

Engenharia Florestal

**Pré-melhoramento de *Cordia trichotoma* pela avaliação de progênes via análises morfológicas de crescimento inicial e moleculares.**

Otavio Jeronimo Silva - 10º módulo de Engenharia Florestal, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq

Adelson Lemes da Silva Júnior - Coorientador Pós-Doutorando em Engenharia Florestal/ESAL, DCF, UFLA

Gabriel Henrique de Assis Bernini - 10º módulo de Engenharia Florestal, UFLA, bolsista PIBIC/FAPEMIG

Lavinia Barbosa Oliveira - Doutoranda em Engenharia Florestal/ESAL, DCF, UFLA

Lucas Amaral de Melo - Coorientador - Docente, Professor DCF, UFLA

Dulcineia de Carvalho - Orientadora – Docente, Professora DCF, UFLA - Orientador(a)

**Resumo**

A espécie conhecida popularmente como louro-pardo [*Cordia trichotoma* (Vellozo) Arrabida ex Steudel] possui potencial para a produção de madeira e para plantios de restauração florestal, porém, são escassos os trabalhos de melhoramento genético com a espécie. Portanto, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para os caracteres de crescimento inicial e prospectar marcadores moleculares ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) para a avaliação em progênes de *C. trichotoma*. O teste de progênes foi implantado no ano de 2020, na fazenda Palmital pertencente a Universidade Federal de Lavras, no município de Ijaci-MG. O experimento está disposto em delineamento de blocos casualizados (DBC), com 10 repetições e uma planta por parcela. Aos 30 e 36 meses foram avaliados os caracteres altura (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e sobrevivência (SOB%). As análises foram realizadas via modelos mistos REML/BLUP com auxílio do software Selegen, modelo 19. Para cada caráter foi avaliado a significância via análise de deviance e, posteriormente, estimadas a variância genética, a herdabilidade, a acurácia seletiva e o ganho esperado com a seleção. Visando a continuidade desse estudo e a caracterização genética via marcadores moleculares dos indivíduos de maiores valores genéticos, foram selecionados aleatoriamente quatro indivíduos para a prospecção dos marcadores ISSR. Foram coletadas amostras de tecido foliar e extraído o DNA genômico pelo método CTAB. As amostras de DNA foram submetidas a reações em cadeia da polimerase (PCR), utilizando 12 primers ISSR. A média do caráter ALT variou de 4,41 a 5,60 m, o DAP foi de 8,03 a 10,02 cm e a SOB se manteve em 86,07%, aos 30 e 36 meses, respectivamente. A estimativa da variância genética foi significativa apenas para o DAP aos 36 meses. A herdabilidade resultou em 28% e a acurácia seletiva foi de 65%, ou seja, ambas de moderada magnitude, permitindo a identificação de progênes superiores. O ganho esperado com a seleção de 20% das melhores progênes foi de 1,53 cm. Adicionalmente, foram selecionados seis primers por possuírem locos polimórficos, além de serem nítidos e bem definidos. Esses resultados inferem sobre a obtenção de ganhos com a seleção para o caráter avaliado, porém, salienta-se que a continuidade do estudo visando a genotipagem dos indivíduos de melhores valores genéticos, por meio da utilização dos primers ISSR, permitirá a definição de estratégias eficazes de manutenção e manejo dos materiais genéticos.

Palavras-Chave: louro-pardo, marcadores moleculares, parâmetros genéticos.

Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/jTPi5xfy3h8>