



# V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos  
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

## CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Pinus maximinoi* H.E. MOORE

Aparecida Juliana Martins Correa<sup>1</sup>; Francisco Rafael de Araújo Oliveira<sup>1\*</sup>; Marcel Eméric Bizerra de Araújo<sup>2</sup>; Aline Estela Zini de Oliveira Pereira<sup>2</sup>; Miguel Luiz Menezes Freitas<sup>3</sup>; Ananda Virgínia Aguiar<sup>4</sup>

<sup>1</sup>UFSCAR, Campus Sorocaba, Sorocaba/SP; <sup>2</sup>UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira/SP; <sup>3</sup>Instituto Florestal, São Paulo/SP; <sup>4</sup>Embrapa Florestas, Colombo/PR.

\*rafael.oliveira.ifce@gmail.com

Espécie tropical, de origem entre o México e a Nicarágua, *Pinus maximinoi* H.E. Moore (Pinaceae) tem alto potencial para o uso nas indústrias de base florestal. A espécie foi introduzida no Brasil na década de 1980, e vem sendo conservada como pomares de sementes em alguns municípios das regiões Sul e Sudeste do país. A demanda por sementes dessa espécie ainda é muito baixa, porém esta poderá ser usada para o desenvolvimento de híbridos interespecíficos devido ao seu crescimento em volume e a forma do fuste (retilíneo). Como as coleções de germoplasma (pomares de sementes) correm riscos de serem extintas, há a necessidade de coletar sementes das diferentes progênies dos pomares de primeira geração para implantar os testes de segunda geração a fim de conservar o germoplasma em risco. Assim, o objetivo desse trabalho foi verificar a variabilidade genética de um teste de progênie de segunda geração de *P. maximinoi* que visa atender aos programas de conservação e melhoramento genético de *Pinus spp.* O teste foi instalado em 2015 na Floresta Estadual de Pederneiras, Pederneiras/SP (22°27'S, 48°44'W, 500 m), em sistema de plantio puro, no delineamento em blocos completos ao acaso com 20 blocos, 28 tratamentos (progênies de meias-irmãs) e uma planta por parcela. Aos três anos de idade, foram avaliados os seguintes caracteres: circunferência à altura do peito (CAP), altura total (H) e diâmetro da copa nas direções leste/oeste (DLO) e norte/sul (DNS). A análise de *deviance* e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com base no procedimento genético estatístico REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Imparcial). Não houve diferença significativa entre as progênies para os caracteres analisados pelo teste de qui-quadrado. De maneira geral, as herdabilidades médias de progênies (DLO = 0,03 a H = 0,33), aditiva individual dentro das progênies (o valor máximo foi de H = 0,074) e os coeficientes de variação genética aditiva individual e entre progênies foram baixos e não significativos para os caracteres fenotípicos analisados. Apesar do teste de segunda geração conter 60% das progênies da população anterior, este não apresentou variabilidade genética para os caracteres silviculturais avaliados. Se em idades mais avançadas, para estes e outros caracteres, as variações genéticas não forem significativas, deve-se introduzir indivíduos de procedências/progênies diferentes visando aumentar a variabilidade genética desta população.

**Palavras-chave:** *Pinus maximinoi*; variabilidade genética; pomares de sementes.