854 **	0,9053 **
DC	0,7442 **	0,7008 **	0,6491 **	-	0,3745 **	0,9687 **	-0,2190 **	0,1488 **	0,2652 **	0,0033 NS	-0,0146 NS	-0,0078 NS	0,2573 **	0,7619 **
PC	0,4914 **	0,2776 **	0,8501 **	0,7275 **	-	0,3526 **	0,1384 **	0,0223 NS	-0,1308 **	-0,6628 **	-0,0750 NS	0,0426 NS	0,0826 *	0,4529 **
APC	0,6934 **	0,6696 **	0,6189 **	0,9971 **	0,7220 **	-	-0,2216 **	0,1474 **	0,2729 **	0,0159 NS	0,0073 NS	-0,0061 NS	0,2226 **	0,7106 **
GE	0,0440 NS	-0,4214 **	0,6064 **	0,1621 NS	0,6391 **	0,1570 NS	-	0,5015 **	-0,3471 **	-0,3409 **	0,1116 **	-0,0590 NS	-0,0712 NS	0,0471 NS
IS	0,3613 **	0,2426 *	0,5234 **	0,8554 **	0,7232 **	0,8805 **	0,4491 **	-	0,4850 **	0,3668 **	-0,1103 **	-0,1281 **	-0,0021 NS	-0,2039 **
IA	-0,0409 NS	0,2868 **	-0,2178 *	0,5286 **	0,1714 NS	0,5774 **	-0,3423 **	0,5755 **	-	0,7529 **	-0,1817 **	-0,0696 NS	0,0250 NS	-0,3117 **
FC	-0,2413 *	0,1455 NS	-0,6782 **	0,0979 NS	-0,4627 **	0,1400 NS	-0,6839 **	0,1279 NS	0,7799 **	-	-0,0842 *	-0,0571 NS	-0,0320 NS	-0,4596 **
BI	-0,9175 **	-0,6152 **	-0,8867 **	-0,7632 **	-0,7280 **	-0,7171 **	-0,4321 **	-0,5316 **	0,1227 NS	0,4678 **	-	0,0361 NS	0,0422 NS	0,1227 **
RE	-0,1775 NS	-0,2419 *	-0,6061 **	-0,3948 **	-0,7384 **	-0,4083 **	-0,2479 **	-0,3349 **	-0,1769 NS	0,3819 **	0,2884 **	-	0,0497 NS	0,0528 NS
ANGF	-0,0823 NS	-0,0160 NS	-0,1820 *	-0,3372 **	-0,0231 NS	-0,3685 **	-0,1702 NS	-0,5367 **	-0,1720 NS	-0,2225 *	0,1142 NS	-0,0984 NS	-	0,2277 **
ALTF	0,8608 **	0,5582 **	0,9605 **	0,6542 **	0,7157 **	0,6100 **	0,4665 NS	0,4308 **	-0,2822 **	-0,6227 **	-0,9516 **	-0,4231 **	-0,1802 **	-

ALTFU: altura do fuste (cm); DIAP: diâmetro à altura do peito (mm); CC: Comprimento da copa (m). DC: diâmetro da copa (m); PC: proporção da copa (%); APC: área de projeção da copa (m²); GE: grau de esbeltez; IS: índice de saliência; IA: índice de abrangência; FC: forma da copa; BI: bifurcação; RE: retidão e ANGF: ângulo de inserção da folha. Significância: NS: não significativo; ‘**’ 0,01 ‘*’ 0,05 de probabilidade pelo teste t.

Observou-se também correlação fenotípica e genotípica positiva e de alta magnitude para os pares de caracteres (Tabela 2.13) ALTFU e DIAP, DIAP e DC, DIAP e APC, CC e PC, DC e APC, sendo os últimos já esperado devido alguns dos caracteres serem oriundo do outro. No entanto, quanto maior for o comprimento e o diâmetro da copa, maior será sua proporção e área de projeção, tendo então progênies com maior vitalidade e produtividade. Outra seleção indireta está nos fustes mais altos alcançando maiores diâmetro à altura do peito, e vice-versa. Selecionando progênies com DIAP

maiores também obtêm-se indiretamente plantas com maiores diâmetro de copa e área de projeção da copa. A correlação existente entre caracteres de interesse permite uma orientação na seleção, se o objetivo é o aprimoramento dos genótipos para um conjunto de caracteres e não para cada um de forma isolada, ela torna possível a seleção indireta de caracteres desejáveis correlacionados positivamente (Vencovsky e Barriga, 1992).

3.3.3 Caracteres morfológicos de folhas

Os caracteres morfológicos descritivos das folhas do barueiro retrataram um CV (%) variando de 9,56 (NFOL) a 15,32 (TTFO). As médias para o comprimento do folíolo (CFOL), largura do folíolo (LFOL), tamanho total da folha (TTFO) e número de folíolos (NFOL) foram, respectivamente, 12,19 cm, 5,062 cm, 31,85 cm e 11,14 cm (Tabela 2.14). Estes valores foram bastante superiores aos retratados por Mota (2013), que avaliou plântulas das mesmas subpopulações em casa de vegetação. A média do CFOL e LFOL foi 3 e 2 vezes, respectivamente, maiores que a apresentada em casa de vegetação. O TTFO médio foi quase 4 vezes maior que o retratado pelas plântulas em casa de vegetação. O NFOL médio também foi maior para as plantas em campo do que para as plântulas em casa de vegetação (7,792).

Os coeficientes de variação experimental (C_{Ve}) obtidos para os caracteres morfológicos (Tabela 2.15) podem ser considerados de baixo a moderados (Pimentel-Gomes e Garcia, 2002) e demonstram boa precisão. O coeficiente de variação genético (C_{Vg}) foi baixo para todas as variáveis morfológicas, ou seja, não expressam bem a variação genética entre progênies e não são bons descritores para estudos de caracterização.

O coeficiente de variação relativa (C_{Vr}) engloba várias classes de intervalos. Valores entre 0 a 0,25 são interpretados como baixos, 0,25 a 0,5 como intermediários, 0,5 a 0,75 como altos e acima de 0,75 como muito altos (Resende, 2002). Sendo assim, verificou-se para os caracteres morfológicos analisados em campo que, para CFOL e LFOL os valores encontrados para C_{Vr} foram intermediários e para TTFO e NFOL foram altos (Tabela 2.15).

A herdabilidade, em nível de média de progênie, variou de moderada a alta para todos os caracteres morfológicos (0,320 - CFOL a 0,653 - NFOL, Tabela 3.3.13), indicando que considerável parte da variação fenotípica entre as progênies é de origem

genética. Mota (2013), trabalhando com as mesmas plantas em casa de vegetação, também obteve maiores valores de herdabilidade para os caracteres morfológicos da folha TTFO (0,341) e NFOL (0,499).

Foram verificados valores de divergência genética quantitativa entre subpopulações (Q_{ST}) variando de 0,114 para largura do folíolo (LFOL) a 0,310 para comprimento do folíolo (CFOL) (Tabela 2.15). Esta divergência quantitativa foi maior quatro anos após o plantio do que em casa de vegetação, que segundo Mota (2013) foi de 0,034 (LFOL) a 0,123 (TTFO).

Tabela 2.14 Média por subpopulação, valores mínimos, máximos e coeficientes de variação fenotípica (nível de plantas) para caracteres morfológicos de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Subpopulações	Caracteres			
	CFOL	LFOL	TTFO	NFOL
1	12,864	4,8236	33,782	10,625
2	12,349	4,9778	32,350	11,333
3	12,711	5,2646	32,433	10,708
4	12,178	5,1688	33,197	11,583
5	11,433	5,1181	28,966	11,043
6	12,888	5,1735	30,775	10,522
7	12,016	4,9210	29,860	11,087
8	11,560	4,8738	30,601	11,381
9	12,186	5,0281	30,937	10,955
10	12,104	4,6892	31,831	11,000
11	13,068	5,0652	31,550	10,750
12	12,369	5,5023	32,604	11,091
13	11,481	5,0708	33,163	11,542
14	10,976	4,5696	28,023	10,455
15	10,966	4,8877	30,666	11,565
16	12,099	5,1167	34,141	11,435
17	12,821	5,6398	33,897	11,217
18	12,091	5,2763	31,119	10,583
19	12,147	5,2747	32,542	11,870
20	12,690	5,1104	32,398	10,875
21	12,290	5,0700	32,309	11,042
22	11,748	4,7035	29,812	11,792
23	12,300	4,7369	27,764	10,000
24	12,262	5,1913	34,283	12,087
25	13,099	5,3144	37,085	12,043
Média	12,195	5,0628	31,854	11,141
Mínimo	7,8300	3,0500	16,770	7,0000
Máximo	16,880	7,7000	49,330	14,000
CV %	13,918	14,329	15,322	9,5634

CFOL: comprimento do folíolo (cm); LFOL: largura do folíolo (cm); TTFO: tamanho total da folha (cm) e NFOL: número de folíolo.

Tabela 2.15 Análise de variância para caracteres morfológicos de progênies da Coleção de Germoplasma de *Dipteryx alata* Vog. da EA/UFG.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio			
		CFOL	LFOL	TTFO	NFOL
Blocos	3	2,5714 ^{NS}	0,3789 ^{NS}	32,137 ^{NS}	2,7803 [*]
Subpopulações	24	7,9427 ^{***}	1,4670 ^{***}	101,95 ^{***}	6,4661 ^{***}
Progênie (Subpopulação)	125	2,9341 ^{NS}	0,6418 ^{**}	27,789 ^{**}	1,2804 ^{***}
Resíduo	428	2,5836	0,4408	18,222	0,7824
P_{Sub} %		70,366	40,557	56,294	63,374
$P_{Pro(Sub)}$ %		29,634	59,443	43,706	36,626
h^2_m		0,3206	0,4466	0,5610	0,6530
CVg (%)		4,4900	5,8092	7,4111	5,2752
CVe (%)		13,181	13,114	13,401	7,9394
CVr		0,3406	0,4430	0,5530	0,6644
Q_{ST}		0,3105	0,1146	0,1963	0,2470
GS _{ind} (%)		2,3873	9,0723	2,0587	7,6971
GS _{prog} (%)		1,8197	6,0801	1,2092	4,0114

CFOL: comprimento do folíolo (cm); LFOL: largura do folíolo (cm); TTFO: tamanho total da folha (cm) e NFOL: número de folíolo. Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0.001 ‘**’ 0.01 ‘*’ 0.05. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pro(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre progênies dentro de uma mesma subpopulação; h^2_m : Herdabilidade entre médias de progênies dentro de subpopulações; CVg: Coeficiente de variação genética entre progênies dentro de subpopulações; CVe: Coeficiente de variação residual; CVr: Coeficiente de variação relativa; Q_{ST} : diferenciação genética quantitativa entre subpopulações; GS(ind): ganho de seleção individual (considerando seleção de 20%) e GS(prog): ganho de seleção genético.

Os ganhos de seleção estimados para os caracteres morfológicos foram baixos, variando de 2,058% (TTFO) a 9,072% (LFOL) ao nível de indivíduos e de 1,209% (TTFO) a 6,080% (LFOL) no nível de progênies para os mesmos caracteres (Tabela 2.15).

2.4 CONCLUSÕES

- Há um maior desenvolvimento das progênies de barueiro no segundo e terceiro ano em seus quatro primeiros anos de crescimento e este também ocorre na estação chuvosa.
- Existe variação significativa entre subpopulações e entre progênies dentro de subpopulações para a maioria dos caracteres morfoagronômicos de *D. alata*, e sua estruturação é inerente à variável avaliada.
- Os caracteres de maior herdabilidades são: ALTI, ALTF, DIAI, DIAF, ALTFU e DC, tendo então, um maior potencial para ganho genético por seleção.

- Os caracteres ALTI, DIAI, CC, DC, IS e IA apresentam um maior ganho de seleção percentual em relação às médias respectivas.
- A altura inicial e final possuem correlações de alta magnitude com a maioria dos caracteres silviculturais avaliados para o barueiro, possibilitando a seleção indireta de um grupo de caracteres desejáveis.

2.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A. V. **Emprego de parâmetros moleculares e quantitativos na conservação e melhoramento de *Eugenia dysenterica* DC.** 2004. 186p. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

ALMEIDA, S. P. **Cerrado: aproveitamento alimentar.** Planaltina: Embrapa-CPAC, 1998. 188 p.

ALMEIDA JÚNIOR, E. B. **Variabilidade genética quantitativa e molecular em uma coleção de germoplasma de *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae).** 2012. 86f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

BORGES, R. C. G. **Estimativas de herdabilidade e correlação entre caracteres de crescimento em *Eucalyptus grandis* W. Hill Ex. Maiden.** 1980. 42 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1980.

CASTRO, R. S. DE. **Variação Genética Quantitativa e Estrutura Populacional de *Hymenaea stigonocarpa* (Mart. ex Hayne) no Cerrado.** 2016. 83 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV, 2003. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, v. 1, 480p., 2012.

DURLO, M. A. Relações morfométricas para *Cabraela canjerana* (Well.) Mart. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 11, n. 1, p. 141-149, 2001.

DURLO, M. A.; DENARDI, L. Morfometria de *Cabraela canjerana*, em mata secundária nativa do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 8, n.1, p. 55-66, 1998.

FERNANDES, R. C. **Diversidade e estrutura genética em populações naturais de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) no norte de Minas Gerais**. 2008. 65 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)–Universidade Federal de Lavras. Lavras. 2008.

GOMES, J. E. **Variabilidade genética e correlações juvenil - adulto de baru (*Dipteryx alata* Vog.) no município de Brasilândia – MG**. 2001. 101 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Estadual de Campinas, Faculdade de Ciências Agrônômica, Botucatu, 2011.

GONÇALVES, P. de S.; BORTOLETTO, N.; FONSECA, F. da.; BATAGLIA, O. C.; ORTOLANI, A. A. Early selection for growth vigor in rubber tree genotypes in northwestern São Paulo state (Brazil). **Genetics and Molecular Biology**, v. 21, p.620-630, 1998.

JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; BRAGA, M. F.; PEIXOTO, J. R.. Domesticação de espécies da flora nativa do Cerrado. In: Lucília Maria Parron et al.. (Org.). **Cerrado: Desafios e oportunidades para o desenvolvimento sustentável**. 1ª ed. Brasília: Embrapa Cerrados, 2008, v. 1, p. 125-163.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Nova Odessa: Plantarum, 1998. 352 p.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 4. ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2002. 352 p.

MORAES, M. A.; MORAES, S. M. B.; SILVA, E. C. B.; KUBOTA, T. Y. K. K.; SILVA, A. M.; RESENDE, M. D. V.; MORAES, M. L. T. Variação genética em progênies de *Jacaranda cuspidifolia* Mart. utilizando o delineamento sistemático tipo “leque”. Genetic variation in progenies of *Jacaranda cuspidifolia* Mart using the fan systematic design. **Sci. For.**, Piracicaba, v. 41, n. 98, p. 175-183, 2013.

MOTA, E. E. S. **Caracterização fenotípica e variação genética quantitativa em *dipteryx alata* vog. (barueiro) do cerrado**. 2013. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)– Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

NAMKOONG, G.; SNYDER, E. B.; STONECYPHER, R. W. Heritability and gain concepts for evaluating breeding systems such as Seedling Orchards. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 15, p. 76-84, 1966.

NAVES, R. V. **Espécies frutíferas nativas dos cerrados de Goiás: caracterização influências do clima e dos solos**. 1999. 206 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1999.

NOVAES, C. R. D. B. **Variabilidade e divergência genética de caracteres quantitativos e marcadores neutros em populações de *Eugenia dysenterica* DC**. 2014. 223 f. Tese

(Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

ODA, S.; MELLO, E. J.; SILVA, J. F.; SOUZA, I. C. G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia Florestal**. Viçosa: UFV, p. 51-71, 2007.

OLIVEIRA, P. E. **Fenologia e biologia reprodutiva das espécies de cerrado**. In: Sano S.M.; Almeida S. P. (Ed.). Cerrado: ambiente e flora. Planaltina: Embrapa-CPAC. 1998. p.169-187.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agronômicos e florestais**. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

RESENDE, M. D. V. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 19, n. 4, p. 479-500, 1995.

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

RIBEIRO, J. F.; OLIVEIRA, M. C.; GULIAS, A. P. S. M.; FAGG, J. M. F.; AQUINO, F. G. Uso múltiplos da biodiversidade do bioma Cerrado: estratégias sustentável para a sociedade, o agronegócio e os recursos naturais. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Ed). **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2008. 1198 p.

SALGADO, B. G. **Caracterização de sistemas agroflorestais com café em Lavras-MG**. 2004. 115 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

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 caribaea* var. *hondurensis* L. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2243-2253, 2000.

SANO, S. M.; BRITO, M. A.; RIBEIRO, J. F. Barú. In: VIEIRA, R. F.; AGOSTINI-COSTA, T. S.; SILVA, D. B.; FERREIRA, F. R.; SANO, S. M.; (Eds.) **Frutas nativas da região Centro-Oeste do Brasil**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010b. 322 p.

SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F.; BRITO, M. A. de. **Barú: biologia e uso**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2004. 52 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 116).

SIQUEIRA, A. C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação dos recursos genéticos ex situ do curmbaru (*Dipteryx alata* Vog. - Leguminosae). **Revista do Instituto Florestal de São Paulo**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-243, 1993.

SOARES, T. N.; CHAVES, L. J.; TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; RESENDE, L. V. Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* ("Baru" tree: Fabaceae) From Cerrado region of central Brazil. **Genetica**, The Netherlands, v. 132, p. 9-19, 2008.

STERBA, H. **Forstliche Ertragslehre**. Wien: Universität für Bodenkultur, 1992. 160 p.

TAKEMOTO, E.; OKADA, I. A.; GARBELOTTI, M. L.; TAVARES, M.; AUED PIMENTEL, S. Composição química da semente e do óleo de baru (*Dipteryx alata* Vog.) nativo do Município de Pirenópolis, Estado de Goiás. **Revista do Instituto Adolfo Lutz**, São Paulo, v. 60, n. 2, p. 113-117, 2001.

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

VENCOVSKY, R. - Herança quantitativa. In: PATENIANI, E., coord. - **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Piracicaba. ESALQ/Marprint, 1978. p. 122-99.

WINK, C.; MONTEIRO, J. S.; REINERT, D. J.; LIBERALESSO, E.. Parâmetros da copa e a sua relação com o diâmetro e altura das árvores de eucalipto em diferentes idades. **Sci. For.**, Piracicaba, v. 40, n. 93, p. 57-67, 2012.

ZARUMA, D. U. G. **Variações genéticas para caracteres silviculturais em progênes e procedências de *Dipteryx alata* Vogel**. 2014. 53 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Florestal). Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Botucatu, 2014.

3 COMPARAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA QUANTITATIVA (Q_{ST}) E MOLECULAR (F_{ST}) EM SUBPOPULAÇÕES DE *D. alata* Vog.

RESUMO: A variabilidade genética em caracteres adaptativos é exigida para que subpopulações suportem circunstâncias ambientais adversas. A manutenção da diversidade genética é assim importante para a adaptação a ambientes novos. O presente trabalho teve como objetivo comparar a estrutura genética populacional da espécie *Dipteryx alata*, com base em dados quantitativos e moleculares para inferir sobre a atuação dos processos adaptativos nas subpopulações ou populações locais. O estudo foi realizado na Coleção de Germoplasma de Barueiro localizada na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (EA/UFG). A coleção foi formada a partir da coleta de frutos de 25 subpopulações, com seis matrizes por subpopulação. O plantio em campo foi realizado em delineamento de blocos completos casualizados, com 150 progênies (tratamentos), quatro repetições e uma planta por parcela, totalizando 600 acessos individuais. Dados quantitativos de 26 variáveis foram submetidos à análise de variância. A partir dos componentes de variância, foi estimado para cada caráter, o parâmetro Q_{ST} , análogo ao F_{ST} de Wright, que mede a divergência genética quantitativa entre as subpopulações. A comparação das estimativas de estrutura genética populacional via dados de marcadores microssatélites (F_{ST}) e dados quantitativos (Q_{ST}) foi realizada via comparação entre as distribuições de probabilidade dos valores das duas estimativas, que foram geradas por meio de 10000 reamostragens via *bootstrap* paramétrico. A estrutura genética estimada por caracteres quantitativos mostrou maior diferenciação entre as subpopulações para as variáveis: diâmetro à altura do peito, comprimento do folíolo, taxa de crescimento da altura no quarto ano e taxa de crescimento do diâmetro no segundo ano. Para 18 dos 27 caracteres avaliados sugere-se que a deriva é a principal causa da diferenciação entre as subpopulações. Para seis dos 27 caracteres avaliados há evidência de que a seleção natural diferencial está atuando sobre as subpopulações de barueiro. Para os caracteres proporção da copa, diâmetro inicial e taxa de crescimento do diâmetro no primeiro ano há sinais de que a seleção uniforme também está atuando sobre as subpopulações de *D. alata*.

Palavras-chave: Divergência genética, seleção, deriva, Q_{ST} , F_{ST} .

COMPARISON OF QUANTITATIVE (Q_{ST}) AND MOLECULAR (F_{ST}) GENETIC DIVERGENCE IN SUBPOPULATIONS OF *D. alata* Vog.

ABSTRACT: Genetic variability in adaptive traits is required for subpopulations to support adverse environmental scenarios. Maintaining genetic diversity is thus important for adaptation to new environments. The present work had as objective to compare the population genetic structure of *Dipteryx alata*, based on quantitative and molecular data to infer about the role of the adaptive processes in the local subpopulations evolution. The study was carried out in the Germplasm Collection of *D. alata*, located in the experimental area of the School of Agronomy of the Federal University of Goiás (EA/UFG). The germplasm collection was formed from samples of seeds of 25 subpopulations, with six mother trees per subpopulation. Field planting was carried out in a randomized complete block design, with 150 progenies (treatments), four replications and one plant per plot, totaling 600 individual accessions. Quantitative data of 26 variables were submitted to analysis of variance. From the components of variance, the Q_{ST} parameter, analogous to the Wright F_{ST} , was estimated for each trait, which measures the quantitative genetic divergence among the subpopulations. The comparison of estimates of population genetic structure via microsatellite marker (F_{ST}) and quantitative data (Q_{ST}) was performed comparing the probability distributions of the values of the two estimates, which were generated by means of 10000 replicates via parametric bootstrap. The genetic structure estimated by quantitative traits detected greater differentiation among the subpopulations for the variables: diameter at breast height, leaflet length, height growth rate in the fourth year and diameter growth rate in the second year. For 18 of the 27 traits it is suggested that drift is the main cause of differentiation among subpopulations. For six of the 27 traits there is evidence that natural differential selection is acting on the subpopulations. For the traits crown ratio, initial diameter and diameter growth rate in the first year it is suggested that uniform selection is also acting on the subpopulations of *D. alata*.

Key words: Genetic divergence, selection, drift, Q_{ST} , F_{ST} .

3.1 INTRODUÇÃO

O barueiro (*Dipteryx alata* Vogel) é uma leguminosa arbórea (Fabaceae), que ocorre geralmente em cerrado sentido restrito, cerradão e mata seca (Lorenzi, 1998). Apresenta ampla distribuição no Brasil, dentro do bioma Cerrado, nos estados de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Maranhão, Pará, Rondônia, São Paulo e Tocantins. (Lorenzi, 1998, Sano et al., 2010b). Sua ampla distribuição geográfica é um indicativo da possibilidade da espécie apresentar altos níveis de variabilidade genética, conferindo assim capacidade de ocupar diferentes habitats (Mota, 2013).

O fruto (baru) é utilizado pela população humana e alguns grupos de animais. A polpa (mesocarpo) e semente são comestíveis e de sabor agradável. A amêndoa apresenta elevado valor nutricional. O óleo extraído da semente é utilizado na indústria alimentícia e farmacêutica. O baru nas pastagens é benéfico em razão de uso como abrigo para o gado, do valor energético e nutricional dos frutos e da manutenção da qualidade da forragem. A árvore apresenta uma madeira de alta densidade, compacta, com alta durabilidade, elevada resistência ao apodrecimento que é indicada para estacas e construção civil (Ferreira, 1980; Almeida, 1998). A espécie também tem sido utilizada no paisagismo e em recuperação de áreas degradadas (Sano et al., 2004). A amêndoa é consumida das mais variadas formas: torrada como aperitivo, paçoca, rapadurinhas, cajuzinho, e produção de bebidas alcoólicas, como o baruzeto e licor de baru. Da semente produz-se um óleo muito fino comparável ao de oliva, sendo utilizado na indústria alimentícia e farmacêutica devido ao seu alto teor de ácido oléico e linoléico (Ferreira, 1980; Almeida, 1998; Takemoto et al., 2001).

O barueiro floresce na estação chuvosa e o pico de frutificação ocorre na estação seca. A espécie apresenta variação na intensidade e período de floração e frutificação entre os anos (Sano et al., 2004; Sano et al., 2010). Oliveira e Sigrist (2008) observaram períodos de floração de outubro a janeiro (em 2004-2005), com pico em novembro, e período de floração de novembro a abril (em 2005-2006), com elevada produção de botões e flores em fevereiro. A frutificação inicia-se dois meses após o começo da floração, apresentando frutos maduros durante a estação seca no Cerrado. A dispersão do fruto é barocórica e zoocórica, realizada por morcegos que levam os frutos das árvores para o pouso de dormir, deixando-os cair (Sano et al., 2004).

É uma espécie alógama, possui autoincompatibilidade de ação tardia e elevada taxa de aborto (eficácia reprodutiva= 0,45). *Xylocopa suspecta* é o principal polinizador (16,6% das visitas), pois visita legitimamente as flores e apresenta forrageamento que promove fluxo polínico entre as plantas. As abelhas *Pseudaugochlora graminea* (15,3% das visitas) e *Apis mellifera* (39,5% das visitas), apesar da alta taxa de visitação, não são bons polinizadores (eficiência de polinização de 3,5% e 0%, respectivamente), pois geralmente não realizam movimento entre as plantas. *A. mellifera* pilha néctar em 45,5% das visitas realizadas, tornando a flor inviável à polinização (Oliveira e Sigrist, 2008).

A estrutura genética de uma população refere-se à magnitude e à organização da variabilidade genética nela presente, refletindo seus processos históricos e denotando de alguma forma a ação desses processos no presente e no futuro. Em condições naturais, a manutenção e dinâmica da estrutura genética de uma população é resultado da interação entre um conjunto de fatores evolutivos, tais como variação no conjunto gênico, organização dessas variações nos genótipos, distribuição espacial desses genótipos, sistema reprodutivo, dispersão da progênie no campo, eventos estocásticos e processos de crescimento, mortalidade e substituição que originam as futuras gerações (Loveless e Hamrick, 1984; Heywood, 1991). Dessa maneira, o estudo de padrões de distribuição espacial da variabilidade genética em populações vegetais tem se mostrado útil para a compreensão da influência dos processos espaciais na distribuição da variabilidade genética em diferentes escalas (Heywood, 1991; Diniz-Filho e Telles, 2000).

Na maioria das espécies a metapopulação é subdividida em subpopulações (ou populações locais) que podem tornar-se estruturadas e geneticamente distintas por deriva genética, mutação ou seleção divergente e, também, podem reduzir esta diversificação por migração (fluxo gênico) e/ou seleção uniforme (Nei, 1987). Dentre os marcadores utilizados na análise da estrutura genética de espécies, os microssatélites têm se destacado e fornecido um método para avaliar a variação genética em subpopulações de espécies nativas e mensurar processos populacionais de importância ecológica, conservacionista, manejo e pré-melhoramento (Lovelles, 1992).

A estrutura genética das populações foi estabelecida inicialmente por Wright (1951) a partir das estatísticas F . As conclusões de Wright, feitas com base em um loco com dois alelos, foram ampliadas por Nei (1973) para locos multialélicos. Outra forma para analisar a estrutura genética das populações é o método de análise de variância das frequências alélicas, desenvolvido por Weir e Cockerham (1984). O modelo de análise de

variância, tradicionalmente usado para caracteres quantitativos pode ser empregado em um modelo hierárquico para quantificar a estrutura genética das populações.

O estudo da variação adaptativa é peça chave na biologia evolutiva, permitindo o entendimento dos mecanismos de seleção natural e a predição de áreas de conservação que permitam a espécie manter seu curso evolutivo (Teplitsky et al., 2014). A variabilidade genética em caracteres adaptativos é exigida para que uma população da espécie suporte circunstâncias ambientais adversas. A manutenção da diversidade genética é assim importante para a adaptação a ambientes novos. Os caracteres quantitativos que apresentam variação para a adaptação local são imprescindíveis para o sucesso da continuidade das populações naturais. Por serem caracteres sob seleção e não neutros, as taxas diferenciais de reprodução e sobrevivência representadas pelo valor adaptativo são primordiais na resiliência das populações (Conover et al., 2006).

O presente trabalho teve como objetivo comparar a estrutura genética populacional da espécie *D. alata*, com base em dados quantitativos e moleculares para inferir sobre a atuação dos processos adaptativos nas subpopulações, a fim de contribuir para a elaboração de estratégias eficientes para o seu uso e conservação genética.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado na Coleção de Germoplasma de Barueiro da UFG, localizado na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, a 16°35' 58" de latitude Sul, 49°16' 59" de longitude Oeste e 715 m de altitude. Vinte e cinco subpopulações de *D. alata* foram coletadas em áreas do bioma Cerrado nos Estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e São Paulo, nos meses de outubro e novembro de 2011 (Mota, 2013). As áreas de coleta com as respectivas coordenadas geográficas estão listadas na Tabela 3.1. Em cada uma das 25 subpopulações foram coletados frutos de seis matrizes, com coleta de 25 frutos por matriz para a instalação de experimento de progênes e procedências. O termo subpopulação (equivalente a população local) foi dado ao conjunto de plantas amostradas a uma distância mínima de 120 km.

As mudas provenientes da semeadura em meados de outubro de 2011 foram transplantadas para o campo em março do ano seguinte, na mesma estação chuvosa. O

plântio em campo foi de 600 plantas, distribuídas em 150 progênies, com quatro repetições e uma planta por parcela, em delineamento de blocos completos casualizados.

As avaliações das plantas que compõe a Coleção de Germoplasma de Barueiro da UFG, para as finalidades deste estudo, iniciaram-se em março de 2012, sendo os acessos individuais caracterizados morfológica e agronomicamente. As variáveis, referente ao desenvolvimento das progênies, foram avaliadas entre março de 2012 e março de 2016. Os índices morfométricos estimados para descrever as relações de dimensão das árvores amostras de *D. alata* e suas folhas e fazer inferência sobre o crescimento destas foram tomados ao final do quarto ano após o plântio e seguiram as descrições de Durlo e Denardi (1998). Os detalhes das mensurações das variáveis avaliadas no presente estudo podem ser observados no Capítulo 1.

Tabela 3.1 Localidades e coordenadas geográficas das 25 subpopulações de *Dipteryx alata* Vog. amostradas no Cerrado.

Subpopulação	Município – Estado	Latitude	Longitude	Altitude (m)
1	Cocalinho – MT	14° 09,495'	51° 15,004'	246
2	Água Boa – MT	13° 50,058'	52° 02,325'	292
3	Pirenópolis – GO	16° 00,220'	49° 01,506'	769
4	Sonora – MS	17° 50,337'	54° 42,776'	325
5	Alcinópolis – MS	18° 15,590'	53° 56,202'	407
6	Alvorada – TO	12° 26,471'	49° 07,329'	302
7	São Miguel do Araguaia – GO	13° 13,772'	50° 06,632'	362
8	Luziânia – GO	16° 44,108'	48° 07,032'	859
9	Icém – SP	20° 24,027'	49° 14,588'	477
10	Monte Alegre de Minas – MG	18° 58,789'	49° 01,394'	725
11	Estrela do Norte – GO	13° 49,789'	49° 08,394'	398
12	Santa Terezinha – GO	14° 31,526'	49° 37,244'	584
13	Arinos – MG	15° 55,371'	46° 07,986'	524
14	Pintópolis – MG	16° 04,354'	45° 11,215'	517
15	Paraíso das Águas – MS	18° 58,292'	52° 52,922'	672
16	Terenos – MS	20° 25,696'	55° 03,477'	257
17	Camapuã – MS	19° 31,509'	53° 56,607'	554
18	Indiara – GO	17° 14,260'	49° 57,722'	597
19	Barra do Garças – MT	16° 06,380'	52° 28,932'	316
20	Nossa Senhora do Livramento – MT	16° 14,704'	57° 32,844'	309
21	Jandaia – GO	16° 54,719'	50° 12,121'	613
22	Natividade – TO	11° 40,538'	47° 43,121'	327
23	Arraias – TO	12° 56,646'	46° 55,846'	721
24	Aquidauana – MS	20° 39,167'	55° 59,910'	222
25	Cárceres – MT	15° 40,722'	56° 18,895'	252

Os caracteres mensurados foram: Altura da planta (ALTI - altura inicial e ALTF - altura final), Diâmetro da planta (DIAI - diâmetro inicial e DIAF - diâmetro final), Taxa de crescimento da altura (1º ano, 2º ano, 3º ano e 4º ano), Taxa de crescimento do diâmetro (1º ano, 2º ano e 3º ano e 4º ano), altura do fuste (ALTFU), diâmetro à altura do peito (DIAP), comprimento de copa (CC), diâmetro da copa (DC), proporção da copa (PC), área de projeção da copa (APC), grau de esbeltez (GE), índice de saliência (IS), índice de abrangência (IA), forma de copa (FC), bifurcação (BI), retidão (RE), comprimento do folíolo (CFOL), largura do folíolo (LFOL), número de folíolos por folha (NFOL) e tamanho total da folha (TTFO).

Foram avaliadas 150 progênies de irmãos maternos, provenientes de seis árvores de cada uma das 25 subpopulações. Vinte e seis variáveis quantitativas foram utilizadas (Vide detalhes no Capítulo 1).

Os dados quantitativos foram submetidos à análise de variância (ANOVA). O modelo utilizado para análise foi o de blocos completos casualizados com delineamento hierárquico de tratamentos que considera o efeito de subpopulações e progênies dentro de subpopulações. O modelo utilizado foi:

$$Y_{ijk} = m + s_i + p_{j(i)} + b_k + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

Y_{ijk} : observação coletada da variável Y na planta do bloco k da progênie j da subpopulação i ;

m : média geral das observações;

s_i : efeito aleatório da subpopulação i , ($i = 1, 2, \dots, S$);

$p_{j(i)}$: efeito aleatório da progênie j , dentro da subpopulação i , ($j = 1, 2, \dots, p_i$);

b_k : efeito aleatório do bloco k , ($k = 1, 2, \dots, B$);

e_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental.

Baseado no modelo estatístico mencionado, utilizou-se o esquema de análise de variância e as esperanças dos quadrados médios, conforme Tabela 3.2.

Tabela 3.2 Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios conforme o modelo estatístico hierárquico com efeitos de subpopulações e progênies dentro de subpopulações para caracteres quantitativos de *Dipteryx alata* Vog. avaliados em campo.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)
Blocos	B – 1		
Subpopulações	S – 1	Q ₁	$\sigma^2 + k_2\sigma_{P/S}^2 + k_3\sigma_S^2$
Progênies (Subpopulações)	P – S	Q ₂	$\sigma^2 + k_1\sigma_{P/S}^2$
Resíduo	(B – 1)(P – 1) – f	Q ₃	σ^2
Total	N – 1		

B: número de blocos (B = 4); S: número de subpopulações (S = 25); P: número total de progênies (P = 150); f: número de dados faltantes e N: número total de plantas.

Valores de k correspondem aos coeficientes dos componentes de variâncias, calculados por:

$$k_1 = \frac{1}{M - S} \left[\sum_{i=1}^S \sum_{j=1}^{p_i} n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_{ij}} - \frac{1}{n_{i.}} \right) \right]; k_2 = \frac{1}{S - 1} \left[\sum_{i=1}^S \sum_{j=1}^{p_i} n_{ij}^2 \left(\frac{1}{n_{i.}} - \frac{1}{n_{..}} \right) \right]; k_3 = \frac{1}{S - 1} \left[\sum_{i=1}^S n_{i.}^2 \left(\frac{1}{n_{i.}} - \frac{1}{n_{..}} \right) \right]$$

sendo: n_{ij} : número de indivíduos na progênie j da subpopulação i; $n_{i.}$: número de matrizes da subpopulação i.

A partir dos componentes de variância, foi estimado para cada caráter, o parâmetro Q_{ST} , análogo ao F_{ST} de Wright, que mede a divergência genética quantitativa entre as subpopulações, de acordo com a seguinte fórmula:

$$Q_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_S^2}{\hat{\sigma}_S^2 + \frac{2}{1 + F_{IS}} \hat{\sigma}_A^2}$$

$\hat{\sigma}_S^2$: estimativa da variância genética entre subpopulações;

F_{IS} : índice de fixação intrapopulacional;

$\hat{\sigma}_A^2$: estimativa da variância aditiva dentro de subpopulações, obtida por:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_{P/S}^2$$

A coleção de germoplasma de barueiro foi avaliada com marcadores microssatélites, no laboratório de Genética & Biodiversidade da UFG por Guimarães (2014). As análises de estrutura genética foram realizadas com base nos coeficientes θ , F e f , conforme proposto por Weir e Cockerham (1984), que permitem investigar o padrão de variabilidade das frequências alélicas em um modelo hierárquico, utilizando θ_s e θ_p para análise das progênies e subpopulações, respectivamente. A consistência das estimativas dos parâmetros (θ_p , θ_s , F e f) foi avaliada a partir de um procedimento de *bootstrap*, com

10000 reamostragens sobre locos para estabelecer os intervalos de confiança a 95 %. Todas estas análises foram realizadas no software GDA – Genetic Data Analysis (Guimarães, 2014). Com o mesmo procedimento foram geradas 10000 estimativas *bootstrap* para θ_p (F_{ST}) para uso na comparação com Q_{ST} . Os parâmetros θ_p e f correspondem aos parâmetros F_{ST} e F_{IS} de Wright, respectivamente.

A comparação das estimativas de estrutura genética populacional via dados de marcadores microsatélites (F_{ST}) e dados quantitativos (Q_{ST}) foi realizada via comparação entre as distribuições de probabilidade dos valores das duas estimativas, que foram geradas por meio de 10000 reamostragens via *bootstrap* paramétrico. Gerou-se uma distribuição nula de probabilidade da diferença $Q_{ST}-F_{ST}$ para o modelo hierárquico com subpopulações, famílias dentro de subpopulações e blocos, adaptando a metodologia proposta por Whitlock e Guillaume (2009). O procedimento foi realizado utilizando-se planilha eletrônica Excel© para Windows®, gerando reamostragens por *bootstrap* paramétrico associando-se dados da distribuição qui-quadrado às estimativas de componentes de variância das subpopulações. A geração das distribuições nulas do contraste $Q_{ST}-F_{ST}$, para cada um dos caracteres quantitativos foi realizada emparelhando-se aleatoriamente as estimativas reamostradas de F_{ST} com as estimativas de Q_{ST} obtidas por reamostragens paramétricas dos componentes de variância. Em cada reamostragem, a variância genética entre subpopulações foi calculada supondo-se um Q_{ST} igual ao F_{ST} e recalculando-se a variância aditiva dentro de subpopulações, associando-se valores aleatórios de qui-quadrado aos quadrados médios da análise de variância. A diferença entre as estimativas de Q_{ST} e F_{ST} dos dados originais foram confrontados com os intervalos da distribuição nula aos níveis de 10%, 5% e 1% de significância, para cada variável quantitativa.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da estrutura genética das 25 subpopulações estimada por caracteres quantitativos detectou maior diferenciação entres as subpopulações para as variáveis: diâmetro a altura do peito, comprimento do folíolo, taxa de crescimento da altura no quarto ano e taxa de crescimento do diâmetro no segundo ano (Tabela 3.3). Novaes (2014), em estudo com *Eugenia dysenterica* DC do Cerrado, em casa de vegetação, também observou que as subpopulações estão estruturadas para caracteres relacionados às taxas de crescimento. As variáveis que demonstraram uma maior diferenciação entre as regiões em

estudo com o pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) foram também as relacionadas ao desenvolvimento, diâmetro final e altura final (Moura et al., 2013). Almeida-Junior (2012), avaliando *Eugenia dysenterica*, em campo, detectou maior divergência entre as subpopulações estudadas para caracteres relacionados à folha (comprimento do pecíolo, formato da folha e comprimento do limbo). Mota (2013), avaliando as mesmas subpopulações do presente estudo, em casa de vegetação, observou que um dos caracteres que apresentou maior diferenciação entre as subpopulações foi o comprimento do folíolo.

As variáveis que apresentaram valores significativos ($p < 0,05$) de $Q_{ST} > F_{ST}$ foram: taxa e crescimento da altura no quarto ano e número de folíolo. Valores de $Q_{ST} > F_{ST}$, adotando-se um menor rigor para a rejeição de H_0 , com intervalo de confiança de 90%, foram apresentados também pelas variáveis: comprimento do folíolo, tamanho total da folha e taxa de crescimento do diâmetro no segundo ano (Tabela 3.3). Neste caso, a seleção para diferentes fenótipos está provavelmente contribuindo para a diferenciação das subpopulações (Howe et al., 2003). Isso indica que as subpopulações estão se diferenciando, para essas variáveis, mais do que seria esperado apenas pela atuação da deriva genética dentro das subpopulações.

A maioria das pesquisas que compararam Q_{ST} com F_{ST} em árvores encontraram como resultado $Q_{ST} > F_{ST}$, pressupondo a seleção direcional como responsável pelas diferenças quantitativas (Savolain et al., 2007).

Os caracteres quantitativos que apresentaram valores de Q_{ST} significativos e inferiores ao F_{ST} , ao adotar-se um menor rigor para rejeição de H_0 , com intervalo de confiança de 90%, foram: proporção da copa, diâmetro inicial e taxa de crescimento do diâmetro no primeiro ano. Para essas variáveis, sugere-se que a seleção uniforme, ou seleção paralela na mesma direção, está limitando a diferenciação, para um mesmo fenótipo, entre as diferentes subpopulação mesmo com a presença da deriva (Howe et al., 2003). No entanto, 18 das 27 variáveis avaliadas não apresentaram valores significativos de diferenciação de caracteres quantitativos e marcadores neutros (Q_{ST} vs F_{ST}), sugerindo que a deriva genética é a principal causa da divergência entre as subpopulações, para a maioria dos caracteres.

O efeito da deriva é inversamente proporcional ao tamanho das subpopulações. Sendo assim, quanto maior o tamanho da subpopulação, maior é a probabilidade das frequências gênicas da amostra serem similares às da população de origem (Futuyma, 2003). A deriva ocorre devido às flutuações aleatórias nas frequências alélicas, levando,

eventualmente, à fixação ou perda de alelos. O processo de deriva é mais rápido quanto menor é a população (Nei et al. 1975). A deriva retrata algumas consequências evolutivas, vale ressaltar a perda da variação genética dentro das subpopulações e o aumento da divergência genética entre elas (Futuyma, 2003). A perda de variação genética pode levar a redução da habilidade das subpopulações se adaptarem as mudanças ambientais, causando uma limitação evolutiva (Frankhan, 1996).

A subdivisão de uma população pode ser provocada, por causas geográficas ou ecológicas, sob condições naturais ou provocadas pela ação antrópica. Todas as subpopulações, em conjunto, contituem a população completa e cada subpopulação é uma pequena população, na qual as frequências alélicas estão sujeitas à deriva genética (Sánchez, 2008). Um dos fatores que tem levado ao isolamento de subpopulações, e consequentemente, à deriva genética e à endogamia é a fragmentação das áreas naturais, em se tratando do barueiro, a fragmentação do Cerrado. A fragmentação leva a uma diminuição nas taxas de fluxo gênico entre as subpopulações, e consequentemente, as subpopulações podem se enquadrar na situação em que a deriva genética sobrepujaria os efeitos do fluxo gênico (Moraes e Carvalho, 2003).

A fragmentação causa alterações nos padrões de troca de genes das subpopulações remanescentes, alterando sua variabilidade e estrutura genética (Ballal et al., 1994). A fragmentação florestal atua isolando reprodutivamente indivíduos que contêm apenas uma pequena amostra do conjunto gênico da população original (gargalo genético), ou causando uma perda contínua de alelos nas subpopulações devido à deriva genética, caso a população remanescente permaneça isolada por várias gerações (Souza, 1997). A redução no tamanho das populações ou número de subpopulações pode levar à formação de estruturas familiares com um maior grau de parentesco entre os indivíduos mais próximos, dentro das unidades populacionais (Seoane et al., 2000).

O aumento do grau de parentesco em uma subpopulação pode, com o passar das gerações, resultar no cruzamento entre indivíduos aparentados e levar ao aparecimento de endogamia. A endogamia em plantas alógamas expõe genes deletérios em homozigose, resultando no aparecimento de características que retratam a depressão por endogamia: albinismo nas plântulas, mortalidade juvenil, decréscimo na germinabilidade, produção de sementes e taxa de crescimento e também perda de vigor (Souza Jr., 1995). Depressão endogâmica em caracteres de desenvolvimento inicial foi constatada em *Eugenia dysenterica*, outra espécie frutífera nativa do Cerrado (Chaves et al., 2011).

Os estudos comparativos de diferenciação de caracteres quantitativos e marcadores neutros têm utilizado as comparações de Q_{ST} vs F_{ST} como ferramenta exploratória, buscando entender a atuação da seleção natural em subpopulações silvestres. Estes estudos têm permitido detectar caracteres que estão sob seleção, mas para os quais há pouca informação a priori. Esta informação permite decidir se as subpopulações devem ser consideradas como grupos separados ou uma mesma unidade de conservação, no entanto, existe uma falta de conhecimento sobre as pressões potenciais divergentes da seleção que afetam as subpopulações diferentes (Leinonen et al., 2008)

Marcadores moleculares são, geralmente, neutros e, sendo assim, não são afetados pela seleção natural, de forma que a divergência genética detectada entre subpopulações possa ser interpretada em termos de deriva genética e fluxo gênico. Em contrapartida, caracteres quantitativos são considerados caracteres indicativos de vigor e adaptabilidade e podem ser fortemente afetados pela seleção natural, assim, a diferenciação genética entre as subpopulações pode ser interpretada em termos de seleção natural, deriva genética e migração (Sebbenn et al., 2001).

Sob neutralidade seletiva espera-se que o Q_{ST} de caracteres quantitativos seja igual ao F_{ST} (Wright, 1951). Nesta perspectiva, quando estimativas de divergência genética entre subpopulações são obtidas simultaneamente para caracteres quantitativos e marcadores neutros, como os microssatélites, três hipóteses sobre as causas das diferenças genéticas entre as subpopulações podem ser testadas. Em primeiro lugar, se o Q_{ST} é maior do que o F_{ST} , isto indica seleção para adaptações específicas aos ambientes particulares, ou seja, a seleção natural direcional que favorece diferentes fenótipos em populações diferentes é a provável causa desta diferenciação (seleção diferencial) (Leinonen et al., 2008). Em segundo caso, se o Q_{ST} é menor do que o F_{ST} , a seleção está ocorrendo de forma paralela e na mesma direção, ou seja, a causa mais provável para este evento é a seleção uniforme, que está provavelmente limitando a diferenciação entre as subpopulações (Howe et al., 2003; Leinonen et al., 2008). E por fim, se as estimativas de Q_{ST} são similares a F_{ST} , isto indica falta de evidência de seleção, ou seja, a seleção possui pouca influência sobre a diferenciação entre as subpopulações para o caráter quantitativo em questão (Leinonen et al., 2008).

Tabela 3.3 Estimativas de Q_{ST} e F_{ST} para caracteres agrônômicos e silviculturais para 25 subpopulações de *Dipteryx alata* e valores mínimo e máximo de 5% na distribuição de probabilidade com 10000 reamostragens por *bootstrap* paramétrico da diferença $Q_{ST} - F_{ST}$.

Variável	Q_{ST}	F_{ST}	DIF
ALTFU	0,1294		0,0324 NS
DIAP	0,5012		0,4042 *
CC	0,1998		0,1028 NS
DC	0,0881		-0,0089 NS
PC	0,0118		-0,0852 *
APC	0,0982		0,0012 NS
IS	0,0974		0,0004 NS
IA	0,0746		-0,0224 NS
FC	0,0746		-0,0224 NS
BI	0,0818		-0,0152 NS
RE	0,1035		0,0079 NS
CFOL	0,3130		0,2160 *
LFOL	0,1159	0,0970	0,0189 NS
TTFO	0,1983		0,1013 *
NFOL	0,2493		0,1523 **
ALTI	0,0621		-0,0349 NS
ALTF	0,1514		0,0544 NS
TCALT1	0,1305		0,0335 NS
TCALT2	0,1563		0,0593 NS
TCALT3	0,1680		0,0710 NS
TCALT4	0,7611		0,6641 **
DIAI	0,0491		-0,0479 *
DIAF	0,1538		0,0568 NS
TCDIA1	0,0449		-0,0521 *
TCDIA2	0,3641		0,2671 *
TCDIA3	0,1649		0,0679 NS
TCDIA4	0,0000		0,0000
Média	0,1748		

ALTFU: altura do fuste; DIAP: diâmetro á altura do peito; CC: Comprimento da copa; DC: diâmetro da copa; PC: proporção da copa; APC: área de projeção da copa; IS: índice de saliência; IA: índice de abrangência; FC: forma da copa; BI: bifurcação; RE: retidão; CFOL: comprimento do folíolo; LFOL: largura do folíolo; TTFO: tamanho total da folha; NFOL: número de folíolo; ALTI: altura das progênes inicial; ALTF: altura das progênes final; TCALT1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano; TCALT2: taxa de crescimento da altura do segundo ano; TCALT3: taxa de crescimento da altura do terceiro ano; TCALT4: taxa de crescimento da altura do quarto ano; DIAI: diâmetro das progênes inicial; DIAF: diâmetro das progênes final; TCDIA1: taxa de crescimento da altura do primeiro ano; TCDIA2: taxa de crescimento do diâmetro do segundo ano; TCDIA3: taxa de crescimento do diâmetro do terceiro ano e TCDIA4: taxa de crescimento do diâmetro do quarto ano. Significância: NS: não significativo; '**' 0,05 '*' 0,10.

Como é esperado que quase metade de todos os caracteres neutros tenha um valor Q_{ST} maior do que a média de F_{ST} , se o Q_{ST} de um caráter é maior que a média de F_{ST} de locos neutros, isto não pode ser interpretado como prova suficiente para a adaptação

local deste caráter. Em vez disso, pode-se questionar se o Q_{ST} de um carácter está na cauda da distribuição dos valores possíveis, sob a hipótese de nulidade e neutralidade. Se o valor do Q_{ST} para um dado carácter caiu na cauda da distribuição prevista do F_{ST} , pode-se inferir que esse carácter é susceptível de estar sob seleção.

Para comparar Q_{ST} ao F_{ST} é, então, importante buscar o controle cuidadoso de potenciais fontes de viés. Em primeiro lugar, é essencial um delineamento experimental cuidadoso, levando em consideração que os métodos usados para calcular F_{ST} e Q_{ST} , ambos calculem a variância entre grupos da mesma maneira. Em segundo lugar, é crucial para comparações válidas que as medidas de F_{ST} e de Q_{ST} sejam tomadas exatamente das mesmas subpopulações e que o número de subpopulações seja superior a 20 (O'Hara e Merilä, 2005). Tendo em vista que os fatores ambientais que afetam determinada subpopulação, exemplo a espécie em questão e seu nicho, não são necessariamente os mesmos que afetam as subpopulações de outra região. Outra questão é o fato das estimativas de Q_{ST} e F_{ST} nunca serem obtidas sem erro, porém, para dar conta do erro de amostragem, uma abordagem bootstrap pode ser a forma mais bem sucedida de fazer essa comparação (Whitlock, 2008).

É importante ressaltar que a divergência genética pode ser alterada com o desenvolvimento das plantas. A divergência genética estimada entre subpopulações com base nos dados demarcadores moleculares não será alterada, mas a divergência genética entre subpopulações ou entre progênies dentro de subpopulações possivelmente irá alterar-se devido a mudanças na pressão de seleção em diferentes fases de vida das plantas, podendo então, aumentar ou diminuir, conforme for a pressão de seleção sobre o carácter. Sendo assim, uma variável pode apresentar diferenças genéticas, por exemplo, entre subpopulações devido à seleção natural, em uma fase de vida das plantas e por deriva genética em outra fase, apenas pelo fato de que a pressão de seleção sobre o carácter mudou (Sobierajski, 2004). E ainda, vale ressaltar que as variáveis que representam os dados do barueiro na fase de plântulas (Mota, 2013) demonstraram valores de Q_{ST} mais baixos que o do presente trabalho. Outros autores (Moura et al, 2013; Novaes, 2014; Castro, 2016) avaliando plântulas de frutíferas do Cerrado em casa de vegetação também observaram valores baixos de Q_{ST} .

O Q_{ST} é um parâmetro de diferenciação adaptativa e deve ser utilizado em traços que confirmam valor adaptativo (Mackay e Latta, 2002). Nesta perspectiva, a maioria dos caracteres utilizados nas avaliações fenotípicas foram caracteres associados ao vigor

vegetativo como altura e diâmetro. É esperado que as características ligadas ao vigor vegetativo estejam associadas a diferentes estratégias adaptativas quando amostradas em escala espacial adequada, em diferentes ambientes, sendo que, o presente estudo buscou amostrar as subpopulações ocorrentes de *Dipteryx alata* em todo Cerrado brasileiro, com distâncias entre elas acima de 120 quilômetros. Segundo Soares et al. (2008), o raio médio de alcance do fluxo gênico histórico do barueiro vai até 150 km.

As estratégias adaptativas de cada organismo estão diretamente ligadas às suas respostas ontogênicas, que determina sua sobrevivência e capacidade competitiva (Harper e Ogden, 1970). Organismos têm certa quantidade limitada de tempo e energia disponíveis. Diferentes estruturas usam energia e nutrientes que são limitados e poderiam ser alternativamente alocados pela planta a outras estruturas. Os padrões na utilização dos recursos são causados pelas limitações do meio físico e biótico e, pelo balanço entre diferentes objetivos que não poderiam ser atingidos ao mesmo tempo (Harper, 1982). Exemplo, se a disponibilidade de luz for um fator limitante, ramos mais altos permitem a obtenção de mais luz. Essas respostas adaptativas vêm sendo evidenciadas em variáveis silviculturais e, aquelas que refletem o desenvolvimento direto da planta, como altura e diâmetro.

As variáveis avaliadas e que evidenciaram que a seleção diferenciadora está agindo sobre as subpopulações, estão ligadas diretamente ao desenvolvimento da planta, taxa de crescimento da altura no quarto ano, taxa de crescimento do diâmetro no segundo ano e diâmetro à altura do peito; ou ligadas à morfologia foliar, como comprimento do folíolo, tamanho total da folha e número de folíolos (Tabela 4.3). Almeida Júnior (2012) também registrou a atuação da seleção diferenciadora para caracteres ligados a morfologia foliar: comprimento do limbo, formato das folhas, comprimento do pecíolo e largura do limbo. São características fenotípicas relacionadas diretamente ao desempenho adaptativo da espécie e, possivelmente, podem retratar a divergência fenotípica entre as subpopulações de barueiro.

O crescimento das plantas pode refletir um mecanismo importante de adaptação à luminosidade. Em geral as variáveis ligadas ao crescimento são utilizadas para inferir o grau de tolerância ou de intolerância das espécies à baixa disponibilidade de luz (Scalon et al., 2002). Entre outros fatores, a luminosidade, fonte primária de energia relacionada à fotossíntese e a fenômenos monogênicos (Holt, 1995), é um dos elementos limitantes para o desenvolvimento das plantas, pois as condições edafoclimáticas do

ambiente refletem-se no crescimento e nas diferentes formas de adaptações (Andrade et al. 2004).

O crescimento das plantas está também diretamente ligado aos caracteres morfológicos das folhas. Esta adaptação às intensidades luminosas é controlada pelas características genéticas da planta em interação com o meio ambiente, fazendo com que as folhas apresentem morfologia e propriedades fisiológicas que as capacitam para o uso efetivo da radiação solar disponível (Morais Neto et al. 2000).

O sucesso de uma planta em um determinado ambiente está fortemente ligado as variações morfológicas dos caracteres foliares, pois, a planta é dependente de sua capacidade de assimilar carbono, regular o balanço hídrico e obter os nutrientes para o seu crescimento e reprodução (desempenho ecofisiológico) (Ninemets 2001; Hoffmann e Franco, 2008). Contudo, variáveis morfológicas de folha, por estarem relacionadas com o desempenho ecofisiológico, sofrendo então forte pressão do ambiente onde se encontram, tornam-se bons descritores da atuação da seleção natural sobre as subpopulações (Violle et al., 2007).

No Cerrado, em meio a tal diversidade de combinações de clima e solo, existe uma variedade de fenologias foliares entre as espécies lenhosas: espécies decíduas, brevidecíduas, semidecíduas e sempre-verdes (Choat et al. 2005). Há uma alta variação nas respostas fotossintéticas e assimilação de carbono entre as espécies lenhosas (Palhares et al., 2009).

Outros fatores que estão ligados à variação na taxa de crescimento e nos caracteres morfológicos das folhas das plantas do Cerrado são o solo e o recurso hídrico. O Cerrado apresenta uma diversidade de solos, que variam de rasos e pedregosos a latossolos argilosos profundos (Rawitscher et al., 1943). Geralmente, os solos do Cerrado são bem drenados, tendo então, a seca, como o principal fator anual de estresse ambiental (Amorim e Batalha, 2006). O solo, devido a sua heterogeneidade espacial, é um dos fatores determinantes na maximização da diversidade de um ambiente em particular, seja pela sua pedodiversidade taxonômica, funcional, genética ou pela heterogeneidade apresentada pelos seus atributos (Duniway et al., 2010). Segundo Neri et al. (2010) o solo do Cerrado possui uma alta variabilidade química, física e hídrica. Há uma complexidade na dependência entre o clima e o solo do Cerrado que está ligada à diversidade das respostas fotossintéticas e das relações hídricas nas espécies vegetais adaptadas a tal ambiente (Palhares et al., 2009).

As variáveis avaliadas e que demonstraram que a seleção estabilizadora está agindo sobre as subpopulações, estão também ligadas diretamente ao desenvolvimento do barueiro. No entanto, são características que estão ligadas ao desenvolvimento inicial das plantas, podendo ser uma adaptação comum das subpopulações e que, em idade adulta, as plantas podem apresentar uma maior divergência para os mesmos caracteres. Novaes (2014), estudando subpopulações de *Eugenia dysenterica*, em casa de vegetação, ao adotar, também, um menor rigor para rejeição de H_0 , observou valores de Q_{ST} menores que os F_{ST} , apresentados por variáveis ligadas diretamente ao desenvolvimento inicial das plantas: diâmetro inicial, massa seca do sistema radicular e massa seca da parte aérea. Almeida Júnior (2012), avaliando também uma coleção formada por 10 subpopulações de *E. dysenterica*, encontrou o mesmo padrão de seleção estabilizadora para altura, circunferência do caule e diâmetro médio da copa.

3.4 CONCLUSÕES

- Dezoito dos vinte sete caracteres avaliados para *Dipteryx alata* não apresentam sinais de seleção adaptativa, mostrando ser a deriva genética a principal causa diferenciadora das subpopulações da espécie.
- Seis dos vinte sete caracteres avaliados sugerem que a ação da seleção natural diferencial, além da deriva genética, explica a divergência fenotípica entre as subpopulações de barueiro.
- Para os caracteres proporção da copa, diâmetro inicial e taxa de crescimento do diâmetro no primeiro ano há evidências de que a seleção estabilizadora está atuando sobre as subpopulações de *D. alata*.

3.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, S. P. **Cerrado**: aproveitamento alimentar. Planaltina: Embrapa-CPAC, 1998. 188 p.

ALMEIDA JÚNIOR, E. B. **Variabilidade genética quantitativa e molecular em uma coleção de germoplasma de *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae)**. 2012. 86f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2012.

- AMORIM, P. K.; BATALHA, M. A. Soil characteristics of a hyperseasonal cerrado compared to a seasonal cerrado and a flood plain grassland: implications for plant community structure. **Brazilian Journal of Biology**, v. 66, n. 2, p. 661-670, 2006.
- ANDRADE, C. M. S.; VALENTIM, J. F.; CARNEIRO, J. C. C.; VAZ, F. A. 2004. Crescimento de gramíneas e leguminosas forrageiras tropicais sob sombreamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 3, p. 263-270, 2004.
- BALLAL, S. R.; FORÉ, S. A.; GUITTMEN, S. I. Apparent gene flow and genetics structure of *Acer saccharum* subpopulations in forest fragments. **Canadian journal of botany**, v. 72, p. 1311-1315, 1994.
- CASTRO, R. S. DE. **Variação Genética Quantitativa e Estrutura Populacional de *Hymenaea stigonocarpa* (Mart. ex Hayne) no Cerrado**. 2016. 83 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. 2016.
- CHAVES, L. J.; VENCOSKY, R.; SILVA, R. S. M.; TELLES, M. P. C.; ZUCCHI, M. I.; COELHO, A. S. G. Estimating inbreeding depression in natural plant populations using quantitative and molecular data. **Conservation Genetics**, v. 12, p. 569-576, 2011.
- CONOVER, D. O.; CLARKE, L. M.; MUNCH, S. B.; WAGNER, G. N. Spatial and temporal scales of adaptive divergence in marine fishes and the implications for conservation. **Journal of Fish Biology**, v. 69, p. 21-47, 2006.
- DINIZ-FILHO, J. A. F.; TELLES, M. P. C. Spatial pattern and genetic diversity estimates are linked in stochastic models of population differentiation. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, p. 541-544, 2000.
- DURLO, M. A.; DENARDI, L. Morfometria de *Cabraela canjerana*, em mata secundária nativa do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 8, n.1, p.55-66, 1998.
- DUNIWAY, M. C.; BESTELMEYER, B. T.; TUGEL, A. Soil process and properties that distinguish ecological sites and states. **Rangelands**, v. 32, p. 9-15, 2010.
- FELFILI, J. M.; HILGBERT, L. F.; FRANCO, A. C.; SOUSA-SILVA, J. C.; RESENDE, A. V.; NOGUEIRA, M. V. Comportamento de plântulas de *Sclerolobium paniculatum* sob diferentes níveis de sombreamento em viveiro. **Revista Brasileira de Botânica**, v.22, p. 297-301, 1999.
- FERREIRA, M. B. Plantas portadoras de substâncias medicamentosas, de uso popular, nos cerrados de Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 6, n. 61, p. 19-23, 1980.
- FUTUYMA, D. J. **Biologia Evolutiva**. 2a ed., Ribeirão Preto: FUNPEC. 2003.
- FRANKHAM, R. Relationship of genetic variation to populations size in wildlife. **Conservation Biology**, n. 10, p. 1500-1580, 1996.

GRONINGER, J. W.; SEILER, J. R.; PETERSON, J. A.; KREH, R. E. Growth and photosynthesis responses of four Virginia Piedmont tree species to shade. **Tree Physiology**, v. 16, n. 9, p. 773-778, 1996.

GUIMARÃES, R. A. **Estrutura Genética Molecular de uma Coleção de Germoplasma *in vivo* e *ex situ* de *Dipteryx alata* Vog.** Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

HARPER, D. G. C. Competitive foraging in mallards: "Ideal free" ducks. **Animal Behaviour**, v. 30, p. 575-584, 1982.

HARPER, J. L.; OGDEN, J. The reproductive strategy of higher plants. The concept of strategy with special reference to *Senecio vulgaris* L. **Journal of Ecology**, Oxford, v. 58, n. 119, p. 681-698, 1970.

HEYWOOD, J. S. Spatial analysis of genetic variation in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 22, p. 335-355, 1991.

HOLT, J. S. Plant response to light: a potential tool for weed management. **Weed Science**, v. 43, p. 474-482, 1995.

HOWE, G. T.; AITKEN, S. N.; NEALE, D. B.; JERMSTAD, K. D.; WHELLER, N. C.; CHEN, T. H. H. From genotype to phenotype: Unraveling the complexities of cold adaptation in forest trees. **Canadian Journal of Botany**, v. 81 p. 1247-1266, 2003.

LEINONEN, T.; O'HARA, R. B.; CANO, J. M.; MERILÄ, J. Comparative studies of quantitative trait and neutral marker divergence: a meta-analysis. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 21, p. 1-17, 2008.

LOVELESS, M. D. Isozyme variation in tropical trees: patterns of genetic organization. **New Forests**, v. 6, p. 67-94, 1992.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil.** Nova Odessa: Plantarum, 1998. v. 2, 352p.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 15, p. 65-95, 1984.

MCKAY, J. K.; LATTA, R. G. Adaptive population divergence: markers, QTL and traits. **Trends Ecology Evolution**, v. 17, p. 285-291, 2002.

MORAES NETO, S. P.; GONÇALVES, J. L. M. Mudanças de algumas espécies arbóreas que ocorrem na Mata Atlântica em função do nível de luminosidade. **Revista Árvore**, v. 24, n. 1, p. 35-46, 2000.

MORAES, P. L. R.; CARVALHO, R. Taxas de cruzamento em uma população natural de *Cryptocarya moschata* Nees (Lauraceae). **Biota Neotropica**, v. 2, n. 2, p. 1-19, 2003.

MOTA, E. E. S. **Caracterização fenotípica e variação genética quantitativa em *dipteryx alata* vog. (barueiro) do cerrado**. 2013. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)– Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

MOURA, N. F.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V. Caracterização física de frutos de pequiheiro (*Caryocar brasiliense* Camb) do cerrado. **Revista Árvore**, v.37, n. 5, p. 905-912, 2013.

NEI, M. Analysis of genetic diversity in subdivided populations. **Proceedings of National Academy of Sciences**, v. 70, p. 3321-3323, 1973.

NEI, M.; MARUYAMA, T.; CHAKRABORTY, R. The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution**, v. 29, p. 1-10, 1975.

NEI, M. **Molecular Evolutionary Genetics**. New York, NY: Columbia University Press. 512p. 1987.

NIINEMETS, Ü. Global-scale climatic controls of leaf dry mass per area density, and thickness in trees and shrubs. **Ecology**, v. 82, p. 453-469, 2001.

NOVAES, C. R. D. B. **Variabilidade e divergência genética de caracteres quantitativos e marcadores neutros em populações de *Eugenia dysenterica* DC**. 2014. 223 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

O' HARA, R. B.; MERILÄ, J. Bias and precision in QST estimates: Problems and some solutions. **Genetics**, v.171, p. 1331-1339, 2005.

OLIVEIRA, M. I. B.; SIGRIST, M. R. Fenologia reprodutiva, polinização e reprodução de *Dipteryx alata* Vogel. (Leguminosae-Papilionoideae) em Mato Grosso do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 31, n. 2, p. 195-207, 2008.

PALHARES, D.; FRANCO, A. C.; ZAIDAN, L. B. P. Photosynthetic responses of Cerrado plants during the rainy and dry seasons. **Brazilian Journal of Biociences**, v. 8, n. 2 p. 213-220, 2010

RAWITSCHER, F., FERRI, M. G.; RACHID, M. Profundidade dos solos e vegetação em campos cerrados do Brasil meridional. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 15, n. 4, p. 267-294, 1943.

SÁNCHEZ, C. F. B. **Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética**. Universidade Federal de Viçosa, MG. 2008.

SANO, S. M.; BRITO, M. A.; RIBEIRO, J. F. Barú. In: VIEIRA, R. F.; AGOSTINI-COSTA, T. S.; SILVA, D. B.; FERREIRA, F. R.; SANO, S. M.; (Eds.) **Frutas nativas da região Centro-Oeste do Brasil**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 322p.

- SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F.; BRITO, M. A. de. **Baru: biologia e uso**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2004. 52 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 116).
- SOBIERAJSKI, G. D. R. **Estrutura Genética em populações de bracatinga (*Mimosa scrabella* Benth.) por marcadores isoenzimáticos e caracteres quantitativos**. 2004. 128 f. (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, USP, Piracicaba(SP), 2004.
- SAVOLAINEN, O.; PYHÄJÄRVI, T.; KNÜRR, T. Gene Flow and Local Adaptation in Trees. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 38, p. 595-610, 2007.
- SCALON, S. P. Q.; MUSSURY, R. M.; RIGONI, M. R.; VERALDO, F. Crescimento inicial de mudas de espécies florestais nativas sob diferentes níveis de sombreamento. **Revista Árvore**, v. 26, n. 1, p. 1-5, 2002.
- SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y.; ZANATTO, A. C. S. Estrutura genética de populações de jequitibá-rosa (*Cariniana legalis* (Mart) O. Ktze) por caracteres quantitativos e isoenzimáticos. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 13, n. 2, p. 121- 134, 2001.
- SEOANE, C. E. S.; SEBBENN, A. M.; KAGEYAMA, P. Y. Efeitos da fragmentação florestal em populações de *Esenbeckia leiocarpa* Engl. **Scientia Forestalis**, v. 57, p. 123-139, 2000.
- SOUZA, L. M. F. I. **Estrutura genética de populações naturais de *Chorisia speciosa* St. Hill (Bombacaceae) em fragmentos florestais na região de Bauru (SP) - Brasil**. Piracicaba, 1997. 76 f. Tese (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Universidade de São Paulo, 1997.
- SOUZA JR, C. L. **Melhoramento de espécies de propagação vegetativa**. Piracicaba: Departamento de Genética, ESALQ, USP, 1995. 41p.
- TAKEMOTO, E.; OKADA, I. A.; GARBELOTTI, M. L.; TAVARES, M.; AUED PIMENTEL, S. Composição química da semente e do óleo de baru (*Dipterixalata* Vog.) nativo do Município de Pirenópolis, Estado de Goiás. **Revista do Instituto Adolfo Lutz**, São Paulo, v. 60, n. 2, p. 113-117, 2001.
- TEPLITSKY, C.; ROBINSON, M. R.; & MERILÄ, J. Evolutionary potential and constraints in wild populations. In: CHARMANTIER, A.; GARANT, D.; KRUK, L. E. B. (Ed.) **Quantitative Genetics in the Wild**. Oxford: Oxford University Press, 2014, cap. 12, p. 190-208.
- VIOLLE, C.; NAVAS, M. L.; VILE, D.; KAZAKOU, E.; FORTUNEL, C.; HUMMEL, E.; GARNIER, E. Let the concept of trait be functional!. **Oikos**, v. 116, p. 882-892, 2007.
- WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, v. 38, n. 6, p. 1358-1370, 1984.

WHITLOCK, M. C.; GUILLAUME, F. Testing for spatially divergent selection: comparing QST to FST. **Genetics**, v. 183, n. 3, p. 1055, 2009.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Annals of Eugenics**, v. 15, n. 1, p. 323-354, 1951.

4 VARIAÇÃO FENOTÍPICA E ANÁLISE ESPACIAL EM SUBPOPULAÇÕES NATURAIS DE *Dipteryx alata* Vog.

RESUMO

A grande variabilidade genética existente entre e dentro de subpopulações já constatada nos trabalhos com espécies nativas constitui uma importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento. O presente estudo teve por objetivo inferir sobre a influência de fatores climáticos, edáficos e geográficos sobre a divergência fenotípica entre subpopulações de *Dipteryx alata*. A coleta do material para o presente estudo foi realizada amostrando grande parte da região de ocorrência da espécie no Cerrado. Foram coletadas amostras de folha e inflorescência de plantas de barueiro de 25 subpopulações, em seis estados, amostrando seis plantas por subpopulação. Também foi obtida uma amostra composta de solo com subamostras coletadas na projeção das copas das plantas. Os dados de caracterização física das folhas, inflorescências e teores de nutrientes das folhas foram submetidos à análise descritiva, análise de variância e correlação entre caracteres. Houve variação significativa para todas as variáveis avaliadas, nos dois níveis hierárquicos avaliados; entre matrizes dentro de subpopulações e entre subpopulações. A maior proporção da variabilidade foi observada entre amostras dentro de matrizes seguida por matrizes dentro de subpopulações. A matriz de distâncias geográfica apresentou correlação, de baixa magnitude, apenas com a matriz de distâncias dos dados fenotípicos de folhas e com a matriz de dados dos teores nutricionais de folhas. Os resultados dos testes de Mantel simples sugeriram que os fatores ambientais (clima e solo), assim como a distribuição geográfica das subpopulações têm associação, mesmo de pequena magnitude, com a divergência fenotípica entre as subpopulações.

Palavras-chave: biometria, P_{ST} , análise geográfica, barueiro.

PHENOTYPICAL VARIATION AND SPACE ANALYSIS IN NATURAL SUBPOPULATIONS OF *Dipteryx alata* Vog.

ABSTRACT

The great genetic variability existing among and within provenances, already found in the studies with native species, constitutes an important source of promising genotypes for breeding. The present study aimed to characterize and estimate the phenotypic parameters of leaf, inflorescence and leaf nutrient contents from subpopulations of *Dipteryx alata*, and to infer about the influence of climatic, edaphic and geographic factors on phenotypic divergence among subpopulations. The collection of the material for the present study was carried out within the region of occurrence of the species in the Brazilian Cerrado. Samples of leaves and inflorescence of individual plants and a composite soil sample of 25 subpopulations were collected, sampling six plants per subpopulation. The physical characterization data of the leaves, inflorescences and nutrient contents of the leaves were submitted to descriptive analysis, analysis of variance and correlation between characters. There was significant variation for all evaluated variables, in all the hierarchical levels evaluated; among plants within subpopulations and among subpopulations. The highest proportion of variability was observed among samples within plants followed by plants within subpopulations. The matrix of geographic distances showed a low simple correlation with the matrices of leaf phenotype data and leaf nutrient content. Results from simple Mantel tests suggest that environmental factors (climate and soil), as well as the geographical distribution of subpopulations contribute, if only slightly, to the phenotypic divergence among subpopulations.

Key words: Biometrics, P_{ST} , geographic analysis, barueiro.

4.1 INTRODUÇÃO

A variabilidade genética de uma espécie pode ser estudada por meio de suas características fenotípicas e moleculares. A variação entre os possíveis fenótipos de uma população é devida às diferenças médias entre os genótipos e variação ambiental. As variações de ambiente podem ofuscar as de natureza genética e quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma efetiva. Por isso, a variabilidade fenotípica de uma população pode originar-se da diferença genética entre plantas, das diferenças de ambientes nos quais as plantas estão crescendo e das diferenças devidas as interações entre plantas e ambientes (Paiva e Valois, 2001).

É de suma importância conhecer a variação genética entre e dentro de subpopulações de uma espécie, pois os efeitos das alterações nas frequências alélicas são refletidos diretamente sobre os indivíduos que formam assubpopulações (Sobierajski, 2004). Este conhecimento visa tornar claras as relações genéticas, quantificar o nível de variabilidade total existente e sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas. E também vem proporcionando importantes contribuições ao melhoramento genético, ao gerenciamento de bancos de germoplasma, à conservação de recursos genéticos e ao entendimento dos processos evolutivos das espécies (Perssoni, 2007). Os caracteres quantitativos podem ser usados como bons indicadores para a determinação da variação entre e dentro de procedências.

A divergência genética quantitativa informa o grau de distanciamento entre genótipos ou subpopulações para o conjunto de caracteres de interesse e tem sido avaliada por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose (o que exige a realização de hibridações artificiais), ou por processos preditivos. Os métodos preditivos de estudo da variabilidade genética baseiam-se em diferenças agronômicas, morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de variação genética entre os genótipos (Cruz et al., 2011).

A grande variabilidade genética existente entre e dentro das procedências já constatada nos trabalhos com espécies nativas constitui uma importante fonte de genótipos promissores para o melhoramento. Esta variação exerce diferentes funções, sendo uma proteção contra as mudanças ambientais e climáticas, servindo também de base para a

seleção e o cruzamento em programas de melhoramento (Loveless e Hamrick, 1984; Silva, 2003).

Diferentes metodologias vêm sendo utilizadas para o estudo da divergência genética, e buscado associar essa variação com a distribuição geográfica das espécies de modo implícito (Diniz-Filho et al., 2008). Os métodos utilizados tem sido análises de agrupamento e técnicas de ordenação (Cruz et al., 2011). Devido à ocorrência dos processos microevolutivos em escala espacial e temporal, estudos na área de genética geográfica tem levado ao entendimento de como o espaço geográfico influencia na distribuição da variabilidade genética e quais padrões espaciais estão associados com a dinâmica evolutiva das espécies (Epperson, 2003). A inclusão do espaço no contexto genético é de grande valia, pois é uma característica que oferece sinais sobre os efeitos de processos microevolutivos que podem experimentar padrões diferenciados de acordo com a escala espacial (Epperson, 2003).

A espécie *Dipteryx alata* Vogel (Fabaceae), mais conhecida como baru ou barueiro (Sano et al., 2004), é uma planta que possui uma ampla distribuição no Cerrado brasileiro (Mota, 2013). É a única do seu gênero que ocorre no Cerrado, enquanto as outras ocorrem principalmente em matas da Floresta Amazônica (Ribeiro et al., 2000). Apresenta grande importância ecológica para o bioma, sendo classificado como espécie chave do Cerrado por ser uma das poucas árvores que amadurece o fruto na estação seca e alimenta várias espécies da fauna (mamíferos, aves, insetos), em uma época de escassez de alimentos na região (Sano et al., 2004). Além disto, *D. alata* faz parte do grupo de espécies nativas usadas pela população regional como fonte complementar de renda familiar, em função das suas grandes potencialidade de utilização (Almeida et al., 1998).

O barueiro ocorre nas formações florestais cerradão e mata, no cerrado sentido restrito e nas áreas de transição deste com mata estacional ou mata de galeria. O barueiro floresce na estação chuvosa e o pico de frutificação ocorre na estação seca. A espécie apresenta variação na intensidade e período de floração e frutificação entre os anos (Oliveira e Sigrist, 2008). A dispersão do fruto é barocórica e zoocórica realizada, principalmente, por morcegos e mamíferos terrestres. Nas pastagens, o barueiro é benéfico em razão de seu uso como abrigo e alimento para o gado, que o ingerem inteiro e eliminam o endocarpo com a semente, do valor energético e nutricional dos frutos e da manutenção da qualidade da forragem (Sano et al., 2004).

O presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros fenotípicos de variáveis físicas de folha e inflorescência e teores de nutrientes de folhas, oriundas de subpopulações naturais de *Dipteryx alata*, inferir sobre a influência de fatores climáticos, edáficos e geográficos sobre a divergência fenotípica entre as subpopulações.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

A coleta do material para o presente estudo foi realizada em 25 subpopulações nos Estados de Goiás, Tocantins, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e São Paulo (Tabela 1), nos meses de outubro/2014 a fevereiro/2015. As subpopulações são coincidentes com as avaliadas com marcadores microssatélites por Melo (2011) e variáveis quantitativas por Mota (2013). As matrizes contempladas na amostragem, em número de seis por subpopulação, foram as mesmas, quando possível, amostradas para coleta de sementes em 2011 (Mota, 2013). Das 150 matrizes coletadas, 34 não foram localizadas, por incerteza na identificação ou morte da planta, natural ou provocada. Nestes casos outras plantas da mesma subpopulação foram amostradas em substituição. A identificação das matrizes foi feita por meio das coordenadas geográficas tomadas por ocasião da coleta de sementes (Mota, 2013). Os ambientes de coleta das subpopulações foram, em sua maioria, pastagens (Tabela 4.1).

Foram coletadas quatro amostras de folhas não danificadas das seis matrizes, uma por quadrante da planta, de cada uma das 25 subpopulações estudadas. O mesmo procedimento realizou-se para a coleta de inflorescência, sendo que, apenas 20 subpopulações foram amostradas por possuírem inflorescência com botões florais, por ocasião da coleta. As folhas e inflorescência foram caracterizadas fisicamente imediatamente após a coleta. Tomaram-se dados individuais das seguintes variáveis de folhas: comprimento do folíolo (CFOL); largura do folíolo (LFOL) (média de dois folíolos por folha); comprimento da folha (TFOL), com uso de régua milimetrada; número de folíolos (NFOL) por folha, obtido por contagem. As variáveis de inflorescências avaliadas foram: comprimento da inflorescência (CINF), também com uso de régua milimetrada; número de ramificações da inflorescência (NEINF) e número de botões florais do eixo secundário (NBFES), por meio da contagem direta sobre a inflorescência.

Tabela 4.1 Localidades, coordenadas geográficas e ambientes das 25 subpopulações de *Dipteryx alata* Vog. amostradas no Cerrado.

Subpopulação	Município – Estado	Latitude (S)	Longitude (O)	Altitude (m)	Ambiente
1	Cocalinho – MT	14° 09,495'	51° 15,004'	246	Pastagem
2	Água Boa – MT	13° 50,058'	52° 02,325'	292	Pastagem
3	Pirenópolis – GO	16° 00,220'	49° 01,506'	769	Pastagem
4	Sonora – MS	17° 50,337'	54° 42,776'	325	Cerradão
5	Alcinópolis – MS	18° 15,590'	53° 56,202'	407	Faixa de estrada
6	Alvorada – TO	12° 26,471'	49° 07,329'	302	Pastagem
7	São Miguel do Araguaia – GO	13° 13,772'	50° 06,632'	362	Pastagem
8	Luziânia – GO	16° 44,108'	48° 07,032'	859	Pastagem
9	Icém – SP	20° 24,027'	49° 14,588'	477	Faixa de estrada
10	Monte Alegre de Minas – MG	18° 58,789'	49° 01,394'	725	Pastagem e faixa de estrada
11	Estrela do Norte – GO	13° 49,789'	49° 08,394'	398	Pastagem
12	Santa Terezinha – GO	14° 31,526'	49° 37,244'	584	Pastagem
13	Arinos – MG	15° 55,371'	46° 07,986'	524	Pastagem e faixa de estrada
14	Pintópolis – MG	16° 04,354'	45° 11,215'	517	Pastagem e faixa de estrada
15	Paraíso das Águas – MS	18° 58,292'	52° 52,922'	672	Pastagem e cerradão
16	Terenos – MS	20° 25,696'	55° 03,477'	257	Faixa de estrada e cerradão
17	Camapuã – MS	19° 31,509'	53° 56,607'	554	Pastagem e faixa de estrada
18	Indiara – GO	17° 14,260'	49° 57,722'	597	Pastagem
19	Barra do Garças – MT	16° 06,380'	52° 28,932'	316	Faixa de estrada
20	Nossa Senhora do Livramento – MT	16° 14,704'	57° 32,844'	309	Pastagem e faixa de estrada
21	Jandaia – GO	16° 54,719'	50° 12,121'	613	Pastagem
22	Natividade – TO	11° 40,538'	47° 43,121'	327	Pastagem e faixa de estrada
23	Arraias – TO	12° 56,646'	46° 55,846'	721	Pastagem
24	Aquidauana – MS	20° 39,167'	55° 59,910'	222	Faixa de estrada
25	Cárceres – MT	15° 40,722'	56° 18,895'	252	Pastagem

Foi coletada também uma amostra composta de quatro folhas não danificadas, nas quatro faces de cada uma das seis matrizes, das 25 subpopulações estudadas, para análise química foliar. Uma vez colhidas, as folhas foram acondicionadas em embalagens de papel, etiquetadas e identificadas com os dados de procedência e progênie e, transportadas para o Laboratório de Análises de Solos e Foliar (LASF/EA/UFG), da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia. Realizou-se também a coleta de uma amostra

composta de solo em cada local, uma subamostra por planta, seguindo o mesmo procedimento de identificação e enviadas para análise no mesmo laboratório. As subamostras foram retiradas da camada superficial do solo, até a profundidade de 20 cm, tendo antes o cuidado de limpar a superfície dos locais escolhidos, removendo as folhas e outros detritos (Embrapa solos, 2013). As amostras foram submetidas a análises químicas de acordo com a metodologia de rotina do LASF, EA, UFG. O laboratório segue a descrição de Silva (1999), para matéria orgânica, pH em CaCl₂, macro e micronutrientes. Para determinação do teor de P no solo, segue o extrator Mehlich I.

Os caracteres químicos de folha avaliados foram os teores de nitrogênio (N), fósforo (P), potássio (K), cálcio (Ca), magnésio (Mg), cobre (Cu), ferro (Fe), manganês (Mn) e zinco (Zn). Os dados referentes aos macronutrientes (N, P, K e Mg) foram tomados em decagrama por quilo (dag/kg⁻¹), e os micronutrientes (Cu, Fe, Mn e Zn) em miligrama por quilo (mg/kg⁻¹).

Os dados de plantas foram submetidos à estatística descritiva e, posteriormente, à análise de variância com base em modelo hierárquico que considera o efeito de subpopulações, plantas dentro de subpopulações e subamostras dentro de matrizes. Para os dados referentes aos teores de nutrientes da folha considerou-se apenas o efeito de subpopulações e plantas dentro de subpopulações, por se dispor de apenas um dado por planta. As análises foram realizadas com base em procedimento genético-estatístico no aplicativo computacional R (Development Core Team, 2015). O modelo utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + s_i + p_{j(i)} + f_{k(ij)}$$

Em que:

Y_{ijk} : valor fenotípico da folha (ou inflorescência) k da planta j da subpopulação i ;

μ : média geral das observações;

s_i : efeito aleatório da subpopulação i , $i = 1, 2, \dots, P$;

$p_{j(i)}$: efeito aleatório da planta j dentro da subpopulação i , $j = 1, 2, \dots, m_i$;

$f_{k(ij)}$: efeito aleatório da folha (ou inflorescência) k dentro da planta j da subpopulação i , $k = 1, 2, \dots, f_j$.

Conforme o modelo estatístico adotado, elaborou-se o esquema de análise de variância e as esperanças dos quadrados médios (Tabela 4.2):

Tabela 4.2 Esquema da análise de variância e esperanças dos quadrados médios conforme o modelo estatístico hierárquico como efeitos de subpopulações, plantas dentro de subpopulações e folha (ou inflorescência) dentro de plantas, para caracteres físicos de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)
Subpopulações	P – 1	Q ₁	$\sigma^2 + K1\sigma_{Pla(Sub)}^2 + K2\sigma_{Sub}^2$
Plantas (Subpopulações)	M – P	Q ₂	$\sigma^2 + K1\sigma_{Pla(Sub)}^2$
Resíduo	F – M	Q ₃	σ^2
Total	F – 1		

P: número de subpopulações (P = 25); M: número total de plantas (M = 150) e F: número total de amostras.

Foram estimados os componentes de variância associados aos efeitos do modelo e as proporções da variação fenotípica total que se deve a: diferença entre subpopulações (P_{Sub}), diferença entre plantas dentro subpopulações ($P_{Pla(Sub)}$) e diferença entre folhas (ou inflorescência dentro de plantas dentro de subpopulações ($P_{Fol(Pla)}$)). Utilizando os componentes de variância também foi estimado o parâmetro P_{ST} , que mede a divergência fenotípica quantitativa entre subpopulações, utilizando a seguinte fórmula:

$$P_{ST} = \frac{\hat{\sigma}_{Sub}^2}{\hat{\sigma}_{Sub}^2 + 2\hat{\sigma}_{Mat(Sub)}^2}$$

Os caracteres morfológicos de folhas e inflorescência, assim como os teores de nutrientes das folhas foram correlacionados fenotípicamente entre si por meio de estimativas dos coeficientes de correlação linear simples e estas foram testadas utilizando-se o teste t (Stell e Torrie, 1980). Essas análises de correlação foram realizadas no *software* R, usando-se o pacote “ds” e o procedimento “dscor”, por meio da expressão:

$$r_F = \frac{COV_{fen}(xy)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{fen(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{fen(y)}^2)}}, \text{ para o par de variáveis } x \text{ e } y.$$

A fim de visualizar os padrões de semelhança entre as 25 subpopulações, foram elaboradas quatro matrizes de distância euclidiana com os dados fenotípicos oriundos das medidas de folha, inflorescência, fruto e teores de nutrientes da folha para correlação com as matrizes de distância euclidiana de dados ambientais e geográficos das subpopulações pesquisadas.

As variáveis de folha, inflorescência e teores de nutrientes das folhas utilizadas foram às mesmas já descritas anteriormente. Os caracteres do fruto foram os mesmos utilizados por Mota (2013), sendo eles: massa do fruto, comprimento do fruto, largura do

fruto - medida na porção mediana do fruto, espessura do fruto, massa da semente, comprimento da semente, largura da semente e espessura da semente. Os caracteres de massa foram obtidos com auxílio de uma balança digital semi-analítica e os resultados expressos em gramas (g). As medidas de dimensões foram obtidas com paquímetro digital e anotadas em milímetros (mm). Os dados utilizados para este estudo foram valores médios por subpopulação, para cada variável.

Os dados ambientais utilizados dividiram-se em edáficos e climáticos. Os componentes do solo mensurados foram: P, K, Ca, Mg, Al, pH, M.O., saturação de silte (%), argila (%) e areia (%). A matriz climática foi feita com 21 variáveis coletadas nos pontos médios oriundos das seis coordenadas das árvores matrizes de cada subpopulação. Na página eletrônica do Instituto de Pesquisas Espaciais - INPE (www.dpi.inpe.br/Ambdata) foram coletadas as variáveis ambientais de altitude, temperatura média anual, variação diurna média de temperatura, isothermalidade, sazonalidade da temperatura, temperatura máxima do mês mais quente, temperatura mínima do mês mais quente, amplitude térmica anual, temperatura média do trimestre mais úmido, temperatura média do trimestre mais seco, temperatura média do trimestre mais quente, temperatura média do trimestre mais frio, precipitação anual, precipitação do mês mais chuvoso, precipitação do mês mais seco, sazonalidade da precipitação, precipitação no trimestre mais chuvoso, precipitação no trimestre mais seco, precipitação no trimestre mais quente e precipitação no trimestre mais frio.

Foram realizados testes de mantel (Mantel, 1967) para avaliar a relação entre as matrizes fenotípicas (folha, inflorescência, fruto e teores de nutrientes), climática, solo e distância geográfica e também o correlograma de Mantel a fim de se analisar possíveis variações na correlação fenótipo/distâncias geográfica. Tais análises foram feitas com os pacotes Vegan (Oksanen et al., 2012) e Ecodist (Goslee e Urban, 2007) desenvolvidos para o software R (R Core Development Team, 2015).

A partir das médias dos dados fenotípicos das 25 subpopulações coletadas foi feito a padronização e análise de dissimilaridade utilizando a distância euclidiana média. Por meio da matriz de dissimilaridade foi feita a análise de agrupamento dos dados pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*). A representatividade deste dendrograma foi avaliada por correlação entre as distâncias originais e as distâncias entre as subpopulações no dendrograma (correlação cofenética) (Cruz e Regazzi, 1997).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1. Caracterização

Os caracteres morfológicos de folhas das progênies de barueiro oriundas de subpopulações naturais do Cerrado apresentaram coeficientes de variação (CV's) médios e semelhantes entre si, variando de 11,46% para o número de folíolo a 18,03% para o comprimento do folíolo (Tabela 4.3).

As variáveis, comprimento e largura do folíolo apresentaram médias, respectivamente, de 9,650 cm e 4,728 cm, e demonstraram uma heterogeneidade entre as médias das subpopulações e pelas suas amplitudes de variação, mínima e máxima (Tabela 4.3). Em avaliação em casa de vegetação de progênies oriundas das mesmas subpopulações, realizada quatro meses após a semeadura, Mota (2013) encontrou médias duas vezes menores, de 4,178 cm e 2,196 cm para as variáveis, CFOL e LFOL, respectivamente. No entanto, o autor retratou o mesmo CV(%) para a LFOL e um CV(%) um pouco menor para o CFOL (13,79). Os valores médios (12,19 cm - CFOL e 5,062 cm - LFOL) para as mesmas variáveis de plantas oriundas das 25 subpopulações (ver capítulo 1), avaliadas após quatro anos de seu plantio em uma coleção, foram um pouco maiores que as médias das subpopulações naturais.

O tamanho total da folha retratou uma heterogeneidade entre e dentro de subpopulações. Houve subpopulações com TTFO variando entre 20,500 cm (2 – Água Boa, MT) a 29,263 cm (8 – Luziânia, GO). O valor médio foi de 24,689 cm, três vezes maior do que o relatado por Mota (2013), 8,916 cm, para plântulas oriundas das subpopulações do presente trabalho. Assim como esperado, o valor médio para o TTFO (de 31,850 cm) apresentado por plantas de barueiro em desenvolvimento (ver capítulo 1) foi superior ao do presente estudo. Os CV's (%) apresentados pelas plântulas, plantas em desenvolvimento e plantas adultas foram médios e semelhantes, variando entre 15,32% para as plantas em desenvolvimento (ver capítulo 1) a 18,03% para as plantas adultas (Tabela 4.3).

Tabela 4.3 Média por subpopulação, valores mínimos e máximos (nível de planta) e coeficientes de variação fenotípica (CV) de caracteres morfológicos de folhas de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Subpopulações	Caracteres			
	CFOL	LFOL	TTFO	NFOL
1	8,6208	4,2396	22,929	9,8750
2	9,1521	4,7479	20,500	9,9583
3	10,721	5,0396	27,700	9,9583
4	9,9604	4,5688	23,721	11,000
5	9,3875	4,9021	24,488	10,417
6	9,8958	4,8750	25,313	10,708
7	9,1896	4,9250	22,054	9,7500
8	10,369	5,0729	29,263	11,208
9	8,5500	3,9729	24,621	11,250
10	9,9063	4,4938	26,250	10,542
11	9,2750	4,8021	22,704	10,125
12	9,2083	4,6646	23,521	11,375
13	8,4146	4,4292	22,158	10,792
14	8,9854	4,4292	22,667	9,9167
15	9,2917	4,7729	25,492	11,042
16	10,104	4,8292	27,117	11,333
17	10,367	5,1917	27,004	10,958
18	10,429	4,9333	27,246	10,333
19	10,027	4,8854	25,792	10,417
20	9,9646	4,8604	23,225	9,9583
21	10,381	5,9021	26,717	10,083
22	8,5729	4,2542	21,358	10,292
23	10,144	4,5479	23,392	9,1250
24	9,3854	4,5313	25,588	11,500
25	10,963	5,4708	26,404	11,125
Média	9,6506	4,7287	24,689	10,522
Mínimo	5,1500	2,5000	14,200	6,0000
Máximo	16,600	7,5500	48,000	14,000
CV %	18,033	17,366	18,029	11,465

CFOL: comprimento do folíolo (cm); LFOL: largura do folíolo (cm); TTFO: tamanho total da folha (cm) e NFOL: número de folíolo.

O número de folíolos médio foi de 10,522, e as subpopulações apresentaram uma variação entre 9,125 a 11,50 folíolo por folha. Houve registro de plantas com folhas variando de 6 a 14 folíolos (Tabela 4.3). O número médio de folíolo para plântulas (7,792) oriundas das 25 subpopulações do presente estudo, foi inferior ao relatado para plantas em

desenvolvimento avaliadas em campo (ver capítulo 1) e para as plantas adultas de subpopulações naturais. No entanto, o NFOL das plantas em desenvolvimento (11,14) esta dentro do apresentado pelas plantas adultas deste trabalho. O NFOL foi a variável morfológica entre as estudadas com o menor CV (%) apresentado pelos três trabalhos já citados.

As avaliações morfométricas das variáveis de folhas das plantas adultas quando comparadas com plântulas (Mota, 2013) e plantas em desenvolvimento (ver capítulo 1) de barueiro sugerem que, as plântulas possuem folhas menores, as plantas em desenvolvimento já possuem folhas maiores, possivelmente por estarem em fase de crescimento (ou devido ao fator ambiental), e exigirem uma maior taxa de fotossíntese, armazenamento e alocação de nutrientes, exibindo então uma maior área foliar, e, as plantas adultas possuem folhas um pouco menores que as plantas em desenvolvimento, sugerindo uma menor estocagem de carbono, entre outros nutrientes.

Segundo Pooter e Garnier (2007), o crescimento não depende apenas da assimilação de nutrientes do solo e das taxas de fotossíntese, mas também de outros fatores que controlam o ganho de carbono nas plantas. O equilíbrio entre o ganho e perda de carbono por unidade de área foliar é dependente da taxa de respiração e também da proporção relativa dos órgãos que assimilam ou não, e que determinam o conteúdo a ser produzido como biomassa agindo sobre o crescimento.

Os caracteres morfológicos avaliados para inflorescência do barueiro demonstraram uma alta variação entre as subpopulações e plantas dentro de subpopulações, apresentada pelos seus CV's, amplitudes de variação e médias das subpopulações. Almeida (2015), trabalhando com a mangabeira, outra frutífera do Cerrado, também encontrou uma alta variação para os caracteres relacionados à flor.

A média geral para o caráter comprimento da inflorescência (CINF) foi de 17,936 (Tabela 4.4). As subpopulações com maiores médias para o CINF foram: 6 (Alvorada, TO), 7 (São Miguel do Araguaia, GO), 18 (Indiara, GO), 8 (Luziânia, GO) e 1 (Cocalinho, MT).

O número de eixos da inflorescência (NEINF) médio do barueiro foi de, aproximadamente, 10,00. Esta variável apresentou o menor CV(%). Contudo, houve plantas exibindo de 2 a 20 NEINF (Tabela 4.4). As subpopulações com maiores NEINF também apresentaram valores médios maiores para o CINF, sendo elas: 6 (Alvorada, TO), 7 (São Miguel do Araguaia, GO), 8 (Luziânia, GO) e 1 (Cocalinho, MT).

Tabela 4.4 Média por subpopulação, valores mínimos e máximos (médios por planta) e coeficientes de variação fenotípica (CV) de caracteres morfológicos da inflorescência de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 21 subpopulações do Cerrado.

Subpopulações	Caracteres		
	CINF (cm)	NEINF	NBFES
1	20,654	10,583	280,46
3	20,254	9,2083	153,67
5	14,208	9,0417	197,33
6	22,596	12,375	339,00
7	22,146	10,708	254,67
8	20,708	10,667	167,46
9	16,533	9,4583	191,00
10	16,975	10,208	282,79
11	16,413	9,9167	240,96
12	19,042	10,458	173,63
13	15,196	8,8750	213,00
14	13,638	8,8750	263,00
15	16,708	9,0000	205,25
16	15,417	8,5833	221,79
17	18,625	9,0417	189,42
18	21,375	9,1250	249,17
21	18,979	9,0417	264,33
22	17,725	10,042	159,46
23	16,633	9,2500	197,33
24	14,896	8,2917	201,83
Média	17,936	9,5958	222,28
Mínimo	6,0000	2,0000	49,000
Máximo	34,200	20,000	908,00
CV %	29,980	20,053	47,535

CINF: Comprimento da inflorescência; NEINF: Número de eixos da inflorescência e NBFES: Número de botões florais do eixo secundário.

O número de botões florais do eixo secundário (NBFES) variou de 49,00 a 908,0, e apresentou o maior CV(%) para as variáveis de inflorescência avaliadas (Tabela 4.4). Esta alta variação, também apresentada pelas médias das subpopulações, sugere que exista uma grande variação para o número de flores por inflorescência e conseqüentemente para o número de frutos por cacho. As subpopulações 6 (Alvorada, TO), 10 (Monte Alegre de Minas, MG), 1 (Cocalinho, MT) e 21 (Jandaia, GO) demonstraram maiores NBFES médios, com destaque para a subpopulação 6, por apresentar também as maiores médias para o CINF e NEINF.

Os valores encontrados para micro e macronutrientes nas folhas de *D. alata* podem ser visualizados na Tabela 4.5.

Observa-se grande variação em todos os teores de nutrientes foliares analisados, entre e dentro de subpopulações, com exceção do nitrogênio. Os CV's variaram de 11,163% (N) a 71,864% (Fe, Tabela 4.5).

O valor médio encontrado para o teor de nitrogênio foi de 2,147 dag/kg⁻¹. Este valor foi superior ao relatado para outras frutíferas do Cerrado (Naves, 1999; Rosa, 2004), e similar ao encontrado por Boni et al. (2016), que também avaliaram o teor de N para plantas adultas em campo e obtiveram um resultado de 24,4 g/kg⁻¹. Segundo Villar e Merino (2001), a alta concentração de N foliar em espécies decíduas (grupo fenológico do barueiro) está ligada ao fato que uma grande fração de energia alocada para construção das folhas é utilizada na síntese de proteínas. As subpopulações com maiores teores de N foram: 6 (Alvorada, TO), 16 (Terenos, MS), 2 (Água Boa, MT) e 7 (São Miguel do Araguaia, GO).

Para o teor de fósforo (P), os valores encontrados neste trabalho variaram de 0,154 dag/kg⁻¹ a 0,613 dag/kg⁻¹. O valor médio (0,262 dag/kg⁻¹) foi superior ao descrito para diversas espécies nativas do Cerrado, em sua maioria frutíferas (Naves, 1999; Haridasan, 2005; Souza, 2006; Duboc e Guerrini, 2008). O teor de P médio superou, também, os valores obtidos por Boni et al. (2016), para mudas (1,800 g kg⁻¹) e plantas adultas (1,100 g kg⁻¹) da espécie em estudo avaliadas em campo. No entanto, esses mesmos autores, observaram que a maior disponibilidade de P, com adição de resíduo orgânico e doses de P variando de 100 a 300 mg P₂O₅, nem sempre refletiu em maiores teores foliares de P na parte aérea do barueiro, indicando baixa demanda pela planta. As subpopulações 22 (Natividade, TO), 20 (Nossa Senhora do Livramento, MT) e 16 (Terenos, MS) apresentaram teores mais altos de P.

O teor de potássio teve média de 0,636 dag/kg⁻¹ e sua amplitude de variação e médias das subpopulações demonstraram uma alta variação fenotípica (Tabela 4.5). Os valores aqui observados estão relativamente dentro das faixas de variação relatadas em trabalhos com espécies do Cerrado (Naves, 1999; Duboc e Guerrini, 2008). No entanto, Boni et al. (2016), em trabalho com *D. alata*, verificaram valores maiores, da ordem de 8,100 g kg⁻¹ a 10,80 g kg⁻¹ para plantas adultas e mudas coletadas em campo, respectivamente. As subpopulações com maiores teores de K foram: 21 (Jandaia, GO), 24 (Aquidauana, MS), 13 (Arinos, MG) e 23 (Arraias, TO).

Tabela 4.5 Média por subpopulação, valores mínimos e máximos (médios por planta) e coeficientes de variação fenotípica (CV) de caracteres químicos de follhas de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Subpopulações	Caracteres								
	N	P	K	Ca	Mg	Cu	Fe	Mn	Zn
1	1,9467	0,2192	0,6100	0,5967	0,1400	4,6667	74,833	246,33	9,7667
2	2,3083	0,2343	0,5700	0,9950	0,1983	5,3333	110,33	288,67	16,817
3	2,1317	0,2512	0,6433	0,8200	0,1267	9,1667	88,833	165,33	13,067
4	2,0633	0,2392	0,5233	0,4600	0,1350	4,8333	76,500	200,17	18,917
5	2,2300	0,2437	0,4767	1,0600	0,2250	7,0000	80,000	341,83	21,917
6	2,4133	0,2208	0,4933	0,5600	0,1267	4,6667	77,000	127,67	10,150
7	2,2700	0,2712	0,5833	0,3167	0,1133	5,3333	111,33	75,500	6,9833
8	2,0883	0,2170	0,6500	0,6167	0,0833	7,1667	105,67	192,67	15,050
9	2,0567	0,2020	0,6400	0,6300	0,1600	4,5000	80,500	140,67	19,467
10	2,2183	0,2337	0,6900	0,5133	0,1383	4,5000	80,667	491,67	19,300
11	1,9417	0,2220	0,4867	0,3950	0,1033	4,1667	68,667	58,167	14,900
12	2,2117	0,2400	0,5667	0,8117	0,1033	8,6667	73,833	157,67	13,567
13	2,0917	0,3020	0,8267	0,5133	0,1483	3,8333	64,333	118,00	14,467
14	1,9917	0,2812	0,4800	0,8400	0,1233	5,1667	118,50	93,167	8,3333
15	2,1450	0,2073	0,3667	0,6333	0,1733	4,6667	78,667	109,33	14,433
16	2,4083	0,3202	0,6667	0,6150	0,1417	5,5000	170,50	157,67	18,017
17	1,9183	0,2187	0,6833	0,3817	0,0950	5,0000	104,33	180,17	21,383
18	2,1350	0,2150	0,7300	0,6350	0,1250	4,8333	85,500	113,17	18,000
19	2,1417	0,2462	0,6900	0,7717	0,1317	4,8333	85,767	191,50	19,700
20	2,0717	0,4322	0,6567	0,6333	0,1867	4,1667	106,67	440,67	24,300
21	2,2483	0,2432	0,8433	0,8900	0,1733	7,8333	78,500	101,67	11,683
22	2,1550	0,5042	0,6867	0,6217	0,1950	4,3333	81,833	209,17	17,967
23	2,1250	0,2637	0,8133	0,5733	0,2200	4,1667	71,000	240,00	27,800
24	2,1600	0,2953	0,8333	0,7517	0,1400	4,8333	365,17	149,17	12,000
25	2,2083	0,2315	0,6900	1,1517	0,1433	5,0000	270,33	338,17	25,200
Média	2,1472	0,2622	0,6360	0,6715	0,1460	5,3667	108,37	197,13	16,527
Mínimo	1,6200	0,1540	0,3000	0,0800	0,0200	3,0000	55,000	36,000	3,2000
Máximo	3,1600	0,6130	1,6000	1,8200	0,7000	10,000	601,00	872,00	43,200
CV %	11,163	32,682	28,759	41,761	45,016	29,237	71,864	71,459	41,422

N: nitrogênio; P: fósforo; K: potássio; Ca: cálcio; Mg: magnésio; Cu: cobre; Fe: ferro; Mn: manganês e Zn: zinco.

O decréscimo do K, entre outros macronutrientes, pode ser causado a princípio pela diluição do material da parede celular. Ele é acumulado mais rapidamente que o conteúdo celular e utilizado posteriormente, para a translocação de nutrientes para fora da folha (Chapin, 1980). A translocação de K nas plantas é facilitada porque mais de 80 %

dele estar presente nos tecidos vegetais em forma solúvel (Malavolta, 1997). Além disso, a coleta das folhas foi realizada na estação chuvosa, período em que ocorre a lixiviação do K, ou seja, muito K é removido do conteúdo foliar (Rosolem, 2003).

Os teores de cálcio obtidos no presente trabalho apresentaram uma alta heterogeneidade entre as subpopulações e plantas amostradas, verificada pela média das subpopulações e de acordo com a amplitude de variação ($0,080 \text{ mg kg}^{-1}$ a $1,820 \text{ mg kg}^{-1}$) oriunda das médias das plantas (Tabela 4.3.3). A faixa de variação obtida para o Ca no presente estudo inseriu os valores observados para espécies arbóreas do Cerrado (Naves et al., 1995; Haridasan, 2005). Boni et al. (2016) encontraram valores médios de Ca nas folhas de *D. alata* inferiores ao deste estudo, na ordem de $3,400 \text{ g kg}^{-1}$ e $5,100 \text{ g kg}^{-1}$ para mudas e plantas adultas, respectivamente. As subpopulações com as maiores médias para o teor de Ca foram 25 (Cárceres, MT), 5 (Alcinópolis, MS) e 2 (Água Boa, MT).

Apesar da alta variação fenotípica apresentada pelo teor de magnésio (Tabela 4.5), seu valor médio retratado no presente trabalho foi inferior ao obtido em outros estudos com frutíferas do Cerrado (Naves, 1999; Rosa, 2004; Silva, 2013). Os valores de Mg médios observados por Boni et al. (2016) para o barueiro em experimento com mudas ($1,8 \text{ mg kg}^{-1}$) e plantas adultas em campo ($1,9 \text{ mg kg}^{-1}$) também foram superiores ao apresentado neste estudo. Os maiores teores de Mg foram observados nas subpopulações 5 (Alcinópolis, MS), 23 (Arraias, TO), 2 (Água Boa, MT) e 22 (Natividade, TO).

Na nutrição vegetal, devido os macronutrientes, cálcio e magnésio, possuem propriedades químicas muito similares, como o grau de valência e a mobilidade, eles apresentam competição pelos sítios de adsorção no solo e na absorção pelas raízes. Como consequência, o Ca em excesso inibe a absorção de Mg e vice-versa (Orlando Filho et al., 1996). E ainda, de acordo com Scherer (1998), a melhor forma de avaliar a interação destes macronutrientes no sistema solo-planta é verificando os teores foliares. Os fatores descritos acima podem justificar o fato do presente trabalho ter apresentado maiores teores de Ca e menores de Mg quando comparados com os valores relatados por Boni et al. (2016), para o barueiro.

O teor de cobre médio obtido foi de $5,366 \text{ mg kg}^{-1}$, e também apresentou uma alta variação entre as subpopulações de barueiro estudadas (Tabela 4.5). O valor de Cu médio foi superior ao relatado para a cultura do pequizeiro e cajueiro (Naves, 1999; Brait, 2008), e inferior ao encontrada para a cultura do araticunzeiro (Naves, 1999). A análise do Cu realizada por Boni et al. (2016) para o barueiro na parte aérea de mudas e plantas

adultas oriundas do campo mostraram valores médios superiores ao observado no presente trabalho. Entretanto, algumas subpopulações apresentaram valores médios similares (Tabela 4.5). Boni et al. (2016) observaram, ainda, que para mudas de barueiro, o teor foliar do Cu aumenta na presença de adubação fosfatada. Os mais altos teores de Cu foram retratados pelas subpopulações 3 (Pirenópolis, GO), 12 (Santa Terezinha, GO), 21 (Jandaia, GO), 8 (Luziânia, GO) e 5 (Alcinópolis, MS).

Ao observar os teores dos micronutrientes, ferro e manganês, nas folhas da espécie em estudo, registrou-se uma alta heterogeneidade fenotípica. As médias das subpopulações variaram de 64,33 mg kg⁻¹ (13 – Arinos, MG) e 58,16 mg kg⁻¹ (11 – Estrela do Norte, GO) a 365,1 mg kg⁻¹ (24 – Aquidauana, MS) e 491,6 mg kg⁻¹ (10 – Monte Alegre de Minas, MG), para os teores de ferro e manganês, respectivamente (Tabela 4.3.3). Em sua maioria, os valores médios gerais e as médias das subpopulações, para o teor de ferro e manganês, foram superiores aos encontrados para outras espécies do Cerrado (Naves, 1999; Rosa, 2004, Silva, 2013). Contudo, eles estão dentro da faixa apresentada por Boni et al. (2016) para a espécie, com exceção de algumas subpopulações que demonstraram valores médios bastante superiores, sendo elas, 24 (Aquidauana, MS) e 25 (Cárceres, MT) para o Fe, e 10 (Monte Alegre de Minas, MG), 20 (Nossa Senhora do Livramento, MT), 5 (Alcinópolis, MS) e 25 para o Mn.

Os altos teores foliares de ferro encontrados devem-se, provavelmente, ao fato do solo do Cerrado ser rico neste elemento químico. Isto pode também estar relacionado com os altos teores e variação de Mn, pois este nutriente na forma divalente é relativamente móvel e pode ser facilmente lixiviado, o que acontece frequentemente em solos ácidos (Mengel e Kirkby, 2001). Boni et al. (2016), avaliando plantas adultas e mudas de *D. alata* com e sem adição de P e resíduo orgânico, observaram uma significativa redução nos teores de Mn com a adição de P e resíduo orgânico. E estes autores ainda ressaltam a necessidade de adição de condicionante orgânico e P ao substrato, para garantir adequação na disponibilização de Mn às mudas.

A concentração de zinco na folha variou de 3,200 mg kg⁻¹ a 43,20 mg kg⁻¹, sendo que em 22 subpopulações a variação foi de 6,983 mg kg⁻¹ (7 – São Miguel do Araguaia) a 21,91 mg kg⁻¹ (5 – Alcinópolis, MS), inferior a relatada em outro estudo com *D. alata* (Boni et al., 2016). Apenas três subpopulações apresentaram valores médios superiores ao encontrado por Boni et al. (2016), que foi de 23,50 mg kg⁻¹, em plantas adultas em campo. Outras espécies do Cerrado apresentaram valores médios de Zn um

pouco mais baixo que o barueiro (Naves, 1999; Rosa, 2004). As maiores médias para o teor de Zn foram retratadas pelas subpopulações 23 (Arraias, TO), 25 (Cárceres, MT) e 20 (Nossa Senhora do Livramento, MT).

4.3.2 Análise de variância e estimativas de parâmetros fenotípicos

A análise de variância dos caracteres morfológicos de folhas e flores revelou a existência de variação significativa para todos os caracteres em todos os níveis hierárquicos analisados: entre plantas dentro de subpopulações e entre subpopulações (Tabela 4.6 e 4.7). Altos níveis de variação fenotípica de frutos e sementes foram verificados tanto para as subpopulações quanto para as plantas de barueiro (Mota, 2013). Essa alta variação entre e dentro de subpopulações, tem sido detectada para diversas frutíferas do Cerrado (Silva et al., 2001; Meletti et al., 2003; Trindade e Chaves, 2005; Vera et al., 2005; Martins et al., 2006; Canuto et al., 2008; Ganga et al., 2009; Moura, 2011, Novaes, 2014; Almeida, 2015; Castro, 2016), em que, a maioria, em alguns estudos todos, os caracteres avaliados apresentaram variância significativa nos níveis hierárquicos analisados.

Um dos fatores que tem permitido detectar esta alta variabilidade fenotípica é a ampla área de coleta dos estudos. O número de subpopulações tem sido superior a 21 (Ganga et al., 2010; Mota, 2013; Novaes, 2014; Almeida, 2015, Castro, 2016) e tem buscado abranger toda a ocorrência das espécies dentro do Cerrado. Sendo assim, de acordo com Ganga et al. (2010), há um forte componente ambiental dentro dessa variabilidade fenotípica, reflexo das diversas condições ambientais dos locais de coleta, como grau de antropização, solo, clima, competição, idade da planta e outras.

Para todos os caracteres analisados, a maior parte da variação foi encontrada entre folhas/flores dentro de plantas. Respondendo desde 45,47% da variância do tamanho total da folha (TTFO) até 65,49% na variância do Número de eixos da inflorescência (NEINF). O restante corresponde à variação entre as plantas dentro de subpopulações e entre subpopulações, respectivamente (Tabela 4.6 e 4.7).

A proporção da variância total que se deve à diferença entre as plantas dentro de subpopulações chega a 37,77% para TTFO e a maior proporção encontrada entre subpopulações foi dada pelo NEINF (21,44, Tabela 4.6 e 4.7). Castro (2016), trabalhando com subpopulações de jatobá-do-cerrado, observou uma maior variabilidade para o mesmo

nível hierárquico, entre frutos dentro de matrizes, para seis dos dez caracteres avaliados, e, para os outros quatros, a maior variação foi encontrada entre matrizes dentro de subpopulações. No entanto, em outros trabalhos de análise morfológica de frutos, sementes e/ou follhas de espécies do Cerrado; Ganga et al. (2010) com mangaba (*Hancornia speciosa*); Sano et al. (1996, 1999), Corrêa et al. (2000) e Mota (2013) com baru (*Dipteryx alata*) e Novaes (2014) com cagaita (*Eugenia Dysenterica*) encontrou-se uma maior variação entre matrizes dentro das subpopulações estudadas.

Tabela 4.6 Análise de variância de caracteres morfológicos de folhas de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio			
		CFOL	LFOL	TTFO	NFOL
Subpopulações	24	13,004 ***	2,4507 ***	119,61 ***	9,2504 ***
Matrizes (Subpopulações)	125	5,5395 ***	1,2828 ***	39,270 ***	2,4637 ***
Folhas (Matrizes)	450	1,7545	17,925	9,0850	0,7594
$P_{Sub}\%$		10,326	7,3393	16,755	19,259
$P_{Pla(Sub)}\%$		31,419	33,606	37,771	29,017
$P_{Fol(Pla)}\%$		58,255	59,055	45,474	51,723
P_{ST}		0,1411	0,0984	0,1815	0,2492

CFOL: comprimento do folíolo (cm); LFOL: largura do folíolo (cm); TTFO: tamanho total da folha (cm) e NFOL: número de folíolo. Significância: ‘***’ 0.001. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pla(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre plantas dentro de uma mesma subpopulação.

Tabela 4.7 Análise de variância de caracteres morfológicos da inflorescência de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 21 subpopulações do Cerrado.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio		
		CINF	NEINF	NBFES
Subpopulações	19	174,86 ***	22,764 ***	56011 ***
Matrizes (Subpopulações)	100	51,476 ***	4,1942 ***	19657 ***
Inflorescência (Matrizes)	360	14,945	2,3806	6438,0
$P_{Sub}\%$		17,595	21,446	13,455
$P_{Pla(Sub)}\%$		31,257	12,567	29,356
$P_{Inf(Pla)}\%$		51,149	65,986	57,189
P_{ST}		0,2196	0,4604	0,1864

CINF: Comprimento da inflorescência; NEINF: Número de eixos da inflorescência e NBFES: Número de botões florais do eixo secundário. Significância: ‘***’ 0.001. P_{Sub} : Proporção da variância total que se deve à diferença entre subpopulações; $P_{Pla(sub)}$: Proporção da variância total que se deve à diferença entre plantas dentro de uma mesma subpopulação.

A divergência fenotípica entre as subpopulações foi estimada com os valores de P_{ST} para os caracteres morfológicos de folhas e inflorescência do barueiro. O P_{ST} é um índice análogo e medido na mesma escala que o Q_{ST} , onde apenas a variância genética aditiva é considerada. Por sua vez o Q_{ST} é um análogo ao F_{ST} de Wright (1951) com esperanças matemáticas equivalentes para caracteres seletivamente neutros. É sabido que ao estimar o P_{ST} , os componentes de variância genético estão confundidos com os efeitos ambientais e a divergência estimada entre as subpopulações pode sofrer influência do efeito de ambientes e não apenas de forças evolutivas como seleção natural e deriva genética (Leinonen, 2013). Porém, para conhecer como as subpopulações naturais estão estruturadas, o P_{ST} torna-se útil, pois nos fornecer uma primeira aproximação desta informação e a partir daí podem-se planejar outras ações para aprofundar o conhecimento da espécie (Pujol et al., 2008).

Em comparação com outras frutíferas nativas do Cerrado (Novaes, 2014; Castro, 2016), a estrutura fenotípica da população do presente estudo, calculada pelo P_{ST} , mostra que a proporção da variância encontrada em folhas e inflorescência que pode ser atribuída à diferença entre as subpopulações variou de pequena a alta magnitude para as variáveis avaliadas (Tabelas 4.6 e 4.7).

Para todos os caracteres ligados aos teores de nutrientes das folhas das plantas do barueiro foram encontradas variação significativa entre subpopulações (Tabela 4.8 e 4.9). Essa alta variação entre subpopulações, também ressaltada pelos CV's (Tabela 4.5) para os teores de nutrientes da folha, sugere, de antemão, que exista microambientes para os diferentes locais de ocorrência do barueiro e que, estes estejam atuando na diferenciação entre as subpopulações.

Tabela 4.8 Análise de variância de teores de macronutrientes de folhas de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio				
		N	P	K	Ca	Mg
Subpopulações	24	0,0994 **	0,0291 ***	0,0910 ***	0,2610 ***	0,0084 **
Resíduo	125	0,0494	0,0032	0,0224	0,0436	0,0035

N: nitrogênio; P: fósforo; K: potássio; Ca: cálcio; Mg: magnésio. Significância: '***' 0,001 '**' 0,01.

Tabela 4.9 Análise de variância de teores de micronutrientes de folhas de plantas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio			
		Cu	Fe	Mn	Zn
Subpopulações	24	12,375 ***	27913 ***	72377 ***	169,19 ***
Resíduo	125	0,5587	1870,4	9756,0	23,382

Cu: cobre; Fe: ferro; Mn: manganês e Zn: zinco. Significância: NS: não significativo; '***' 0,001.

Na análise de correlação entre os caracteres morfológicos de folha e inflorescência e teores de nutrientes da folha amostrados pode-se observar uma correlação significativa positiva e elevada apenas entre a variável tamanho total da folha (TTFO) com o comprimento do folíolo (CFOL), largura do folíolo (LFOL) com o comprimento do folíolo (CFOL), e correlação significativa positiva e média entre o caráter comprimento da inflorescência (CINF) com número de eixos da inflorescência (NEINF), teor de cálcio (Ca) com o teor de magnésio (Mg) nas folhas e teor de Manganês (Mn) com teor de Zinco (Zn) nas folhas (Tabela 4.10). Desta forma, conclui-se que folhas maiores possuem também maiores folíolos, inflorescências maiores possuem um maior número de eixos e que, quanto maior o teor de Ca, maior também será o teor de Mg, e o mesmo se aplica aos teores de Mn e Zn para as plantas de barueiro.

4.3.3 Análise espacial

As análises realizadas buscaram avaliar os padrões de similaridade entre as subpopulações usando diferentes conjuntos de dados, mediante testes de Mantel simples. Utilizaram-se dados morfológicos das plantas separadamente (folha, inflorescência, fruto e teores de nutrientes da folha) com intuito de avaliar os diferentes padrões espaciais de variação fenotípica entre as subpopulações de barueiro, pois, segundo Telles et al. (2001a), eles podem ser melhor compreendidos quando se consideram os aspectos da biologia da planta, sendo que, esses padrões são determinados pela complexa interação existente entre os fatores genéticos e ecológicos aos quais estes organismos estão submetidos. As correlações matriciais simples que se mostraram significativas a 5% de probabilidade foram utilizadas para representar esquematicamente a estrutura das correlações entre as matrizes de distância (Figura 4.1).

Tabela 4.10 Correlações entre variáveis fenotípicas de folha, inflorescência e teores de nutrientes de folhas a partir de valores médios por planta de 25 subpopulações de *Dipteryx alata* Vog.do Cerrado.

	NFOL	CFOL	LFOL	CINF	NEINF	NBFES	N	P	K	Ca	Mg	Cu	Fe	Mn	Zn
TTFO	0,2550 **	0,7754 **	0,4664 **	0,3955 **	0,0504 NS	0,1055 NS	-0,0826 NS	-0,1802 *	0,1056 NS	0,0837 NS	-0,1781 NS	0,2524 **	0,0393 NS	0,0377 NS	0,1797 *
NFOL	-	-0,1751 NS	-0,1263 NS	-0,0206 NS	-0,0393 NS	-0,1064 NS	0,0178 NS	-0,0698 NS	-0,0577 NS	0,0181 NS	-0,0719 NS	0,0619 NS	0,1258 NS	-0,0682 NS	0,0050 NS
CFOL		-	0,7332 **	0,3660 **	0,0867 NS	0,1997 *	-0,0846 NS	-0,1101 NS	0,1255 NS	0,0318 NS	-0,0881 NS	0,2379 **	-0,0076 NS	0,0740 NS	0,2313 *
LFOL			-	0,2374 NS	0,0627 NS	0,0187 NS	-0,1244 NS	-0,0909 NS	0,0540 NS	0,0195 NS	-0,0371 NS	0,2434 **	-0,0336 NS	-0,0862 NS	0,0830 NS
CINF				-	0,5192 **	0,2807 **	0,1066 NS	-0,1292 NS	0,0771 NS	-0,2483 **	-0,2153 NS	0,1731 NS	-0,1428 NS	-0,1586 NS	-0,1175 NS
NEINF					-	0,3192 NS	0,0120 NS	-0,0796 NS	-0,1698 NS	-0,2159 *	-0,0735 NS	-0,0168 NS	-0,1825 NS	0,0014 NS	-0,1131 NS
NBFES						-	0,0341 NS	-0,1769 NS	-0,0858 NS	-0,1301 NS	-0,0365 NS	-0,1899 NS	-0,0368 NS	0,0182 NS	-0,1970 NS
N							-	0,1849 *	0,0283 NS	0,1221 NS	0,0564 NS	0,1550 NS	0,1131 NS	0,0577 NS	-0,0029 NS
P								-	0,2077 *	0,0309 NS	0,1314 NS	-0,1269 NS	0,1745 NS	0,0157 NS	0,0916 NS
K									-	0,0415 NS	-0,0279 NS	-0,0167 NS	0,2097 *	-0,0086 NS	0,1834 *
Ca										-	0,1633 NS	0,4118 **	0,0476 NS	0,1231 NS	0,1453 NS
Mg											-	-0,0736 NS	-0,0195 NS	0,1115 NS	0,2144 *
Cu												-	-0,0608 NS	0,0423 NS	-0,0695 NS
Fe													-	-0,0793 NS	-0,1251 NS
Mn														-	0,4557 *

TTFO: tamanho total da folha (cm); NFOL: número de folíolo; CFOL: comprimento do folíolo (cm); LFOL: largura do folíolo (cm); CINF: Comprimento da inflorescência, NEINF: Número de eixos da inflorescência; NBFES: Número de botões florais do eixo secundário; N: nitrogênio; P: fósforo; K: potássio; Ca: cálcio; Mg: magnésio; Cu: cobre, Fe: ferro, Mn: manganês e Zn: zinco. Significância: NS: não significativo; ‘***’ 0,01 ‘*’ 0,05.

A matriz de distâncias geográfica (matriz 1) apresentou uma baixa correlação simples tanto com a matriz de distâncias dos dados fenotípicos de folhas (matriz 5; $r = 0,1316$), quanto com a matriz de dados dos teores nutricionais de folhas (matriz 7; $r = 0,2463$). O correlograma realizado para as subpopulações de bareiro com cinco classes de distâncias geográficas, apresentou o mesmo padrão observado por Soares et al. (2008), indicando que, as subpopulações com distância de até 156 km tendem a ser semelhantes ($r_m = 0,1433$; $p < 0,001$ com 9999 permutações). Os mesmos autores ainda observaram que, subpopulações de *D. alata* com distância de 1120 km tendem a ser geneticamente diferente. Contudo, é importante ressaltar que a correlação de mantel não foi alta, indicando que a estrutura espacial não é forte, sendo este, o mesmo resultado observado por Soares et al. (2008).

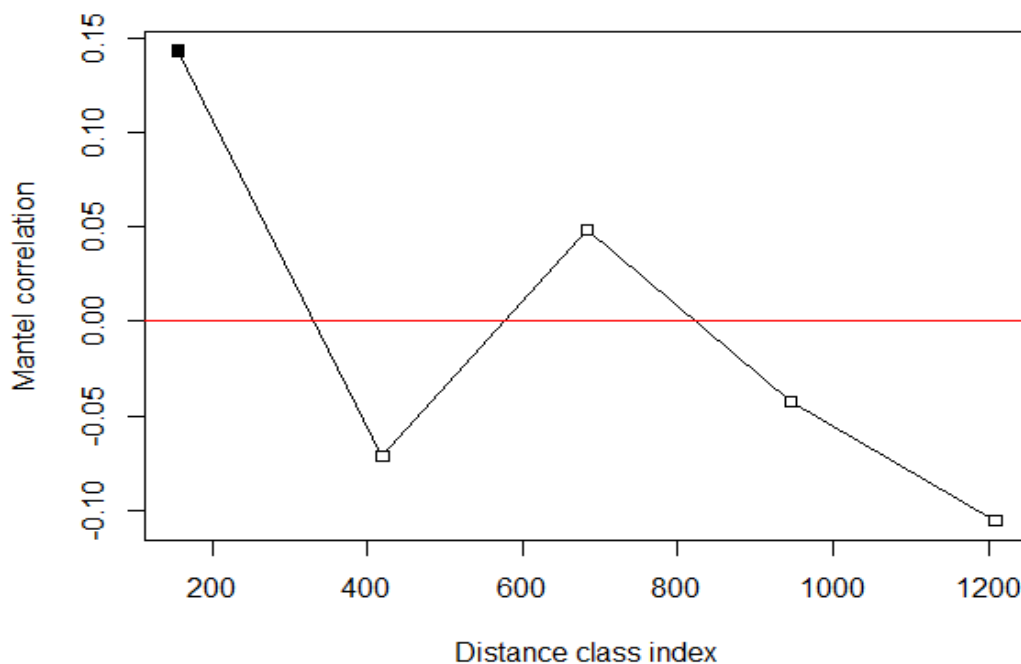


Figura 4.1 Correlograma de Mantel de 25 subpopulações de *Dipteryx alata* Vog. do Cerrado.

O baixo coeficiente de correlação simples entre (Figura 4.2) a matriz de distância climática (matriz 2) e as de dados fenotípicos das folhas (matriz 5) e as de dados de inflorescência (matriz 6), sugere que há uma influência direta de baixa magnitude dos fatores climáticos sobre os dados fenológicos das plantas de barueiro.

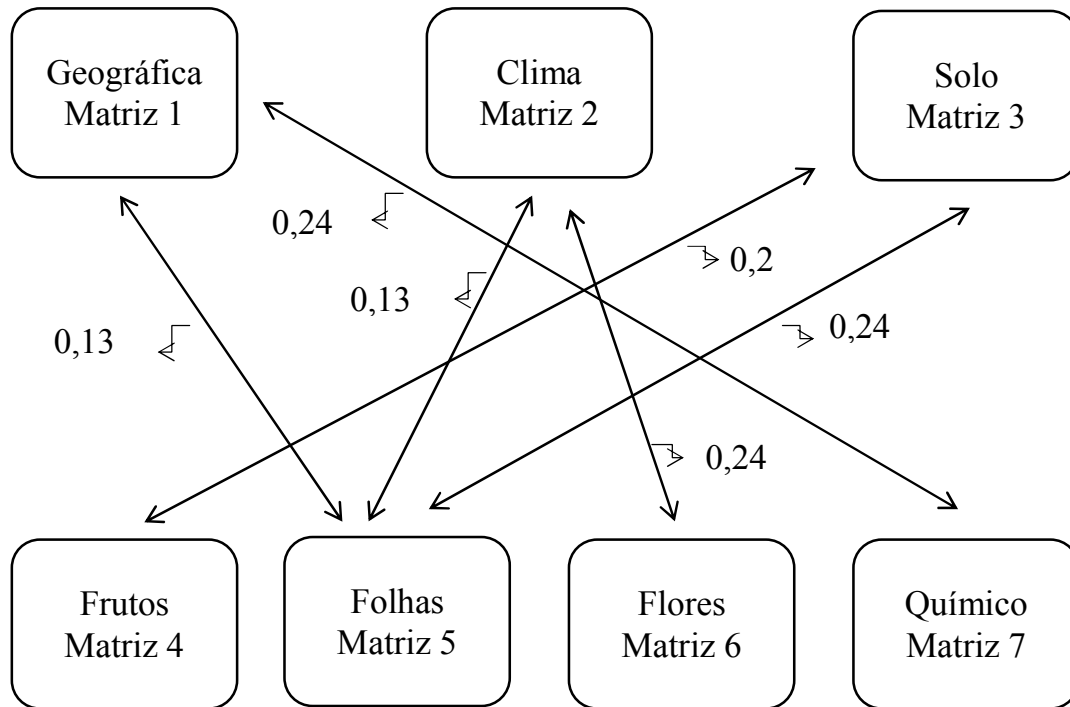


Figura 4.2 Representação esquemática da estrutura de correlações lineares simples entre as matrizes de distâncias geográfica, climática, edáfica e fenotípica a partir de dados biométricos de frutos, folhas, flores e teores nutricionais das folhas de *Dipteryx alata* Vog. provenientes de 25 subpopulações do Cerrado. Representadas apenas as correlações significativas entre as matrizes.

A correlação simples apresentada entre (Figura 4.2) a matriz de distância do solo (matriz 3) com as matrizes dos dados fenotípicos de fruto (matriz 4) e folhas (matriz 5), ainda que baixa, revelou que há uma influência do solo na variação fenotípica das subpopulações. A correlação parcial entre a matriz de distância do solo e as matrizes de fruto e folhas, em que, há o controle do efeito da matriz de distância geográfica (matriz 1) e também da matriz de distância climática (matriz 2), manteve-se significativa e com o mesmo valor, reforçando a importância que a variação no solo vem determinando os fenótipos das árvores de *D. alata*, mesmo que o coeficiente de correlação tenha indicado uma fraca estrutura. O fato das plantas representantes de algumas subpopulações terem sido coletadas em ambientes de pastagem podem ter contribuído para diminuir a influência do solo sobre a variação, já que estes solos podem ter recebido adubação.

Os resultados dos testes de Mantel simples sugeriram que os fatores ambientais (clima e solo), assim como a distribuição geográfica das subpopulações tem contribuído, mesmo que pouco, para a divergência fenotípica entre as subpopulações.

Há vários fatores relacionados à biologia e ecologia da espécie que podem causar variação entre subpopulações. Segundo Soares et al. (2008) o padrão mais comum observado na natureza é que, subpopulações mais próximas tendem a ser mais similares, e esta tende a diminuir e estabilizar a medida que as distâncias aumentam, indicando que existem manchas de variação ou similaridade entre as subpopulações. Essas manchas podem ser causadas por diversos fatores, incluindo diferentes ambientes que geram variação. Outro fator ligado à baixa divergência detectada entre as subpopulações é devido o processo de fragmentação do Cerrado ser relativamente recente. Possivelmente, a divergência entre as subpopulações deve-se tornar maior no futuro. E o avanço da fragmentação, causada principalmente pela expansão da fronteira agrícola, tende a reduzir o tamanho das subpopulações, provocando a deriva e contribuindo para a redução do fluxo gênico entre elas (Telles et al., 2001b). Ainda, segundo estes autores, quando não há corredores ligando as subpopulações, o limite de polinização e dispersão causado pela fragmentação, provavelmente também interfira na estrutura espacial destas, levando a um isolamento por distância.

O dendrograma gerado a partir dos dados fenotípicos (Figura 4.3) permite a separação de dois grupos de subpopulações: grupo I com as subpopulações 24, 22, 23, 20, 2, 5, 17, 10, 16, 15, 9, 13, 1, 14, 12, 6 e 7; grupo II com as subpopulações 25, 11, 3, 21, 8, 4, 18 e 19. A correlação cofenética calculada foi de 0,710. Essa divisão sugere que as subpopulações (grupo II) com maiores valores médios para os caracteres de frutos apresentadas por Mota (2013) são mais similares.

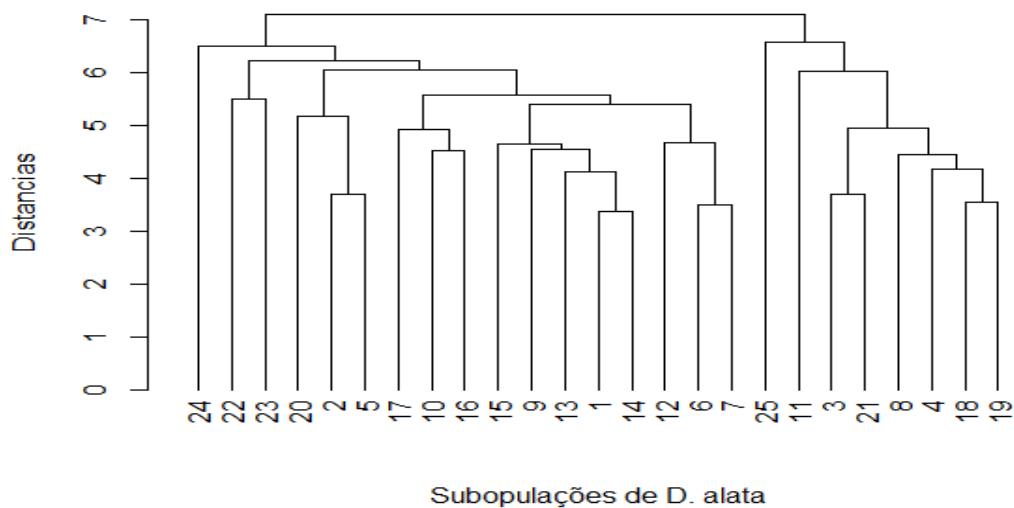


Figura 4.3 Dendrograma feito via UPGMA utilizando a distância euclidiana média entre 25 subpopulações naturais de *Dipteryx alata* Vog.

4.4 CONCLUSÕES

- Há variação significativa para todos os caracteres e nos níveis hierárquicos analisados: entre plantas dentro de subpopulações e entre subpopulações.
- Folhas de barueiro maiores possuem maiores folíolos, inflorescências maiores possuem um maior número de eixos e quanto maior o teor foliar de Ca, maior também é o teor de Mg e o mesmo se aplica aos teores de Mn e Zn.
- Os fatores ambientais (clima e solo), assim como a distribuição geográfica das subpopulações estão contribuindo, mesmo que em baixa magnitude, para a divergência fenotípica entre as subpopulações.

4.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, G. Q. **Variabilidade morfoagronômica da coleção de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) da Universidade Federal de Goiás.** 2015. 105f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

ALMEIDA, S. P.; PROENÇA, C. E. B.; SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F. **Cerrado: espécies vegetais úteis.** Planaltina: Embrapa - CPAC, 1998. 464 p.

BONI, T. S.; MALTONI, K. L.; BUZETTI, S.; CASSIOLATO, A. M. R. Avaliação comparativa do estado nutricional de mudas de baru (*Dipteryx alata*). **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 26, n. 1, p. 109-121, jan.-mar., 2016.

BRAIT, J. D. de A. **Características físicas e químicas de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* camb), de ocorrência natural em Rio Verde – GO.** 2008, 65 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal)–Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2008.

CANUTO, D. S. de O., SILVA, A. L.; MORAES, M. A. de; SILVA, C. L. S. P.; MORAES, M. L. T. de; SÁ, M. E. Variabilidade genética de populações naturais de *Dipteryx alata* Vog. por meio de caracteres nutricionais em sementes. **Revista do Instituto Floresta**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 155-163, dez. 2008.

CASTRO, R. S. DE. **Variação Genética Quantitativa e Estrutura Populacional de *Hymenaea stigonocarpa* (Mart. ex Hayne) no Cerrado.** 2016. 83 f. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. 2016.

CHAPIN, F.S. The mineral nutrition of wild plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 11, p. 233-260, 1980.

CORRÊA, G. C.; ROCHA, M. R.; NAVES, R. V. Germinação de sementes e emergência de plântulas de Baru (*Dipteryx alata* Vog.) nos Cerrados do Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária tropical**, Goiânia, v. 30, n. 2, p. 17-23, 2000.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011, 620 p.

CRUZ, C. D. ; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

DUBOC, E.; GUERRINI, I. A. Concentração foliar de espécies arbóreas nativas do Cerrado sob adubação com nitrogênio e fósforo. In: SIMPÓSIO NACIONAL CERRADO, 9.; SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE SAVANAS TROPICIAS, 2., Brasília, 2008. **Anais...** Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. 9 p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 3 ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2013. 353p.

EPPERSON, B. K. **Geographical Genetics**. New Jersey: Princeton University Press, 2003. 357 p.

GANGA, R. M. D; CHAVES, L. C.; NAVES, R. V. Parâmetros genéticos em progênies de *Hancornia speciosa* Gomes do Cerrado. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 37, n. 84, p. 395-404, 2009.

GANGA, R. M. D.; FERREIRA, G. A.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V.; NASCIMENTO, J. L. Caracterização de frutos e árvores de populações naturais de *Hancornia speciosa* Gomes do Cerrado. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.32, p.101-113, 2010.

GOSLEE, S. C.; URBAN, D. L. The ecodist package for dissimilarity- based analysis of ecological data. **J Stat Softw**, v. 22, p. 1-19, 2007.

HARIDASAN, M. Competição por nutrientes em espécies arbóreas de cerrado. In: SOUZA-SILVA, J. C.; FELFINI, J. M. (orgs). **Cerrado: ecologia, biodiversidade e conservação**. Brasília, Ministério do Meio Ambiente, 2005. p. 169-178.

LEINONEN, T.; MCCAIRNS, R. J. S.; O'HARA, R. B.; MERILÄ, J. Qst – Fst comparisons: evolutionary and ecological insights from genomic heterogeneity. **Nature Reviews Genetics**, v. 14, p. 179-190, 2013.

LOVELESS, M. D.; HAMRICK, J. L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.15, p. 65-95, 1984.

MALAVOLTA, E. A.; VITTI, G. C. & OLIVEIRA, S. A. **Avaliação do estado nutricional das plantas: princípios e aplicações**. Piracicaba: Potafos, 1997. 201p.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Res**, v. 27, p. 209-220, 1967.

MARTINS, K; CHAVES, L.J.; BUSO, G. S. C.; KAGEYAMA, P. Y. Mating system and fine-scale spatial genetic structure of *Solanum lycocarpum* St. Hil. (Solanaceae) in the Brazilian Cerrado. **Conservation Genetics**, The Netherlands, v. 7, n. 6, p. 957-969, 2006.

MELETTI, L. M. M.; BERNACCI, L. C.; SOARES-SCOTT, M. D.; AZEVEDO FILHO, J. A.; MARTINS, A. L. M. Variabilidade genética em caracteres morfológicos, agronômicos e citogenéticos de populações de maracujazeiro-doce (*Passiflora alata* Curtis). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n. 2, p. 275-278, 2003.

MELO, D. B. **Diversidade molecular e proporção da variabilidade genética preservada em uma coleção *ex situ* de germoplasma de barueiro (*Dipteryx alata* Vog.)**. 2011. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

MENGEL, K.; KIRKBY, E. A. **Principles of plant nutrition**. Worblaufen-Bern, International Potash Institute. 2001, 849 p.

MOTA, E. E. S. **Caracterização fenotípica e variação genética quantitativa em *Dipteryx alata* Vog. (Barueiro) do Cerrado**. 2013. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)–Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

MOURA, N. F. **Caracterização de frutos e progênies de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* camb.) do cerrado**. 2011. 134 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia. 2011.

NAVES, R. V. **Espécies frutíferas nativas dos cerrados de Goiás: caracterização e influências do clima e dos solos**. 1999. 206 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1999.

NAVES, R. V.; ALMEIDA NETO, J. X.; ROCHA, M. R.; BORGES, J. D.; CARVALHO, G. C.; CHAVES, L. J.; SILVA, V. A. Determinação de características físicas em frutos e teor de nutrientes, em folha e no solo, de três espécies frutíferas de ocorrência natural nos cerrados de Goiás. **Anais das Escolas de Agronomia e Veterinária**, Goiânia, v. 25, n. 2, p.107-114, 1995.

NOVAES, C. R. D. B. **Variabilidade e divergência genética de caracteres quantitativos e marcadores neutros em populações de *Eugenia dysenterica* DC**. 2014. 223 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

OKSANEN, J.; BLANCHET, J. G.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P. R.; O'HARA, R. B.; SIMPSON, G. L.; SOLYMOS, P.; STEVENS, M. H. H.; WAGNER, H. **Vegan: Community Ecology Package**. R package version 2. p. 0-5. 2012.

OLIVEIRA, M. I. B.; SIGRIST, M. R. Fenologia reprodutiva, polinização e reprodução de *Dipteryx alata* Vogel. (Leguminosae-Papilionoideae) em Mato Grosso do Sul, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 31, n. 2, p. 195-207, 2008.

PAIVA, J. R.; VALOIS, A. C. C. Conservação in situ de espécies arbóreas. In.: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADRES-INGLIS, M. C. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação-MT, 2001, p.79-99.

PESSONI, L. A. **Estratégias de análise da diversidade em germoplasma de cajueiro (*Anacardium* sp L)**. 2007. 157 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)– Escola de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

POOTER, H. GARNIER, E. Ecological significance in relative growth rate and its components. In. PUGNAIRE, F. e VALLADARES, F. (Eds.) **Functional Plant Ecology**. CRC Press, Boca Raton, 2007. 2nd ed. p.67-100.

PUJOL, B.; WILSON, A. J.; ROSS, R. I. C.; PANNELL, J. R. Are Qst-Fst comparisons for natural populations meaningful? **Molecular Ecology**, v. 17, p. 4782–4785, 2008.

R DEVELOPMENT CORE TEAM R: **A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. 2015

RIBEIRO, J. F.; SANO, S. M.; BRITO, M. A.; FONSECA, C. E. L. **Baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. Jaboticabal: Funep, 2000, 41 p. (Série Frutas Nativas, 10).

ROSA, M. E. C.; **Ambientes de ocorrência e produção de pequi (Caryocar brasiliense Camb.) no estado de Goiás, 2004**. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

ROSOLEM, C.A.; CALONEGO, J.C.; FOLONI, J.S.S. Lixiviação de potássio da palha de coberturas de solo em função da quantidade de chuva recebida. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 27, p. 355-362, 2003.

SANO, S. M.; VIVALDI, L. J. Produção de baru (*Dipteryx alata* Vog.) no seu habitat. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE ECOSSISTEMAS FLORESTAIS/FOREST, 4., 1996, Belo Horizonte, **Resumos...** Belo Horizonte. 1996. p. 217-18.

SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F.; BRITO, M. A. de. **Baru: biologia e uso**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2004. 52 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 116).

SANO, S. M.; VIVALDI, L. J.; SPEHAR, C. R. Diversidade morfológica de frutos e sementes de baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 4, p. 513-18, abr. 1999.

SILVA, R. S. M.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V. Caracterização de frutos e árvores de cagaita (*Eugenia dysenterica* DC.) no sudeste do Estado de Goiás, Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 330-334, 2001.

SILVA, A. C. **Variações genéticas em candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish): simbiose e desenvolvimento radicular e estabelecimento inicial em áreas degradadas**. 2003. 130 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

SOARES, T. N.; CHAVES, L. J.; TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F.; RESENDE, L. V. Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* ("Baru" tree: Fabaceae) From Cerrado region of central Brazil. **Genetica**, The Netherlands, n. 132, p. 9-19. 2008.

SOBIERAJSKI, G. R. **Estrutura genética em populações de bracatinga (*Mimosa scabrella* Benth.) por marcador isoenzimático e caracteres quantitativos.** 2004. 128 f. Dissertação (Mestre em Recursos Florestais)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

SOUZA, E. R. B. de. **Fenologia, dados biométricos, nutrição de plantas e qualidade de frutos de cagaiteira (*Eugenia dysenterica* DC) no Estado de Goiás.** 2006. 114 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

TELLES, M. P. C.; CHAVES, L. J.; COELHO, A. S. G.; DINIZ FILHO, J. A. F. Divergência entre subpopulações de cagaiteira (*Eugenia dysenterica*) em resposta a padrões edáficos e distribuição espacial. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 36, n. 11, p. 1387-1394, 2001^a.

TELLES, M. P., DINIZ-FILHO, J. A. F., COELHO, A. S., & CHAVES, L. J. Autocorrelação espacial das freqüências alélicas em subpopulações de cagaiteira (*Eugeniadysenterica* DC., Myrtaceae) no sudeste de Goiás. **Brazilian Journal of Botany**, v. 24, n. 2, p. 145-154, 2001^b.

TRINDADE, M. G.; CHAVES, L. J. Genetic structure of natural *Eugenia dysenterica* DC (Myrtaceae) populations in northeastern Goiás, Brasil, accessed by morphological traits and RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 3, p. 407-413. 2005.

VERA, R.; NAVES, R. V.; NASCIMENTO, J. L. do; CHAVES, L. J.; LENDRO, W. M.; SOUZA, E. R. B. de. Caracterização física de frutos do pequiheiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) no Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 35, p. 71-79, 2005.

VILLAR, R.; MERINO, J. Comparison of leaf construction costs in woody species with differing leaf life-spans in contrasting ecosystems. **New Phytologist**, v. 151, p. 213-226, 2001.

5. CONCLUSÕES GERAIS

- Há um maior desenvolvimento das progênies de barueiro no segundo e terceiro ano em seus quatro primeiros anos de crescimento.
- Existe variação significativa entre subpopulações e entre progênies dentro de subpopulações para a maioria dos caracteres avaliados de *D. alata*.
- A altura inicial, altura final, diâmetro inicial, diâmetro final, altura do fuste e diâmetro de copa são os caracteres de maior herdabilidade do baru, tendo então, um maior potencial para ganho genético através de seleção e melhoramento.
- Os caracteres altura inicial, diâmetro inicial, comprimento da copa, diâmetro da copa, índice de saliência e índice de abrangência apresentam um maior ganho de seleção.
- A altura total inicial e final possuem correlações de alta magnitude com a maioria dos caracteres silviculturais avaliados para o barueiro.
- Dezoito dos vinte sete caracteres avaliados para *Dipteryx alata* estão sob atuação diferenciadora da deriva genética;
- Folhas de barueiro maiores possuem maiores folíolos, inflorescências maiores possuem um maior número de eixos e quanto maior o teor de Ca, maior também é o teor de Mg, e o mesmo se aplica aos teores de Mn e Zn.
- Os fatores ambientais (clima e solo), assim como a distribuição geográfica das subpopulações estão contribuindo, mesmo que em baixa magnitude, para a divergência fenotípica entre as subpopulações.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, S. P. **Cerrado: aproveitamento alimentar**. Planaltina: Embrapa-CPAC, 1998. 188 p.

AGUIAR, A. V. **Emprego de parâmetros moleculares e quantitativos na conservação e melhoramento de *Eugenia dysenterica* DC**. 2004. 186 f. Tese (Doutorado em Engenharia de Alimentos)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

BORGES, R. C. G. **Estimativas de herdabilidade e correlação entre caracteres de crescimento em *Eucalyptus grandis* W. Hill Ex. Maiden**. 1980. 42 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1980.

CLEMENT, C. R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos & melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso – Fundação MT, p. 423-441, 2001.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, v. 1, 2012.480p

FERNANDES, J.S.C.; RESENDE, M.D.V. de; STURION, J.A.; MACCARI Jr., A. Estudo comparativo de delineamentos experimentais para estimativas de parâmetros genéticos em erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St. – Hil.). **Revista Árvore**, Viçosa, v.28, n.5, p.663-671, 2004.

FERREIRA, M. E.; FALEIRO, F. G. Biotecnologia: avanços e aplicações no melhoramento genético vegetal. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Ed). **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2008. 1198 p.

KAGEYAMA, P.Y. **Varição genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1980.

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.15, p. 65-95, 1984.

MOTA, E. E. S. **Caracterização fenotípica e variação genética quantitativa em *Dipteryx alata* Vog. (Barueiro) do Cerrado**. 2013. 81 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

NAMKOONG, G. Inbreeding effects on estimation of genetic additive variance. **Forest Science**, Madison, v. 22, p. 2-12, 1966.

ODA, S.; MELLO, E. J.; SILVA, J. F.; SOUZA, I. C. G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. (Ed.). **Biotecnologia Florestal**. Viçosa: UFV, p.51-71, 2007.

OLIVEIRA, A. N. **Variabilidade genética entre e dentro de procedências de baru (*Dipteryx alata* Vog.)**. 1998. 80 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

PAIVA, J.R. de; RESENDE, M.D.V. de; CORDEIRO, E.R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p.799-807, 2002.

PERSSONI, L. A. **Estratégias de análise da diversidade em germoplasma de cajueiro (*Anacardium ssp L*)**. 2007. 157 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas - Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993.

RIBEIRO, J. F.; OLIVEIRA, M. C.; GULIAS, A. P. S. M.; FAGG, J. M. F.; AQUINO, F. G. Uso múltiplos da biodiversidade do bioma Cerrado: estratégias sustentável para a sociedade, o agronegócio e os recursos naturais. In: FALEIRO, F. G.; FARIAS NETO, A. L. (Ed). **Savanas: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2008. 1198 p.

SANO, S. M.; RIBEIRO, J. F.; BRITO, M. A. de. **Baru: biologia e uso**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2004. 52 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 116).

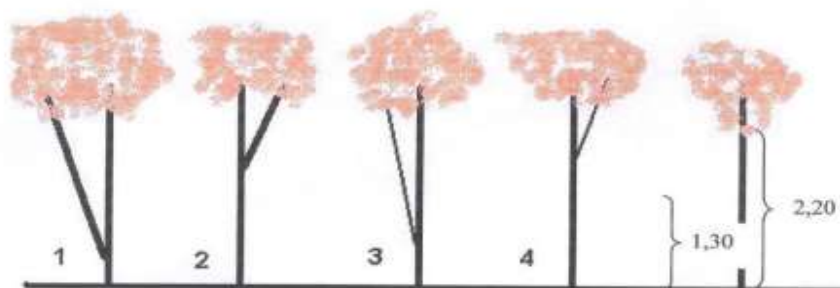
SILVA, A. C. **Variações genéticas em candeia (*Eremanthus erytropappus* (DC.) MacLeish): simbiose e desenvolvimento radicular e estabelecimento inicial em áreas degradadas**. 2003. 130 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

VERA, R.; SOARES JUNIOR, M. S.; NAVES, R. V.; SOUZA, E. R. B.; FERNANDES, E. P.; CALIARI, M.; LEANDRO, W. M. Características químicas de amêndoas de barueiros (*Dipteryx alata* vog.) de ocorrência natural no cerrado do estado de Goiás, Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 112-118, 2009.

ANEXO

Anexo I.

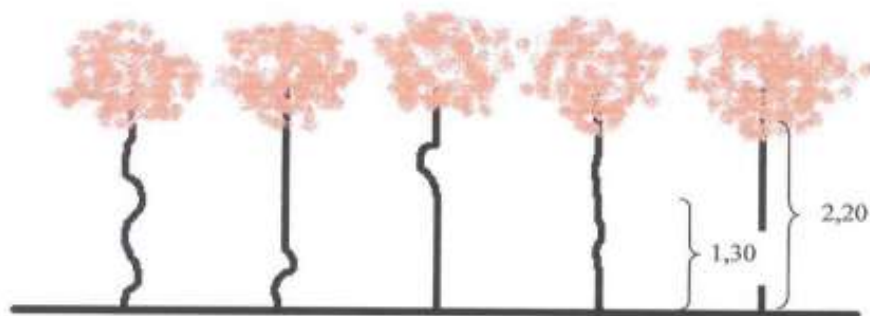
ESCALA DE NOTAS PARA BIFURCAÇÃO



- 1: Bifurcação abaixo de 1,30 com diâmetro igual ao fuste principal;
- 2: Bifurcação acima de 1,30 com diâmetro igual ao fuste principal;
- 3: Bifurcação abaixo de 1,30 com diâmetro inferior ao fuste principal;
- 4: Bifurcação acima de 1,30 com diâmetro inferior ao fuste principal;
- 5: Sem bifurcação

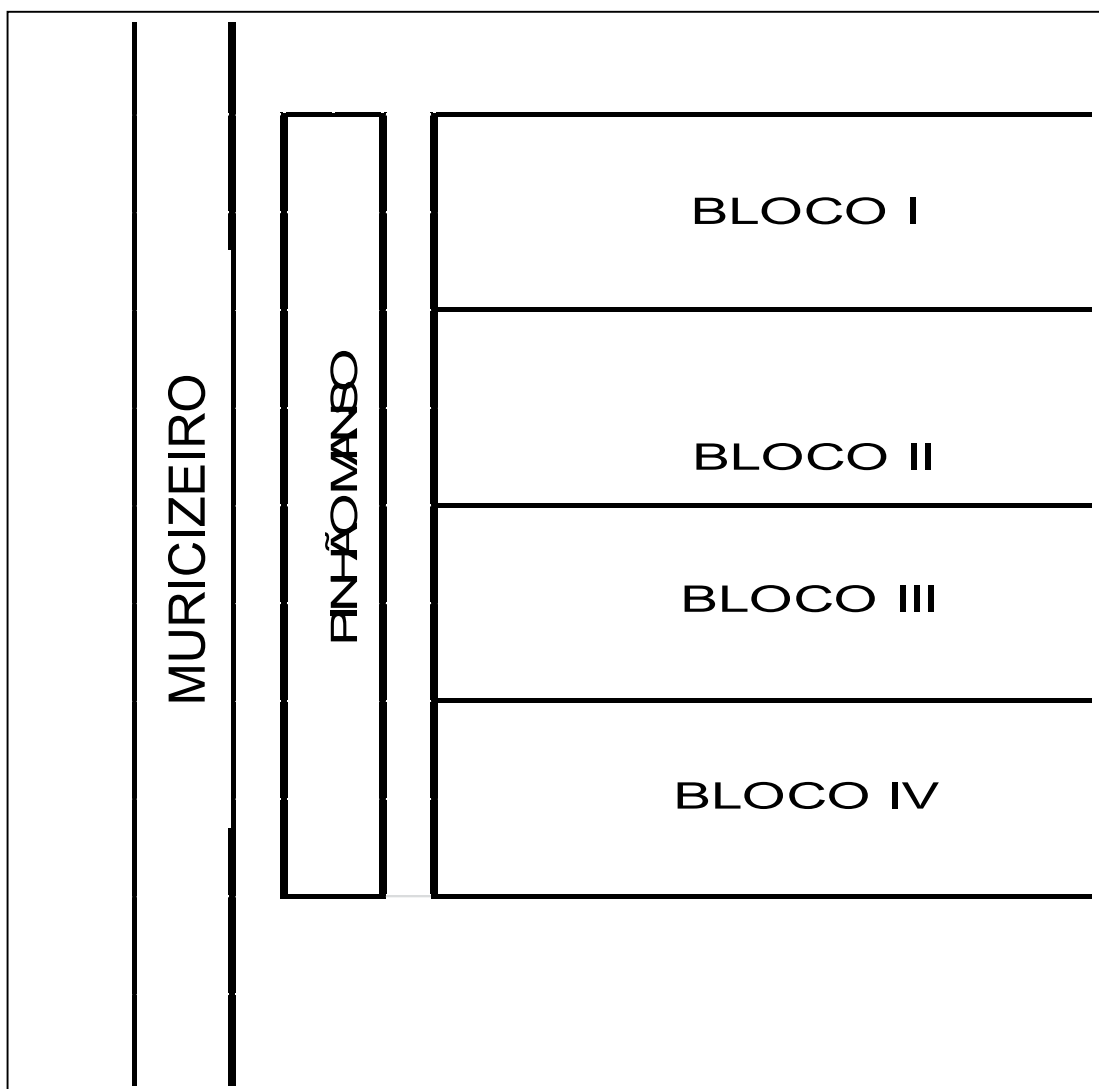
Anexo II.

ESCALA DE NOTAS PARA RETIDÃO,



- 1: Tortuosidade acentuada em toda extensão;
- 2: Tortuosidade acentuada abaixo de 1,30;
- 3: Tortuosidade acentuada acima de 1,30;
- 4: Leve tortuosidade em toda extensão;
- 5: Sem tortuosidade.

Anexo III. Croqui de campo – Coleção *in vivo* e *ex situ* de germoplasma de Barueiro, área do Agrocentro, 2012.



Anexo IV. Coqui – Coleção *in vivo* e *ex situ* de germoplasma de Barueiro, área do Agrocentro, 2012.

Bloco I

	C15	C14	C14	C12	C11	C10	C9	C8	C7	C6	C5	C4	C3	C2	C1	
101	115	17	141	77	52	6	98	116	143	146	53	43	27	49	L1	
21	9	75	56	105	85	69	107	58	150	60	91	3	124	135	L2	
32	93	36	41	121	117	13	111	68	80	35	136	72	15	26	L3	
12	5	67	1	137	66	127	18	62	88	7	2	149	76	4	L4	
24	50	133	125	44	71	14	23	142	134	122	55	87	129	37	L5	
39	63	128	59	16	82	102	61	65	28	110	131	22	100	48	L6	
118	8	138	90	109	95	78	81	123	126	145	20	25	147	148	L7	
79	106	89	84	57	96	19	103	97	11	10	94	104	45	29	L8	
119	114	31	83	30	108	139	92	47	130	46	112	54	38	140	L9	
113	120	144	33	132	51	73	74	40	99	86	42	64	70	34	L10	

Bloco II

	C15	C14	C14	C12	C11	C10	C9	C8	C7	C6	C5	C4	C3	C2	C1	
137	43	98	58	24	16	45	7	34	141	67	121	38	37	105	L1	
134	92	22	79	139	8	61	36	2	9	84	40	99	1	60	L2	
94	128	76	51	88	117	146	144	91	127	129	133	125	49	65	L3	
111	132	113	86	126	119	100	80	115	33	131	89	108	52	55	L4	
27	13	53	104	72	17	73	56	28	42	118	46	83	136	93	L5	
50	6	122	106	107	64	19	78	30	23	15	87	101	148	5	L6	
114	142	39	62	69	109	26	21	85	97	63	31	18	10	112	L7	
47	149	135	20	11	130	74	102	57	138	145	29	103	25	143	L8	
68	48	41	82	44	95	77	4	66	54	116	75	70	14	124	L9	
90	150	96	12	71	110	147	123	81	59	140	32	35	3	120	L10	

Espaçamento: 3x2

Bloco III

	C15	C14	C14	C12	C11	C10	C9	C8	C7	C6	C5	C4	C3	C2	C1	
103	9	95	98	136	68	63	130	93	64	22	143	72	40	23	L1	
124	126	38	105	86	31	118	139	39	47	137	120	56	91	147	L2	
97	35	28	90	122	134	42	80	61	65	53	100	144	1	24	L3	
87	104	11	112	102	52	30	79	133	94	60	129	82	14	50	L4	
110	146	8	96	88	77	46	125	13	16	81	115	17	58	3	L5	
48	25	69	132	45	49	101	51	140	54	6	19	70	7	84	L6	
83	123	148	111	55	99	108	62	43	73	131	113	18	135	114	L7	
145	117	106	119	41	78	4	92	29	10	109	26	142	34	89	L8	
149	12	37	116	57	141	75	36	71	67	74	21	76	121	138	L9	
33	5	2	85	128	150	32	20	127	15	59	44	107	66	27	L10	

Bloco IV

	C15	C14	C14	C12	C11	C10	C9	C8	C7	C6	C5	C4	C3	C2	C1	
5	21	106	101	63	85	115	31	138	41	146	97	51	50	116	L1	
91	149	47	8	25	119	42	29	127	124	33	26	6	89	15	L2	
113	92	150	39	88	61	134	48	22	28	71	40	129	2	49	L3	
64	67	132	104	73	80	60	3	58	121	77	32	82	114	66	L4	
24	128	105	57	20	27	65	34	144	54	53	131	93	35	118	L5	
96	133	79	120	108	135	76	17	56	100	55	12	142	36	112	L6	
123	95	10	140	147	62	83	11	13	75	126	19	16	45	23	L7	
86	69	52	78	99	72	7	81	136	122	4	30	143	59	139	L8	
125	148	141	43	111	94	37	70	18	137	145	68	107	87	9	L9	
110	14	117	90	38	102	103	109	1	74	130	98	44	84	46	L10	

Espaçamento: 3x2