



Divergencia genética entre progenies de *Cordia trichotoma* en una plantación mixta con *Dalbergia nigra*

Genetic divergence in *Cordia trichotoma* progenies in a multiple cropping system with *Dalbergia nigra*

Wanderley dos Santos^{1*}, Bruno Marchetti de Souza¹, Daniele Fernanda Zulian¹, Gilberto Terra Ribeiro Alves²,
Mário Luiz Teixeira de Moraes³, Valderês Aparecida de Sousa⁴ y Ananda Virginia de Aguiar⁴

1 Universidade Estadual Paulista "Júlio Mesquita Filho". Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

2 Profesionista independente.

3 Universidade Estadual Paulista "Júlio Mesquita Filho". Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimento e Sócio Economia. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Ilha Solteira, São Paulo, Brasil.

4 Pesquisadora Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA Florestas. Colombo, Paraná, Brasil.

* Autor de correspondencia.
wanderley.dossantos@hotmail.com

RESUMEN

Cordia trichotoma es una especie nativa que está siendo evaluada para diferentes sistemas forestales. El hecho de que los individuos empleados en las plantaciones posean algún grado de mejoramiento genético tiene muchas ventajas; para lograr este mejoramiento es fundamental la obtención de genotipos superiores, a fin de obtener un mejor rendimiento del producto final. El objetivo del presente estudio fue estimar la divergencia genética de progenies de *C. trichotoma* en dos diferentes condiciones de textura de suelo, por medio de caracteres fenotípicos. El diseño experimental fue bloques completos al azar, un árbol por parcela con 40 (área 1) y 34 (área 2) repeticiones, con espaciamiento de 3,0 m × 3,0 m. Los caracteres evaluados fueron: diámetro a altura del pecho, altura total de plantas, diámetro de cuello y altura del primer verticilo. Para estimar la divergencia genética y el agrupamiento de Tocher fue utilizado el método REML/BLUP. Las distancias entre las progenies en el área 1 fueron de 2,13 y 47,74 (17 y 15), en el área 2 las distancias entre las progenies fueron de 3,64 (9 y 15) y 48,28 (12 y 7). Las progenies formaron diez y cuatro grupos distintos (área 1 y área 2). Los caracteres que más contribuyeron para divergencia genética fueron diámetro a la altura del pecho-2016 (14,65%) área 1, y altura total de plantas-2014 (14,32%) área 2. Las progenies de *C. trichotoma* presentaron alta divergencia genética. En programas de mejoramiento, se recomienda el cruzamiento entre progenies de los grupos más divergentes para priorizar la ganancia con selección de los genotipos más productivos.

PALABRAS CLAVE: análisis multivariado, distancia genética, genética cuantitativa, louro-pardo, optimización de Tocher.

ABSTRACT

Cordia trichotoma is a Brazilian species that has been studied for different forest systems. However, genetic breeding programs could highly improve species use. To obtain a better yield, it is essential to identify the species genotypes with superior performance. Thus, the work objective of this work was to estimate genetic divergence in two *C. trichotoma* progenies tests based on phenotypic traits. The experimental design adopted was the randomized blocks, one plant per plot, using 40 (area one) and 34 (area two) repetitions, using 3.0 m × 3.0 m spacing. The evaluated traits were diameter at 1.30 m above the soil (DBH-cm), total height (HT-m), collar diameter at 30 cm above the ground (DC-cm), and height of the first whorl (HFW-cm). The estimate of genetic divergence and the Tocher clustering method was performed using the REML / BLUP method. The genetic distances between the progenies in area 1 were 2.13 and 47.74 (17 and 15). In area two the genetic distances between the progenies were 3.64 (9 and 15) and 48.28 (12 and 7). The progenies formed 10 and 4 distinct groups, respectively, in area 1 and area 2). The traits that most contributed to genetic divergence were DBH-2016 (14.65%) in area one, and HT-2014 (14.32%) in area two. In summary, the *C. trichotoma* progenies show high genetic divergence. Regarding breeding programs, it is recommended to cross progenies from the most divergent groups to heighten the genetic gain through the selection of more productive genotypes.

KEYWORDS: multivariate analysis, genetic distance, quantitative genetics, louro-pardo, Tocher optimization.

INTRODUCCIÓN

Cordia trichotoma (Vell.) Arrabida ex Steud., popularmente conocida como louro-pardo, es una especie nativa que está siendo evaluada en plantaciones forestales para formar sistemas silvopastoriles, agroforestales y plantaciones comerciales puras. El potencial económico de la especie puede ser comprobado por su desempeño en crecimiento, que puede llegar hasta 35 m de altura, diámetro a la altura de pecho superior a 100 cm y fuste de hasta 15 m de altura (Ministério do Meio Ambiente [MMA], 2011). No hay información del uso comercial de la madera, sin embargo, algunos trabajos destacan que puede ser empleada en mueblería, embarcaciones, barriles, marcos, etc (Correa y Gonçalves, 2012). La plantación de *C. trichotoma* en diversos sistemas de plantación presenta más ventajas cuando los individuos tienen algún grado de mejoramiento genético. Por ello, es fundamental la obtención de genotipos superiores para integrar estos sistemas, a fin de obtener un mejor rendimiento del producto final (Santos *et al.*, 2016).

Para la identificación de individuos superiores es necesario el desarrollo de programas de mejoramiento genético para cada especie. El procedimiento adecuado para iniciar un programa de mejoramiento es a partir de ensayos de procedencias o progenies. De esa manera, redes de ensayos experimentales son establecidas para la caracterización de la diversidad genética de la población de mejora, con la que se dimensiona la diversidad genética de la población probada y sirve como guía para la adopción de estrategias adoptadas (Cruz, 2006). Esta caracterización es extremadamente importante para una selección adecuada de los individuos superiores. De esta forma, se garantizan la diversidad existente en una población, el progreso genético y la obtención de genotipos productivos (Cui, Thomas, Carter, Joseph y Randy, 2001). En un programa de mejoramiento genético, la población base debe presentar variabilidad genética y valores medios de los caracteres productivos de interés económico a ser mejorados (Negreiros, Bergo, Migueloni y Pereira, 2013). La identificación de genotipos superiores con base en la divergencia genética es la estrategia más adecuada para

iniciar un programa de mejoramiento (Cruz y Carneiro, 2003). Sin embargo, es importante resaltar que es más efectivo realizar cruzamientos entre genotipos altamente divergentes y que presenten buen potencial productivo (Junior, Lima, Araújo, Lima y Lima, 2014). Posterior a la obtención de la divergencia genética entre los pares de progenies es importante utilizar métodos de aglomeración para separarlos en grupos. El método de optimización de Tocher se constituye en un método de agrupamiento simultáneo y tiene el criterio de presentar la distancia media dentro de los grupos siempre menor que la distancia media entre los grupos (Cruz, Regazzi y Carneiro, 2004, Cruz y Carneiro, 2003).

OBJETIVOS

Los objetivos del estudio fueron evaluar la divergencia genética entre progenies de *Cordia trichotoma* en dos diferentes condiciones de textura de suelo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Semillas provenientes de polinización abierta de 30 árboles matrices de *Cordia trichotoma* fueron recolectadas en la reserva de la Empresa Vale y en pequeños fragmentos forestales localizados entre los municipios de Sooretama-ES, Brasil (19°11'22,91"S, 40° 5'50,48"W) y Linhares-ES, Brasil (19° 23' 40,71" S, 40° 3' 51,40" W). Las semillas recolectadas fueron germinadas en vivero y plantadas en campo en dos áreas con diferente textura de suelo y en un sistema mixto con progenies de *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth. en junio de 2012 en Sooretama, Espírito Santo, Brasil. El municipio de Sooretama-ES se encuentra en la zona natural de tierras calientes, planas y secas. El clima, de acuerdo con la clasificación de Köppen- Geiger y Af, es tropical caliente húmedo con lluvias en el verano e invierno seco (Alvares *et al.*, 2013). El índice pluviométrico es de 1200 mm/año y la temperatura media es 23,4 °C. El relieve es predominantemente plano (Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica y Extensão Rural [Incaper], 2013).

El diseño experimental fue bloques completos al azar, un árbol por parcela con espaciamiento de 3,0 m × 3,0 m



entre las especies y 6,0 m × 6,0 m entre la misma especie. En el área 1 el suelo es arenoso y se realizaron 40 repeticiones. En el área 2 el suelo es arcilloso y se realizaron 34 repeticiones.

Los árboles de las dos áreas fueron medidos anualmente desde el 2013 (12 meses) hasta 2016 (48 meses), los caracteres evaluados fueron: altura de plantas (ALT; m), altura del primer verticilo (APV; m), diámetro de cuello (DC; cm a 30 cm del suelo) y diámetro a la altura del pecho (DAP; cm a 1,30 m del suelo).

Para obtener divergencia genética, se estimaron los componentes de la varianza y los parámetros genéticos (Santos *et al.*, 2020), se obtuvieron mediante el método REML / BLUP (máxima verosimilitud restringida / mejor predicción lineal insesgada), utilizando datos no balanceados y el software genético-estadístico SELEGEN®-REML / BLUP (Resende, 2007). Las pruebas de progenie de polinización abierta (medias hermanas) se realizaron considerando un diseño completo de bloques al azar, una parcela de árbol, un sitio y una sola población.

$$y = Xr + Za + e$$

donde

y = vector de datos

r = vector de los efectos de repetición (asumidos como fijos) agregados a la media general

a = vector de efectos genéticos aditivos individuales (asumidos como aleatorios)

e = vector de errores o residuos (aleatorio).

Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia de estos efectos.

La divergencia genética entre las progenies fue estimada por medio de la distancia generalizada de Mahalanobis (D^2), descrita por la expresión propuesta por Cruz y Carneiro (2003):

$$D_{ii}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

donde:

D_{ii}^2 = distancia de Mahalanobis entre los genotipos i y i'

$\delta' = [d_1, d_2, \dots, d_v]$, siendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$

Ψ = matriz de varianzas y covarianzas residuales

Y_{ij} = media del i -ésimo genotipo en relación con la j -ésima variable

Posterior a la obtención de la matriz de distancia (D^2), fue realizado el análisis de agrupamiento por el método de optimización de Tocher (Cruz y Regazzi, 2001), en el cual se adoptó el criterio de que la media de los valores de D^2 (intraclúster) debe ser menor que los valores de D^2 (interclúster). La divergencia genética fue obtenida por el método REML/BLUP, utilizándose el software genético-estadístico SELEGEN®-REML/BLUP (Resende, 2016). La contribución de los caracteres para la formación de los grupos fue obtenida con el uso del programa computacional GENES® (Cruz, 2006).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La información sobre la divergencia de un individuo candidato contribuye a la planeación futura y utilización eficiente de los recursos genéticos para potencializar y maximizar el crecimiento y rendimiento en la selección (Santos *et al.*, 2016). La distancia máxima observada entre las progenies del área 1 fue de $D^2 = 47,74$ entre las progenies 17 y 15 y la mínima fue de $D^2 = 2,13$ entre las progenies 25 y 27. Las progenies en el área 2 presentaron distancia máxima de $D^2 = 48,28$ entre las progenies 9 y 15, y la distancia mínima fue de $D^2 = 3,64$ entre las progenies 12 y 7 (Tabla 1).

Con base en los resultados, pueden ser seleccionados los individuos de las progenies más divergentes y con mayor desempeño productivo y/o mayor valor genotípico para realización de los cruzamientos controlados. Otra información importante está relacionada con la Distancia de Mahalanobis, la cual posibilita cuantificar la contribución relativa de los caracteres para la divergencia genética (Tabla 2). Eso permite conocer cuáles progenies pueden ser utilizadas como una matriz de cruzamiento y cuál carácter debe ser priorizado y puede auxiliar en la selección de progenies más promisoras en productividad. Santos *et al.* (2020) relatan, para este mismo experimento, variación

genética entre progenies de 4,72% a 19,08% para los caracteres HFT-2016 y DC-2014 en el área 1. Entre tanto, en el área 2, varió de 10,98% a 23,18% para los caracteres ALT-2016 y APV-2015. Las estimaciones del coeficiente de

variación genética individual fueron de 9,45% a 38,16% para los caracteres APV-2016 y DC-2014 en el área 1. En el área 2, varió de 21,96% a 46,36% para ALT-2016 y DAP-2015, respectivamente.

TABLA 1. Distancias de Mahalanobis (D^2) en las áreas 1 y 2 para el diámetro a la altura del pecho (DAP; cm), altura de planta (ALT; m), diámetro de cuello (DC; cm) y altura del primer verticilo (APV; cm) en progenies de *Cordia trichotoma*.

D^2 de Mahalanobis									
Distancias Área 1					Distancias Área 2				
Prog.	Mayor	Prog.	Menor	Prog.	Prog.	Mayor	Prog.	Menor	Prog.
23	34,71	15	9,89	21	8	35,33	25	5,73	5
19	39,35	15	9,01	2	19	41,45	16	11,38	10
7	31,50	17	5,12	2	7	38,24	9	3,64	12
24	35,81	17	4,42	14	27	38,24	26	6,66	23
21	29,56	17	6,65	27	21	37,77	9	8,70	28
4	23,27	8	4,05	16	4	33,04	15	4,53	14
27	29,59	15	2,13	25	11	43,39	9	7,73	3
11	39,83	17	9,17	14	12	32,42	25	3,64	7
18	36,02	9	10,87	7	23	32,25	25	5,61	10
12	24,57	17	4,76	4	15	48,28	9	25,45	22
28	46,66	20	16,65	12	25	39,45	15	16,38	18
22	34,95	15	4,80	24	17	40,46	29	13,93	20
8	32,74	1	6,49	5	13	39,92	15	5,89	5
25	27,38	15	2,13	27	3	35,18	25	6,12	14
17	47,74	15	13,50	16	2	34,64	25	5,07	7
13	26,03	18	5,86	16	26	38,24	27	12,08	2
3	36,02	9	8,46	12	10	28,36	25	5,61	23
20	38,77	17	13,23	27	14	28,76	15	4,53	4
2	26,10	15	5,12	7	6	34,21	15	4,86	7
26	33,89	20	7,25	13	9	48,28	15	19,98	14
10	39,66	15	8,01	22	5	32,55	9	5,73	8
14	26,16	3	4,42	24	16	41,45	19	9,43	22
6	33,94	15	6,64	24	1	39,20	25	5,76	10
9	38,35	11	10,68	21	29	40,46	17	9,04	6
5	31,66	6	6,49	8	30	39,71	15	10,07	28
16	24,37	19	4,05	4	20	40,84	15	8,01	10
1	34,35	20	9,08	7	18	33,73	15	7,25	5
29	29,76	17	7,66	14	28	31,93	25	8,49	2
30	35,29	20	5,61	12	22	28,08	25	6,75	5
Máximo: 47,74 Progenies: 17 y 15					Máximo: 48,28 Progenies: 9 y 15				
Mínimo: 2,13 Progenies: 25 y 27					Mínimo: 3,64 Progenies: 12 y 7				



TABLA 2. Contribución relativa de los caracteres a la divergencia en las áreas 1 y 2 para los caracteres: diámetro a altura del pecho (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diámetro de cuello (DC-cm) y altura del primer verticilo (APV-cm) en progenies de *Cordia trichotoma*.

Área 1		Área 2	
Variable	%	Variable	%
ALT- 2013	10,35	ALT- 2013	11,55
DC-2014	7,65	DC-2014	10,64
ALT-2014	10,05	ALT-2014	14,32
APV-2014	9,77	APV-2014	9,36
DAP-2015	7,62	DAP-2015	6,35
ALT-2015	11,35	ALT-2015	8,2
APV-2015	9,69	APV-2015	10,47
DAP- 2016	14,65	DAP-2016	9,76
ALT-2016	7,36	ALT-2016	11,36
APV-2016	11,51	APV-2016	7,99

El DAP-2016 fue el que más contribuyó a la divergencia (14,65%) y el DC-2014 fue el que menos contribuyó (7,65%), en el área 1. En el área 2, la ALT-2014 fue la que más contribuyó a la divergencia (14,32%) y el DAP-2015 (6,35%) fue el que menos contribuyó a la divergencia. Los demás caracteres también registraron participación funcional en la divergencia de las progenies. Las estimativas de correlaciones genéticas confirmaron asociaciones positivas significativas entre todos los caracteres, excepto para HFT-2014 e DBH-2015 en el área 2. El mayor valor fue observado entre los caracteres DAP-2016 y H-2015 en las dos áreas (0,82 área 1 y 0,93 área 2). El HFT-2015 tiene asociaciones negativas con H-2014 (-0,07) y DBH-2015 (-0,13) (Santos *et al.*, 2020). Kumar, Ravichandran, Dobhal y Kumar (2016) encontraron que el DAP fue el de mayor contribución (23,02%), seguido por DC (22,54%) y el diámetro de copa fue el de menor contribución (6,3%). Singh (1981), basado en D^2 de Mahalanobis, considera de menor importancia caracteres que expresan menor variabilidad. Se sugiere, en este caso, que se descarten los caracteres que presentaron la menor contribución a la divergencia como el DC-2014 (7,65%) en el área 1 y DAP-2015 (6,35%) en el área 2 (Tabla 2). El gran interés en la evaluación de la importancia relativa de los caracteres reside

en la posibilidad de descartar caracteres con poca contribución a la discriminación del material evaluado, disminuyendo mano de obra, tiempo y costo invertidos en la experimentación (Alves, García, Cruz y Figueira, 2003; Correa y Gonçalves, 2012). Eso garantizará la elección del carácter más adecuado con la finalidad de mejoramiento. Santos *et al.* (2020) relataron ganancia genética a partir de DAP a los cuatro años de edad, en ambas áreas, siendo de 5,72% a 15,45%. La mayor intensidad de selección (2,5%) mostró pequeña población de tamaño efectivo (7,15) y diversidad genética (0,09) en área 1 y en área 2 ($= 6,57$ y $D = 0,08$).

Informaciones sobre las medias y coeficiente de variación ($CV\%$) son base para formación de los grupos y pueden también auxiliar al mejorador, al detectar la divergencia entre grupos (Tabla 3). Los grupos formados por las progenies del área 1 presentaron las medias superiores para todos los caracteres. El grupo tres presentó valores medios más altos para altura (677,08 cm) y diámetro de copa (392,71cm) y mantuvo el mayor valor medio (187,04) sobre los valores medios de todos evaluados en el agrupamiento de Tocher (Tabla 3), lo que indica el desempeño superior de la progenie 33 del grupo 3.

TABLA 3. Medias generales ($\hat{m}$), coeficiente de variación ($CV\%$) intergrupos y agrupamiento de Tocher a partir de las distancias genéticas de Mahalanobis en las áreas 1 y 2 para el diámetro a la altura delpecho (DAP-cm), altura de planta (ALT-m), diámetro del cuello (DC-cm) y altura del primer verticilo (APV-cm) en progenies de *Cordia trichotoma*.

Área 1			Medias para cada grupo									
Grupos	Progenies	Total	ALT 2013	DC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	7 24 21 4 27 18 12 22 8 25 13 2 26 14 5 16 29 30	18	0,74	41,36	1,83	0,28	4,65	2,99	0,42	5,07	3,46	0,56
2	9 1	2	0,70	46,44	1,79	0,32	4,55	2,61	0,49	4,95	3,04	0,60
3	3 10	2	0,87	41,01	1,74	0,24	4,78	2,96	0,36	5,44	3,33	0,46
4	23 28	2	0,76	40,57	1,95	0,34	4,19	3,06	0,43	5,27	3,49	0,61
5	11	1	0,66	44,93	2,11	0,26	4,86	3,16	0,34	5,41	3,95	0,48
6	19	1	0,81	46,06	2,07	0,31	4,41	2,96	0,52	5,15	3,65	0,68
7	20	1	0,91	46,08	2,42	0,31	5,58	3,71	0,44	5,69	4,02	0,54
8	6	1	0,71	44,91	1,85	0,24	5,61	3,32	0,53	5,91	3,81	0,71
9	17	1	0,89	47,05	2,02	0,29	5,12	3,16	0,42	5,15	3,36	0,79
10	15	1	0,79	54,38	2,03	0,34	5,79	3,51	0,41	6,47	4,01	0,49
$\hat{m}$			0,76	42,81	1,88	0,28	4,74	3,03	0,43	5,22	3,51	0,57
CV (%)			62,08	55,11	47,1	72,7	58,3	46,61	72,01	55,35	40,36	75,66
Total		30										
Área 2			Medias para cada grupo									
Grupos	Progenies	Total	ALT 2013	DC 2014	ALT 2014	APV 2014	DAP 2015	ALT 2015	APV 2015	DAP 2016	ALT 2016	APV 2016
1	8 19 7 27 21 4 11 12 23 17 13 3 2 26 10 14 6 5 16 1 29 30 20 18 28 22	27	0,77	36,33	1,87	0,31	3,53	2,54	0,52	3,92	2,99	0,55
2	25	1	0,58	38,14	1,96	0,35	3,83	2,87	0,76	4,52	4,33	0,71
3	9	1	0,96	42,76	2,35	0,46	3,91	2,85	0,89	4,21	3,29	0,95
4	15	1	0,82	38,82	1,78	0,31	3,71	2,33	0,32	3,86	3,87	0,42
$\hat{m}$			0,77	36,68	1,89	0,32	3,55	2,55	0,53	3,94	3,06	0,56
CV (%)			60,99	57,02	48	64,99	67,4	53,81	66,78	64,71	62,78	66,01
Total		30										

El empleo del método de optimización de Tocher, basado en las distancias de Mahalanobis (D^2), posibilitó la formación de 10 grupos (área 1) y cuatro grupos (área 2), con concentración de aproximadamente 60% y 90% de las

progenies en un único grupo (grupo 1) en las áreas 1 y 2, respectivamente (Tabla 3). Los demás grupos fueron formados por máximo dos progenies para el área 1. Costa *et al.* (2016) estudiando progenies de *Eucalyptus camaldulensis*



Dehnh por el método de Tocher, considerando la distancia de Mahalanobis, obtuvo la formación de 14 grupos diferentes. Donde aproximadamente 86% de las progenies se agruparon como parte del grupo 1, siendo el grupo más divergente el grupo 14 con una progenie. Coser, Motoike, Corrêa, Pires y Resende (2016), estudiando 52 progenies de *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. Mart, observaron la formación de cuatro grupos, de los cuales el primer grupo reunió 92% de las progenies y el grupo 4 apenas una progenie. Kumar *et al.* (2016) mencionan la formación de siete grupos para clones de *Dalbergia sissoo* Linn., el grupo 1 compuesto por 25 clones, grupo 2 con cuatro clones, seguido por el grupo 4 con tres clones, y los dos grupos restantes solo tuvieron un clon.

Existen diferencias en relación con la formación de grupos en las dos áreas, lo que puede ser resultado de la divergencia entre los individuos de la misma progenie, textura del suelo y efectos del sistema de plantío mixto con *Dalbergia nigra*. Los suelos de las dos parcelas son muy semejantes en clase de suelo, relieve y textura (Tabla 4). Así, el mayor desarrollo de los árboles en el área AN1 puede ser una consecuencia de las diferencias de manejo entre las dos parcelas, desde el plantío hasta el momento actual. Es importante recordar que los años de 2014 a 2016 fueron extremadamente atípicos en cuanto a la precipitación pluvial anual, con precipitaciones concentradas y debajo de la media histórica. Diversas plantaciones forestales fueron afectadas negativamente en la región, principalmente plantaciones nuevas. Estas plantaciones tuvieron perjuicios de *stand* (mortalidad) y crecimiento inicial (arranque).

Con todo, la progenie 15 presentó mayor divergencia en las dos áreas, seguida por la progenie nueve (Tabla 3). Esa diversidad puede estar relacionada con la segregación genética ocurrida durante la polinización abierta, el flujo génico entre los individuos y otros factores que proporcionan variación genética entre los individuos dentro de la población (Ashley, 2010). A pesar de que los individuos pertenecen a las mismas progenies, la contribución efectiva de la varianza aditiva, dominancia, epistática y epigenética son diferentes para cada evento

reproductivo y llevan a variaciones dentro de cada progenie (Resende, 2007).

La distancia de Mahalanobis, en conjunto con el método de aglomeración de Tocher, es una de las metodologías más exactas para aglomerar por criterio de clasificación los individuos, genitores o progenies en grupos. La exactitud de ese método se debe al hecho de usar los valores genéticos predichos al contrario de fenotípicos a partir de las matrices de varianzas y covarianzas (Resende, 2007). Los grupos son formados de tal manera que tengan homogeneidad dentro del grupo y heterogeneidad entre grupos (Cruz *et al.*, 2004, Bertan *et al.*, 2006). Los valores genéticos predichos son usados en lugar de los valores fenotípicos, pues contribuyen al análisis de las matrices de varianzas y covarianzas de los valores genéticos que completan el componente de distancia de Mahalanobis, permitiendo así alta precisión en la formación de los grupos por el método de Tocher (Resende, 2007).

Con la finalidad de obtener ganó genético en los ciclos subsecuentes de mejoramiento es recomendable la selección de progenies que se encuentren en grupos de mayor divergencia y que tengan mayor desempeño productivo (Ashley, 2010). De manera general, cruzamientos controlados entre individuos/progenies de grupos divergentes son indicados para aumentar la variabilidad genética (Resende, 2007). Para las progenies del área 1 (Tabla 3), deben realizarse cruzamientos entre los individuos del grupo 1 con la progenie del grupo 10, así sucesivamente para ganar diversidad genética. En el área 2, se recomienda que se haga el cruzamiento de las progenies del grupo 1 con la progenie del grupo 4 (Tabla 3). Esos cruzamientos y combinaciones son indicados para exploración de individuos intraespecíficos, en ciclos de mejoramiento, promoviendo el estudio detallado de los efectos de la capacidad de combinación específica sobre los caracteres estudiados. Nikles y Griffin (1992) relatan que la supremacía híbrida puede suceder a partir de la heterosis “*per se*”, epistaxis o complementariedad de caracteres (efecto aditivo). Todos esos efectos podrán ocurrir entre individuos de grupos divergentes (Santos *et al.*, 2016).

TABLA 4. Algunas características físicas y químicas de puntos de observación en las parcelas del ensayo con louro-pardo y jacarandá (espaciamento 4 m × 4 m) en tallones experimentales de la Reserva da Vale, Sooretama, ES.

Unidad		AN1 - 20 m de altitud, UTM 385699 m Este y 7883261 m Sur, Arcsuelo Amarillo Distrocoeso típico, horizonte A moderado, textura média/arcilloso, topo amplio y plano, ensayo en mejor condición					AN2 - 24 m de altitud, UTM 386222 m Este y 7881663 m Sur, Arcsuelo Amarillo Distrocoeso típico, horizonte A moderado. Textura média/arcillosa, topo amplio y plano, ensayo en peor condición			
Horizonte		O	Ap	BA	Bt1	Bt2	O	Ap	Bt1	Bt2
Profundidad (cm)		-1 - 0	0 - 20	20 - 35	35 - 50	50 - 85+	-1 - 0	0 - 20	20 - 50	50 - 100+
Arena gruesa		-	65	-	40	-	-	65	-	40
Arena fina	(dag kg ⁻¹)	-	12	-	17	-	-	12	-	17
Limo		-	2	-	2	-	-	2	-	3
Arcilla		-	21	-	42	-	-	21	-	39
Clase textural		-	franco arcillo arenoso	-	Arcillo arenoso	-	-	franco arcillo arenoso	-	Arcillo arenoso
CO ^I	(dag dm ⁻³)	-	0,75	-	0,23	-	-	0,69	-	0,20
P	(mg dm ⁻³)	-	0,94	-	0,51	-	-	0,66	-	0,45
pH H ₂ O		-	5,20	-	6,20	-	-	6,00	-	5,00
Ca		-	1,26	-	1,07	-	-	1,24	-	0,52
Mg		-	0,72	-	0,29	-	-	0,46	-	0,18
K		-	0,10	-	0,04	-	-	0,07	-	0,07
Al	(cmolc dm ⁻³)	-	0,18	-	0,33	-	-	0,20	-	0,84
H+Al		-	2,40	-	2,17	-	-	2,42	-	2,62
SB ^I		-	2,08	-	1,40	-	-	1,77	-	0,77
CTC ^I		-	4,48	-	3,57	-	-	4,19	-	3,39
V ^I	(%)	-	46	-	39	-	-	42	-	23
mI		-	8	-	19	-	-	10	-	52
Fe ₂ O ₃ at. sulfúrico	(dag kg ⁻¹)	-	-	-	2,79	-	-	-	-	2,72
Ki		-	-	-	1,86	-	-	-	-	1,72

^ICO = C orgánico, SB = suma de bases, CTC = capacidad de intercambio catiónico, V = saturación por bases, m = saturación por Al.



Cuando el objetivo sea la recuperación de genes de los genitores (materno y paterno), el retrocruzamiento debe realizarse, preferentemente, con progenitores más similares genéticamente (del mismo grupo). El empleo de genitores similares, diferenciados básicamente por el gen a ser transferido, permite recuperar el genitor recurrente más rápidamente (Dias y Resende, 2001; Kumar *et al.*, 2016).

Un próximo ciclo de mejoramiento genético de la especie para cualquier carácter de interés económico podrá ser realizado con cruzamientos de grupos divergentes. Esos nuevos individuos que conformarán el próximo ciclo podrán ser superiores a la media de los parentales, sea a partir del efecto de heterosis *per se*, complementariedad o heterosis funcional (Li, Howe y Wu, 1998; Lamkey, 1999). Tanto la heterosis como la capacidad específica de combinación (CEC) entre dos pares genitores divergentes dependen de la existencia de la dominancia en el control del carácter y de la presencia de divergencia (Falconer y Mackay, 1996). Para los grupos de genotipos más divergentes existe la posibilidad de evaluarse la capacidad general y específica de combinación de esas matrices, así como explorar la heterosis con base en los efectos aditivos y dominancias, con enorme posibilidad de progenies más productivas que sus parentales (Santos *et al.*, 2016; Kumar *et al.*, 2016).

CONCLUSIONES

Las progenies de *Cordia trichotoma* presentan alta divergencia genética en las dos áreas y los caracteres que más contribuyeron para divergencia genética fueron el DAP-2016 y ALT-2014 en el área 2, por tanto, esos caracteres deben ser considerados y priorizados en los cruzamientos para exploración de la heterosis.

Por el método de agrupamiento de Tocher, las progenies fueron separadas en 10 grupos en el área 1 y cuatro grupos en el área 2. Para programas de mejoramiento, se recomienda el cruzamiento entre progenies de grupos más divergentes para priorizar el ganó con selección con la exploración de cruzamientos de individuos con mayor potencial productivo.

RECONOCIMIENTOS

Los autores agradecen a la Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Empresa Vale. Empresa de Investigación Embrapa Foresta, y a los técnicos investigadores del Proyecto Biomás, Embrapa Foresta y FEIS - UNESP (Universidade Estadual Paulista em Ilha Solteira).

REFERENCIAS

- Alves R., M., García A., A., F., Cruz E., D., & Figueira, A. (2003). Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38(7), 807-818. doi: 10.1590/S0100-204X2003000700004
- Alvares, C., A., Stape, J., L., Sentelhas, P., C., Gonçalves, J., L., M. & Sparovek, G. (2013). Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift* 22, 711-728.
- Ashley M., V. (2010). Plant parentage, pollination, and dispersal: How DNA microsatellites have altered the landscape. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 29(1), 148-161. doi: 10.1080/07352689.2010.481167
- Bertan, I., Carvalho F., I., F., Oliveira A., C., Vieira E., A., Hartwig, I., Silva J., A., G., Shimidt D., A., M., Valério I., P., Busato C., C., & Ribeiro, G. (2006). Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociência*, 12(3), 279-286. doi: 10.18539/CAST.V12I3.455
- Coser S., M., Motoike S., Y., Corrêa T., R., Pires T., P., & Resende M., D., V. (2016). Breeding of *Acrocomia aculeata* using genetic diversity parameters and correlations to select accessions based on vegetative, phenological, and reproductive characteristics. *Genetics and molecular research*, 15(4), 2-11. doi: 0.4238/gmr15048820
- Costa R., B., Silva J., C., Skowronski, L., Constantino, M., Pistori, H., & Pinto J., V., C. (2016). Genetic Divergence in *Eucalyptus camaldulensis* Progenies in the Savanna Biome in Mato Grosso, Brazil. *Plos One*, 11(9), 1-9. doi: 10.1371/journal.pone.0163698
- Cruz C., D., & Regazzi A., J. (2001). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (1ª ed.). Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa.
- Cruz C., D., & Carneiro P., C., S. (2003). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (2ª ed.). Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa.
- Cruz C., D., Regazzi A., J., & Carneiro P., C., S. (2004). *Modelos biométricos aplicadas ao melhoramento genético* (3ª ed.). Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa.

- Cruz C., D. (2006). *Programa Genes: análise multivariada e simulação* (1ª ed.). Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa.
- Correa A., M., & Gonçalves M., C. (2012). Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. *Revista Ceres*, 59(2), 206-212. doi: 10.1590/S0034-737X2012000200009.
- Cui, Z., Thomas, E., Carter J., R., Joseph W., B., Randy, W. (2001). Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. *Crop Science*, 41(6), 1954-1967. doi: 10.2135/cropsci2001.1954
- Dias, L. A. S., & Resende, M. D. V. (2001). Estratégias e métodos de seleção. En L. A. S. Dias (Eds.), *Melhoramento genético do cacauzeiro* (pp. 1-39). Viçosa, Brasil: Universidade Federal de Viçosa.
- Falconer D., S., & Mackay T., F., C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4ª ed.). Harlow, Inglaterra: Longman.
- Kumar, A., Ravichandran, S., Dobhal, S., & Kumar V., D. (2016). D² Analysis for estimating genetic divergence in different clones of *Dalbergia sissoo*. *Journal of Forestry Research*, 27(5), 1085-1097. doi: 10.1007/s11676-016-0224-3
- Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural [Incaper] (2013). *Programa de assistência técnica e extensão rural proater* (2013). Recuperado por: <http://www.incaper.es.gov.br/proater/municipios/Nordeste/Sooetama.pdf>
- Lamkey, K. R. (1999). Quantitative genetics of heterosis. En Coors, J. G. Pandey, S. (Eds), *Genetics and exploitation of heterosis in crops* (pp. 31-43). Madison: American Society of Agronomy.
- Li, B., Howe, G., T., & Wu, R. (1998). Developmental factors responsible for heterosis in aspen hybrids (*Populustremuloides* × *P. tremula*). *Tree Physiology*, 18(1), 29-36. doi: 10.1093/treephys/18.1.29
- Ministério do Meio Ambiente [MMA]. (2011). *Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro - Região Sul*. Recuperado de: https://www.mma.gov.br/estruturas/sbf2008_dcbio/_ebooks/regiao_sul/Regiao_Sul.pdf
- Negreiros, J., R., S., Bergo, C., L., Migueloni, D., P., & Pereira, A., M. (2013). Divergência genética entre progênies de pupunheira quanto a caracteres de palmito. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 48(5), 496-503. doi: 10.1590/S0100-204X2013000500005
- Nikles D., G., & Griffin A., R. (1992). Breeding hybrids of forest trees: definitions, theory, some practical examples, and guidelines on strategy with tropical acacias. *Aciair Proceedings*, 1(37), 101-109.
- Resende, M., D., V. (2007). *Matemática e estatística na análise de experimento e no melhoramento genético* (1ª ed). Colombo, Brasil: Centro Nacional de Pesquisas Florestais.
- Resende, M., D., V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4), 330-339. doi: 10.1590/1984-70332016v16n4a49
- Santos, W., Araújo, E., G., Souza, D., C., L., Silva, J., R., Recco, C., R., W., B., Moraes, M., L., T., & Aguiar, A., V. (2016). Divergência genética entre progênies de polinização aberta de *Pinus caribaea* var. *bondurensis* a partir de caracteres quantitativos. *Pesquisa Florestal Brasileira*, 36(86), 127-133. doi: 10.4336/2016.pfb.36.86.920
- Santos, W., Souza, B., M., Zulian, D., F., Alves, G., T., R., Moraes, M., L., T., Sousa, V., A., Aguiar, A., V. (2020 Não Publicado, It was accepted on July 29, 2020.). Environment-genotype interaction in *Cordia trichotoma* (Vell.) Arráb. Ex Steud. Progenies in two different soil conditions. *Journal of Forestry Research*
- Singh, D. (1981). The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding*, 41(2), 237-245.

Manuscrito recibido el 16 de junio de 2020

Aceptado el 14 de enero de 2021

Publicado el 30 de diciembre de 2021

Este documento se debe citar como:

Santos, W. dos, Souza, B. M. de, Zulian, D. F., Alves, G. T. R., Moraes, M. L. T. de, Sousa, V. A. de, Aguiar, A. V. de (2021). Divergencia genética entre progenies de *Cordia trichotoma* en una plantación mixta con *Dalbergia nigra*. *Madera y Bosques*, 27(2), e2722188. doi: 10.21829/myb.2021.2722188



Madera y Bosques por Instituto de Ecología, A.C. se distribuye bajo una Licencia Creative Commons Atribución-NoComercialCompartirIgual 4.0 Internacional.