

PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. VIA  
ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS E ESTRESSE SALINO EM SEMENTES

RECIFE  
Pernambuco – Brasil  
Fevereiro – 2021

PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. VIA  
ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS E ESTRESSE SALINO EM SEMENTES

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-  
Graduação em Ciências Florestais da Universidade  
Federal Rural de Pernambuco para obtenção do  
título de Mestre em Ciências Florestais.

**Orientador:** Prof. Dr. Ricardo Gallo

**Coorientadores:** Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Eliane Cristina Sampaio de Freitas

Prof. Dr. Marcone Moreira Santos

RECIFE  
Pernambuco – Brasil  
Fevereiro – 2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

S237d

Santos, Paulo César da Silva

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. VIA ANÁLISE DIGITAL DE  
IMAGENS E ESTRESSE SALINO EM SEMENTES / Paulo César da Silva Santos. - 2020.  
112 f.

Orientador: Ricardo Gallo.

Coorientadora: Eliane Cristina Sampaio de Freitas.

Inclui referências.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciências  
Florestais, Recife, 2020.

1. Análise de imagem. 2. Variáveis morfológicas. 3. Sementes florestais. 4. Tolerância a salinidade. I. Gallo,  
Ricardo, orient. II. Freitas, Eliane Cristina Sampaio de, coorient. III. Título

CDD 634.9

---

**PAULO CÉSAR DA SILVA SANTOS**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Mimosa caesalpinifolia* Benth. VIA  
ANÁLISE DE IMAGENS E ESTRESSE SALINO EM SEMENTES**

Aprovado em: **23 de fevereiro de 2021.**

Banca examinadora:

---

Profa. Dra. Ana Lícia Patriota Feliciano  
Departamento de Ciência Florestal - Universidade Federal Rural de Pernambuco

---

Profa. Dra. Poliana Coqueiro Dias Araujo  
Departamento de Ciências Agronômicas e Florestais - Universidade Federal Rural do Semi-  
Árido

Orientador:

---

**Prof. Dr. Ricardo Gallo**  
Departamento de Ciência Florestal - Universidade Federal Rural de Pernambuco

RECIFE  
Fevereiro - 2021

*Aos meus pais, Otávio Felipe e Maria Genilda, que com amor, força e dedicação me  
instruíram no caminho do bem.*

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

Os resultados das decisões que tomamos, no decorrer do nosso percurso, fazem com que as nossas escolhas sejam tão próprias quanto as nossas características genéticas. O percurso errado, o caminho incerto... erramos em nos achar, quando achamos que nos encontramos.

Considerarei que esses quase dois anos foram uma corrida, em que cada etapa que se passava preenchia uma parte de mim. Mesmo sendo passos lentos, eram passos que eu escolhi e jamais seriam em vão. Foi um passo de cada vez até aqui e continuará assim sempre.

Agradeço a Universidade Federal Rural de Pernambuco, ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Florestais e a todos os professores, pelos conhecimentos adquiridos.

À CAPES por todo o apoio financeiro, sem tal não seria possível o andamento desta pesquisa.

Agradeço a confiança e ensinamentos do meu orientador Prof. Dr. Ricardo Gallo, pois foram imprescindíveis para a construção desse trabalho.

Agradeço aos meus pais e a minha irmã que, mesmo com toda a distância geográfica, estiveram sempre ao meu lado, presenciando todos os obstáculos e vitórias. Sem o apoio de vocês, nada ocorreria do mesmo modo. Essa vitória é nossa!

Aos meus amigos Afonso Luiz, Caio Leal, Débora Almeida, Diego Moraes, Iara Cristina, José Samuel, Leandro Dias, Marcelo Jr., Renata Vilela e Tatianne Raianne, que me ajudaram e me instigaram durante todo o percurso, muito obrigado!

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	7
<b>2. REVISÃO</b> .....	10
2.1 <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth. ....	10
2.2 Divergência genética.....	11
2.3 Morfometria de sementes.....	12
2.4 Processamento digital de imagens em sementes.....	14
2.5 Salinidade.....	15
2.6 Efeito da salinidade em sementes .....	17
<b>3. REFERÊNCIAS</b> .....	18
<b>CAPÍTULO I</b> .....	29
<b>MORFOMETRIA DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth. POR MEIO DE ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS EM ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA</b> .....	29
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	32
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	33
2.1 Área de estudo.....	33
2.2 Beneficiamento e armazenamento de sementes.....	35
2.3 Caracterização morfométrica de sementes.....	35
2.4 Análises estatísticas .....	37
<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	40
3.1 Correlações entre as medidas de paquímetro e análise de imagens.....	40
3.2 Análise univariada e correlação fenotípica .....	42
3.3 Parâmetros genéticos e correlação genotípica .....	45
3.4 Análise multivariada .....	49
<b>4. CONCLUSÕES</b> .....	54
<b>5. REFERENCIAS</b> .....	54
<b>CAPÍTULO II</b> .....	65
<b>DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth. SOB ESTRESSE SALINO</b> .....	65
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	68
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	69
2.1 Área de estudo.....	69
2.2 Beneficiamento e armazenamento de sementes.....	71

2.3 Simulação do estresse salino.....	71
2.4 Etapa I.....	71
2.4.1 Teste de germinação.....	71
2.4.2 Índice de velocidade de germinação .....	72
2.4.3 Comprimento da raiz principal e Parte aérea .....	72
2.4.4 Massa seca da raiz e parte aérea.....	72
2.5 Etapa II.....	72
2.6 Análises estatísticas .....	73
<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>76</b>
3.1 Etapa I.....	76
3.2 Etapa II.....	78
3.2.1 Correlação genética .....	78
3.2.2 Análise Multivariada .....	79
3.2.3 Parâmetros Genéticos .....	83
3.2.5 Seleção com base na produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG*MG) .....	86
3.2.6 Índice de rank médio de Mulamba e Mock .....	88
<b>4. CONCLUSÕES .....</b>	<b>90</b>
<b>5. CONCLUSÕES GERAIS .....</b>	<b>Erro! Indicador não definido.</b>
<b>6. REFERÊNCIAS .....</b>	<b>91</b>



## LISTA DE TABELAS

<b>CAPÍTULO I</b> .....	29
<b>MORFOMETRIA DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth. POR MEIO DE IMAGENS EM ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA</b> .....	29
<b>Tabela 1.</b> Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos Estados (RN: Rio Grande do Norte; CE: Ceará; PI: Piauí; PE: Pernambuco), onde foram realizadas as coletas de sementes das procedências e progênies de <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth.....	34
<b>Tabela 2.</b> Descrição das variáveis morfométricas empregadas no processamento digital de imagens em sementes de <i>M. caesalpinifolia</i> Benth. utilizando o software ImageJ® de acordo com Felix et al. (2020).....	36
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância de 7 variáveis morfométricas avaliados em 16 progênies de <i>M. caesalpinifolia</i> .....	42
<b>Tabela 4.</b> Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) para as 16 progênies de <i>M. caesalpinifolia</i> .....	46
<b>Tabela 5.</b> Agrupamento (Tocher) de distâncias euclidiana médias genéticas das 16 procedências de <i>M. caesalpinifolia</i> .....	49
<b>CAPÍTULO II</b> .....	65
<b>DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpinifolia</i> Benth. SOB ESTRESSE SALINO</b> .....	65
<b>Tabela 1.</b> Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos estados (RN: Rio Grande do Norte; CE: Ceará; PI: Piauí; PE: Pernambuco), onde foram realizadas as coletas de sementes das procedências e progênies de <i>Mimosa caesalpinifolia</i> .....	69
<b>Tabela 2.</b> Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT).....	84
<b>Tabela 3.</b> Ordenamento para as 16 progênies de <i>M. caesalpinifolia</i> aplicado aos caracteres %G: Germinação; CPA: Comprimento de parte aérea; CR: Comprimento de raiz; MSPA: Massa seca de parte aérea; MSR: Massa seca de raiz pelo índice de rank médio.....	89

## LISTA DE FIGURAS

<b>CAPÍTULO I</b> .....	29
<b>MORFOMETRIA DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpiniiifolia</i> Benth. POR MEIO DE IMAGENS EM ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA</b> .....	29
<b>Figura 1.</b> Localização das áreas de coleta de sementes das procedências e progênes de <i>Mimosa caesalpiniiifolia</i> Benth.....	33
<b>Figura 2.</b> Etapas do processamento digital de imagens para obtenção da biometria de sementes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> por meio do software ImageJ®.....	36
<b>Figura 3.</b> Representação gráfica dos parâmetros morfométricos mensurados para sementes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> Benth. utilizando o software ImageJ® .....	37
<b>Figura 4.</b> Coeficiente de correlação entre: <b>(a)</b> largura de sementes mensuradas no paquímetro (LSp) x largura de sementes mensuradas no ImageJ® (LSi) e <b>(b)</b> comprimento de sementes mensuradas no paquímetro (Csp) x comprimento de sementes mensuradas no ImageJ® (CSi) para determinar a biometria de sementes de <i>Mimosa caesalpiniiifolia</i> Benth. de procedências dos Estados brasileiros Ceará (CE), Pernambuco (PE), Piauí (PI) e Rio Grande do Norte (RN).....	41
<b>Figura 5.</b> Agrupamento das médias de 7 variáveis morfométricas avaliados em 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância. Em que: <b>a)</b> Área (AR); <b>b)</b> Perímetro (PM); <b>c)</b> Largura (LS); <b>d)</b> Comprimento (CS); <b>e)</b> Circularidade (CI); <b>f)</b> Redondeza (RE) e <b>g)</b> solidez (SO). .....	43
<b>Figura 6.</b> Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres fenotípicos de 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> analisadas por processamento digital de imagens.....	45
<b>Figura 7.</b> Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres genotípicos de 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> analisadas por processamento digital de imagens.....	48
<b>Figura 8.</b> Contribuição relativa dos caracteres para diversidade – SINGH (1981) pela distância euclidiana média genética para formação de grupos das 16 procedências de <i>M. caesalpiniiifolia</i> . Em que: Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO). .....	49
<b>Figura 9.</b> Dendrograma baseado na distância euclidiana de valores genotípicos padronizados pelo método UPGMA entre 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> . .....	50
<b>Figura 10.</b> Bitplot das 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> , com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação morfométrica de sementes. ....	51
<b>Figura 11.</b> Contribuição relativa das variáveis morfométricas das 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> para os dois primeiros componentes principais. Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO). .....	52
<b>Figura 12.</b> Gráfico <i>heatmap</i> baseado na formação dos grupos das 16 progênes de <i>M. caesalpiniiifolia</i> a partir da média genotípica padronizada. ....	53
<b>CAPÍTULO II</b> .....	65

<b>DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIAS NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE <i>Mimosa caesalpiniiifolia</i> Benth. SOB ESTRESSE SALINO</b> .....	65
<b>Figura 1.</b> Localização das áreas de coleta de sementes das procedências e progênies de <i>Mimosa caesalpiniiifolia</i> . .....	70
<b>Figura 2.</b> Gráfico <i>heatmap</i> baseado na formação dos grupos das 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> a partir da média genotípica padronizada, submetidas a níveis e fontes de salinidade. ....	77
<b>Figura 3.</b> Coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) entre as variáveis morfológicas de 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> submetidas a níveis e fontes de salinidade e água destilada. ....	79
<b>Figura 4.</b> Dendrograma baseado na distância euclidiana de valores genotípicos padronizados pelo método UPGMA entre 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> , submetidos ao estresse salino induzidos por NaCl, KCl e CaCl <sub>2</sub> e testemunha (água destilada) .....	80
<b>Figura 5.</b> Contribuição relativa das variáveis morfométricas das 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> para os dois primeiros componentes principais. Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR) ...	81
<b>Figura 6.</b> Bitplot das 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> , com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação morfométrica de sementes. ....	81
<b>Figura 7.</b> Gráfico <i>heatmap</i> baseado na formação dos grupos das 16 progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> a partir da média genotípica padronizada. ....	83
<b>Figura 8.</b> Produtividade, adaptabilidade e estabilidade de valores genotípicos (VG), de progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> conduzidos em ambientes salinos. .... <b>Erro! Indicador não definido.</b>	
<b>Figura 9.</b> Produtividade, adaptabilidade e estabilidade de valores genotípicos (MHPRVG), de progênies de <i>M. caesalpiniiifolia</i> conduzidos em ambientes salinos. ....	87

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Mimosa caesalpinifolia* Benth. VIA ANÁLISE DE IMAGENS E ESTRESSE SALINO EM SEMENTES.** 2021. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marccone Moreira Santos.

## RESUMO

A *Mimosa caesalpinifolia* Benth., conhecida popularmente como sabiá no Nordeste brasileiro, é uma espécie florestal nativa da Caatinga e pertencente à família Fabaceae. Apresenta múltiplos usos para a região semiárida, porém, são escassos os estudos referentes a variação quanto a diversidade genética através de análises morfométricas de sementes e adaptabilidade da espécie aos diferentes estresses salinos, visto que, os solos desta região apresentam elevada quantidade de sais. Assim, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar morfometricamente e identificar genótipos tolerantes ao estresse salino em sementes de *Mimosa caesalpinifolia* provenientes de diferentes procedências, visando aplicar a divergência genética em caracteres com vistas a seleção de matrizes produtoras de sementes. Para isso, foram selecionadas quatro progênies de quatro procedências distintas provenientes dos estados do Ceará, Paraíba, Pernambuco e Rio Grande do Norte, totalizando 16 progênies. A partir da morfometria de sementes foi avaliada a diversidade genética por dois métodos, o paquímetro digital (comprimento, largura e espessura) e o programa ImageJ<sup>®</sup> (área, perímetro, circularidade, largura, redondeza e solidez). Para a indução do estresse salino (Etapa I) inicialmente foi retirado uma amostra das sementes para união das quatro procedências, a fim de se obter uma amostra representativa e posterior conhecimento sobre o ponto médio de tolerância das sementes. Como soluto foram utilizados o cloreto de sódio (NaCl), cloreto de cálcio (CaCl<sub>2</sub>) e cloreto de potássio (KCl). Nos potenciais osmóticos 0,0; -0,2; -0,4; -0,6; -0,8 e -1,0 MPa. Foram avaliados a % de germinação, índice de velocidade de germinação, comprimento da raiz principal e parte aérea e massa seca da raiz e parte aérea. Após a realização das avaliações, os solutos e a dose definida foram reaplicados em cada matriz de cada procedência para identificação da tolerância ao estresse salino em nível de matriz (Etapa II). Posteriormente, realizou-se as análises de correlação entre os métodos (Paquímetro x ImageJ<sup>®</sup>), correlação fenotípica e genotípica entre as variáveis morfométricas e análises de variância uni e multivariada. Para o experimento de salinidade realizou-se análises de correlações genéticas, análises multivariadas e avaliação de produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método MHPRVG. O processamento digital de imagens se mostrou eficiente para discriminar as diferenças morfométricas entre as procedências estudadas, assim,

a análise de imagem apresenta-se como uma ferramenta útil para diferenciação morfométrica e seleção de genótipos produtores de sementes em estudos de divergência e melhoramento genético desta espécie. As sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. são sensíveis a salinidade causada pela redução do potencial hídrico, em que, o índice de ranking médio possibilitou a seleção da PG6, PG15, PG8, PG5 e PG14 como as progênies que apresentam os melhores desempenhos de produtividade, adaptabilidade e estabilidade, em todos os ambientes avaliados.

**Palavras-chave:** Análise de imagem; Variáveis morfológicas; Sementes florestais; Tolerância a salinidade;

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **GENETIC DIVERGENCE IN PROGENIES OF *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. VIA ANALYSIS OF IMAGES AND SALINE STRESS IN SEEDS.** 2021. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisor: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marcone Moreira Santos.

### ABSTRACT

*Mimosa caesalpiniiifolia* Benth., Popularly known as thrush in northeastern Brazil, is a forest species native to the Caatinga and belonging to the Fabaceae family. It has multiple uses for the semiarid region, however, there are few studies on variation in genetic diversity through seed morphometric analysis and adaptability of the species to different saline stresses, since the soils in this region have a high amount of salts. Thus, the objective of the present work was to characterize morphometrically and to identify genotypes tolerant to salt stress in *Mimosa caesalpiniaefolia* seeds from different origins, aiming to apply genetic divergence in characters, with a view to the selection of seed producing matrices. For this, four progenies from four different origins were selected, from the states of Ceará, Paraíba, Pernambuco and Rio Grande do Norte, totaling 16 progenies. From the seed morphometry, genetic diversity was evaluated by two methods, digital caliper (length, width and thickness) and the ImageJ® program (area, perimeter, circularity, width, roundness and solidity). For the induction of saline stress (Step I). initially a sample of the seeds was taken, to join the four sources in order to obtain a representative sample and later knowledge about the average point of tolerance of the seeds. As a solute, sodium chloride (NaCl), calcium chloride (CaCl<sub>2</sub>) and potassium chloride (KCl) were used. In osmotic potentials 0.0; -0.2; -0.4; -0.6; -0.8 and -1.0 MPa. The germination%, germination speed index, length of the main root and aerial part and dry mass of the root and aerial part were evaluated. After carrying out the evaluations, the solutes and the defined dose were reapplied in each matrix of each source, to identify tolerance to salt stress at the matrix level (Step II). Subsequently, the correlation analyzes between the methods (Pachymeter x ImageJ®), phenotypic and genotypic correlation between the morphometric variables and univariate and multivariate analysis of variance were performed. For the salinity experiment, analyzes of genetic correlations, multivariate analyzes and evaluation of productivity, stability and adaptability were performed using the MHPRVG method. Digital image processing proved to be efficient to discriminate the morphometric differences between the studied origins, thus, the image analysis presents itself as a useful tool for morphometric differentiation and selection of seed producing genotypes in studies of

divergence and genetic breeding of this species. *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth seeds. are sensitive to salinity caused by the reduction of water potential, in which the average ranking index made it possible to select PG6, PG15, PG8, PG5 and PG14 as the progenies that present the best productivity, adaptability and stability performances in all evaluated environments.

**Keywords:** Image analysis; Morphological variables; Forest seeds; Tolerance to salinity.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

As espécies tropicais apresentam ampla variabilidade com relação aos caracteres morfométricos de frutos e sementes. As avaliações morfométricas demonstram-se de grande relevância para os estudos de conservação e propagação, pois são fundamentais para determinar diversidade genética dentro e entre populações, como também, as relações com os fatores edafoclimáticos (COSTA et al., 2016; GONÇALVES et al., 2013), diferenciação de espécies do mesmo gênero (ALVES et al., 2007). Subsidiando assim, informações importantes para caracterização ecológica (ROVERI NETO; PAULA, 2017a) e o estabelecimento de plântulas.

Assim, surgem a necessidade de traçar estratégias que otimizam a uniformização da germinação e vigor de plântulas, obtendo-se mudas de tamanhos semelhantes e com maior vigor. Estas estratégias podem ser estabelecidas pela classificação de sementes por tamanho ou peso, resultando em lotes com qualidade superior (CARVALHO; NAKAGAWA, 2012; SILVA et al., 2010). No entanto, a fenotipagem de plantas pelos métodos tradicionais, que envolvem basicamente as medidas de peso e tamanho, limitam-se a análise de poucas variáveis, demandam maior tempo, podem não discriminar características complexas (MATSUDA et al., 2012) e apresentam maior erro experimental por serem realizadas manualmente (ROSCHER et al., 2014).

Novas técnicas, como a análise digital de imagens, permitem aumentar a precisão das medições, reduzir o tempo da análise e, portanto, são consideradas mais eficientes do que as técnicas tradicionais (FELIX et al., 2020; KAPADIA; SASIDHARAN; KALYANRAO, 2017).

O uso de análises computadorizadas em imagens constitui uma das alternativas inovadoras de fenotipagem digital que permite avaliar características físicas e morfológicas (WIWART et al., 2019) relacionadas à geometria, cor, forma e textura das sementes (ANDRADE et al., 2016; GRANITTO; VERDES; CECCATTO, 2005) a fim de quantificar a diversidade genética (KRAUSE et al., 2017) e caracterizar genótipos procedentes de diferentes locais. Essas informações são de fundamental importância nos programas de melhoramento genético, pois com a análise de sementes será possível identificar combinações híbridas que possam produzir elevados efeitos heteróticos, como também, maior variabilidade genética nas gerações segregantes (GONÇALVES et al., 2009; ROCHA et al., 2009).

Diversos estudos estão sendo conduzidos para avaliar a divergência genética de sementes por meio da análise digital de imagens, principalmente para espécies agrônomicas



(BAEK et al., 2020; PINTO et al., 2018; ROSCHER et al., 2014; SAU et al., 2019; WIWART et al., 2019). No entanto, no âmbito florestal essa técnica ainda é pouco investigada (FELIX et al., 2020).

Os estudos morfométricos destacam-se na avaliação da variabilidade dos caracteres morfológicos para espécies nativas, de modo que essa variação física de tamanho, determinada pelo genótipo, é influenciada diretamente pelas condições abióticas durante sua formação (BRAGA et al., 2007; NOBRE et al., 2015). Dentre as condições abióticas é possível destacar a salinidade e sodicidade, condições frequentemente constatadas em solos tropicais, afetando aspectos fisiológicos, morfológicos e bioquímicos das plantas (DEUNER et al., 2011).

Em regiões semiáridas, onde se observa a ocorrência natural da espécie em estudo, os solos frequentemente apresentam elevada quantidade de sais devido à baixa precipitação pluviométrica média anual associada à altas taxas de evaporação, uma vez que os sais não são lixiviados e acumulam-se no solo acarretando em diversos problemas para a germinação, estabelecimento e crescimento das plantas (HOLANDA et al., 2007; VASCONCELOS et al., 2013). Diante disso, conhecer a tolerância das espécies em relação ao seu cultivo é de extrema relevância para a propagação, adaptação e perpetuação das espécies.

Para que o processo de germinação ocorra é necessário que existam condições ambientais favoráveis de oxigênio, luminosidade, temperatura e disponibilidade hídrica (CARVALHO; NAKAGAWA, 2012). Entretanto, essas condições não são suficientes quando as sementes são submetidas a condições adversas, como é o caso de substratos salinizados.

Os sais afetam o crescimento das plantas em diferentes estágios de desenvolvimento, contudo, os processos de germinação, emergência e crescimento inicial, são as fases mais afetadas pela salinidade (GUIMARÃES et al., 2013). O alto teor de sais pode inibir a germinação através do impedimento da absorção de água devido aos efeitos tóxicos dos íons de  $\text{Na}^+$  e  $\text{Cl}^-$  em excesso, ocasionando a limitação da disponibilidade hídrica no solo, o atraso e a redução no número de sementes germinadas (ARAUJO et al., 2016; BRAGA; SOUSA; ALMEIDA, 2009), perdas no transporte e acumulação de reservas, resultando em baixa viabilidade e vigor das sementes, além de ter o seu processo de deterioração acelerado (SILVA et al., 2016).

Para avaliar a tolerância das plantas ao excesso de sais, um dos métodos mais difundidos no meio científico é a observação da porcentagem de germinação das sementes e o desenvolvimento inicial de plântulas através do uso de substratos contendo soluções salinas.

A redução do poder germinativo, comparado ao controle, serve como um indicador do índice de tolerância da espécie à salinidade (TAIZ et al., 2017). Entretanto, essa resposta a tolerância ao estresse pode variar com relação a espécies, os estágios de desenvolvimento e os genótipos (TESTER; DAVENPORT, 2003). Desta forma, conhecer o comportamento dos diferentes genótipos e seus mecanismos fisiológicos de tolerância é essencial para o entendimento dos efeitos do estresse, de forma a viabilizar a propagação de plantas em ambientes salinizados.

Devido à falta de informações em nível de genética de populações, manejo sustentável de recursos e em virtude das propriedades de resistência e durabilidade da madeira, a *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. tem sido explorada de forma indiscriminada, sendo incluída na lista de espécies vulneráveis do *World Conservation Monitoring Centre* (IUCN) e encontrando-se em alto risco de extinção a médio prazo de populações naturais.

Assim, o desenvolvimento de protocolos que visam a manutenção da variabilidade genética em populações naturais, como também a avaliação do comportamento das espécies em substratos salinos, com intuito de selecionar plantas tolerantes aos sais representam uma alternativa viável para a conservação, propagação e perpetuação da espécie, tendo em vista seu grande potencial econômico para as regiões semiáridas.

No capítulo I, especificamente, avaliou-se a divergência genética entre progênies de *Mimosa caesalpiniiifolia* a partir dos caracteres morfométricos medidos por meio do processamento digital de imagens. No capítulo II avaliou-se diferentes progênies de *Mimosa caesalpiniiifolia* tolerantes ao estresse salino, a fim de estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos esperados com a seleção, como também avaliar a interação genótipo x ambiente, a fim de selecionar progênies de *Mimosa caesalpiniiifolia* tolerantes ao estresse salino, visando estudos de divergência genética.

## 2. REVISÃO

### 2.1 *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth.

A *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. conhecida popularmente por sabiá ou sansão-do-campo é uma espécie pertencente à família Fabaceae e a subfamília Mimosoideae, nativa da Caatinga (MAIA, 2004). É uma arbórea pioneira, decídua, heliófila, xerófila com ocorrência preferencialmente em solos profundos e alta capacidade de regeneração e resistência à seca (BALBINOT et al., 2010; CARVALHO, 2007). Ocorre naturalmente na região nordeste do Brasil, distribuindo-se do Maranhão até a Bahia. Além de ter sido introduzida com êxito nas regiões Norte, Sul, Sudeste e Centro-oeste do país (BRAGA et al., 2007; RIBASKI et al., 2003).

A espécie varia de arbusto a árvore perenifólia podendo alcançar até 10 metros de altura, com tronco de 20-30 cm de diâmetro revestido por casca com ritidoma escamoso de aspecto entouceirado e boa capacidade de rebrota. Suas folhas são alternas, bipinadas com 4 a 6 pinas opostas, onde cada pina é constituída de 4 a 8 folíolos elípticos e ovais, (CARVALHO, 2007; LIMA, 2012; RIBASKI et al., 2003).

Suas flores são bissexuais, brancas, pequenas e suavemente perfumadas dispostas em forma de espigas cilíndricas, medindo de 5 a 10 cm de comprimento axilares e ordenadas em panículas terminais (CARVALHO, 2007; LIMA, 2012; RIBASKI et al., 2003). Seu fruto é do tipo craspédio de cor castanho, segmentado em 5 a 9 artículos unisseminados, quadrangulares ou retangulares, presos por dois filamentos fibrosos laterais (LIMA, 1985; MAIA, 2004; RIBASKI et al., 2003).

As sementes de *Mimosa caesalpiniiifolia* apresentam dormência tegumentar com formato variando de obovóide a oblonga e orbicular, com 5,1 a 5,9 mm de comprimento por 4,4 a 6,3 mm de largura e 1,3 a 1,8 mm de espessura, de superfície dura e lisa e tegumento variando de castanho-claro a marrom (ALVES et al., 2004; MAIA, 2004; RIBASKI et al., 2003). É uma espécie monóica, tendo como vetores de polinização essencialmente a abelha africanizada *Apis mellifera* (NORONHA, 1997) e diversos insetos pequenos. A dispersão dos seus frutos e sementes ocorre por autocoria (CARVALHO, 2007).

A *Mimosa caesalpiniiifolia* apresenta elevado valor econômico para a região Nordeste do Brasil em função de suas inúmeras potencialidades. A espécie pode ser utilizada como cerca viva na recomposição de áreas, devido a sua alta adaptabilidade e eficiência em reabilitar solos degradados (COSTA et al., 2004) e também no uso paisagístico e medicinal (MAIA, 2004; VALCACEI et al., 2007). É conhecida por sua relevância apícola e por

possuir um importante papel biológico, como a capacidade de associação simbiótica com bactérias fixadoras de nitrogênio e com fungos micorrízicos arbusculares (CARVALHO, 2007; MENDES et al., 2013).

Suas folhas são utilizadas como fonte de alimento para os animais, especialmente, durante a época seca no semiárido (LIMA et al., 2008). A madeira apresenta elevado valor econômico, sendo empregada para diversos fins devido à alta resistência físico-mecânica e como alternativa de fonte energética por causa do alto poder calorífico (BARRETO; MARINI, 2002; FREITAS et al., 2013).

## 2.2 Divergência genética

A seleção de genitores e populações segregantes e as melhores combinações entre os genitores são fatores essenciais na obtenção de populações com elevada variabilidade genética (MOE; GIRDTHAI, 2013) e na obtenção de genes de interesse. Em função da ampla possibilidade de combinações, a hibridação entre os genitores deve ser a mais favorável possível. Dessa forma, a realização de estudos sobre a caracterização e a divergência genética entre os genótipos tornam-se necessários.

Os estudos de divergência genética são de extrema importância no contexto de trabalhos de conservação e manutenção de bancos de germoplasma (GUEDES et al., 2013). Esses estudos permitem quantificar a variabilidade disponível em um programa de melhoramento, bem como sua distribuição entre ou dentro de uma amostra representada por indivíduos, acessos, linhagens, cultivares, populações ou espécies (BOLDT, 2011).

Para quantificar a divergência genética podem-se utilizar marcadores genéticos, tais como os morfológicos e os moleculares (SANTOS et al., 2012). Os marcadores moleculares são sequências identificáveis de DNA encontradas em localizações específicas do genoma e transmitidas pelas leis comuns de herança de uma geração para outra (SEMAGN; BJØRNSTAD; NDJIONDJOP, 2006), capazes de revelar polimorfismos no nível da sequência de DNA, suficientes para diferenciar a variação genética entre indivíduos e entre populações.

No entanto, estudos utilizando marcadores moleculares não substituem avaliações necessárias para caracterizar fenotipicamente os genótipos. Dessa forma, a predição da diversidade genética a partir dos caracteres fenotípicos, em conjunto com as ferramentas biotecnológicas (GOMES FILHO et al., 2010), complementam-se na seleção de genótipos superiores com maior acurácia e também na adoção de estratégias em um programa de

melhoramento para a introgressão de genes de interesse (MULATO et al., 2010), fornecendo assim informações sobre variabilidade genética e fenotípica existente entre os genótipos em estudo (GIUSTINA et al., 2017).

A utilização dos caracteres morfológicos em conjunto com as técnicas de análises multivariadas assumem elevada importância no que se diz respeito a avaliação da divergência genética do conjunto de genótipos estudados, bem como verificar os caracteres que mais contribuem para a variação genética nesses indivíduos (COSTA et al., 2016). As técnicas multivariadas são utilizadas para quantificar a diversidade genética existente nas espécies em estudo, identificando grupos similares ou dissimilares de modo a aperfeiçoar o uso da diversidade pela identificação dos caracteres, fornecendo assim, informações sobre a divergência genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014)

A formação de grupos divergentes e a análise dos componentes principais são métodos frequentemente aplicados para a seleção genética e de seus melhores preditores, pois possibilitam unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A aplicação de técnicas multivariadas a fim de determinar a divergência genética tem se tornado comum e vem sendo empregada em diversos trabalhos (BISPO et al., 2020; COSTA et al., 2016; MENEGATTI et al., 2017; ROELIS et al., 2019).

### 2.3 Morfometria de sementes

O conhecimento da biologia das espécies nativas é de fundamental importância para os programas de conservação genética e manutenção de bancos de germoplasma (MOURA; CHAVES; NAVES, 2013), identificação de acessos semelhantes em populações naturais (COSTA et al., 2016) e implantação de modelos de recomposição vegetal.

Diversas metodologias são utilizadas para caracterização dos indivíduos, dentre essas, a divergência genética avaliada por meio da caracterização morfológica, fotoquímica, bioquímica e marcadores moleculares (PUPIN et al., 2017; SANTOS et al., 2012)

As análises morfométricas em sementes subsidiam informações importantes no que diz respeito à qualidade dos lotes, constituindo-se como elementos necessários para a determinação da diversidade genética entre indivíduos e entre populações da mesma espécie (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), no estabelecimento das espécies em novos ambientes como resultado da dinâmica populacional (ANDRADE et al., 2010; COSTA et al., 2016), conservação e exploração das espécies (SILVA et al., 2017), sendo assim considerados

parâmetros fundamentais para o entendimento da dispersão, sobrevivência e estabelecimento de plântulas (FENNER; THOMPSON, 2005).

Esses estudos apresentam também elevada importância dentro dos trabalhos de taxonomia e fisiologia vegetal a partir da diferenciação de espécies do mesmo gênero e entre variedades de uma mesma espécie (ALVES et al., 2007), na qual, fornecem informações importantes para caracterização dos aspectos ecológicos e também na identificação e verificação de influência fenotípica decorrente das interações entre os fatores ambientais e genéticos (VIEIRA; CARVALHO, 2009). A ausência desses estudos dificultam pesquisas sobre a regeneração natural, silvicultura e preservação de espécies que correm risco de extinção (BARRETTO; FERREIRA, 2011).

Nas espécies arbóreas ocorre uma grande variabilidade com relação aos caracteres morfométricos de frutos e sementes e embora os constituintes principais das sementes, do embrião, dos tecidos de reserva e do envoltório não variem na natureza (BRITO et al., 2014a), dentro da mesma espécie existem variações individuais em função da influência de fatores genéticos e ambientais durante o desenvolvimento das sementes e a alta variabilidade genética (MONTEIRO; FIOREZE; NOVAES, 2016; ROELIS et al., 2019).

Tendo em vista que os aspectos morfométricos das sementes permitem expressar diferenças ao ambiente de ocorrência das espécies e que o acompanhamento dessas variações possibilita estimar diferenças restritas ao componente genético e fenotípico, diversos estudos são realizados visando identificar a divergência genética a partir de caracteres morfológicos (BISPO et al., 2020; BRITO et al., 2014a; LEÃO et al., 2018; ROVERI NETO; PAULA, 2017a; SILVA et al., 2018b; VIEIRA; CARVALHO, 2009).

Os principais caracteres morfológicos avaliados nesses estudos estão relacionados ao tamanho e peso de sementes. Além desses existem vários outros caracteres de importância como a geometria, cor, forma e textura das sementes (ANDRADE et al., 2016; GRANITTO; VERDES; CECCATTO, 2005). No entanto, algumas características são de difícil obtenção por meio das técnicas manuais (BAEK et al., 2020), sendo de fundamental importância identificar meios eficientes para a caracterização de variáveis morfológicas visando a seleção de genótipos superiores, como também, tornar os processos de avaliações fenotípicas mais rápidos e precisos.

## 2.4 Processamento digital de imagens em sementes

Os procedimentos básicos para obtenção de dados relacionados a morfometria de sementes, apesar da facilidade e simplicidade, envolvem algumas limitações como a análise de poucas variáveis que estão sujeitas a alto erro experimental por serem realizadas de forma manual e demandar um tempo relativamente maior (MATSUDA et al., 2012; ROSCHER et al., 2014). Diante dessas dificuldades, faz-se necessário a inclusão de pesquisas e metodologias inovadoras com a perspectiva de precisão, confiabilidade, uniformização e rapidez na obtenção dos resultados. Assim, a análise digital de imagens surge como uma alternativa promissora na obtenção desses objetivos.

O processamento digital de imagens é constituído de diversas etapas, tais como: aquisição da imagem, pré-processamento da imagem, segmentação, representação, descrição, reconhecimento e a interpretação. A aquisição é o processo de obtenção da imagem mediante a um sensor de imageamento capaz de digitalizar o sinal produzido. O pré-processamento tem a finalidade de melhorar a qualidade da imagem a fim de facilitar a aplicação das etapas posteriores por meio de técnicas de realce de contraste, delimitação de regiões de interesse, remoção de ruídos e entre outros (GONZALEZ; WOODS, 2008, 2010; RODRIGUES, 2015).

A segmentação é o processo no qual a imagem de entrada é dividida em segmentos ou objetos constituintes, seguida da representação que é considerada o modo adequado de representar os dados para um posterior processamento. No processo de descrição ou seleção de características, ocorre a extração de características básicas (descritores) que diferenciem as classes de objetos (GONZALEZ; WOODS, 2008, 2010).

O reconhecimento da imagem é o processo que atribui um rótulo a um objeto de acordo com a informação fornecida pelo respectivo descritor. Por fim, a interpretação da imagem consiste na definição de significado a um conjunto de entidades rotuladas (GONZALEZ; WOODS, 2008).

O uso de análises computadorizadas em imagens digitais tem se mostrado eficiente na avaliação dos componentes físicos e fisiológicos de sementes, sendo assim alvo de vários estudos nas mais diversas espécies como na caracterização física da qualidade de sementes de *Bowdicha virgilioides* Kunth (LIMA et al., 2018), diversidade entre acesso de *Jatropha curcas* L. com base em análises de raio-x (PINTO et al., 2018), variação nos parâmetros morfométricos de genótipos de *Carmelina sativa* (WIWART et al., 2019), avaliação do incremento de área em sementes de *Moringa oleifera* Lam durante a embebição (NORONHA;

MEDEIROS; PEREIRA, 2019) e na avaliação do vigor de sementes de *Moringa oleifera* Lam (PEREIRA et al., 2020).

Diferentes sistemas de processamento de imagens, como o SeedCount<sup>®</sup>, SeedSize<sup>®</sup> e SmartGrain<sup>®</sup>, que possibilitam mensurar caracteres fenotípicos de interesse vêm sendo aplicados na determinação da divergência genética em sementes (LOBET; DRAYE; PÉRILLEUX, 2013; TANABATA et al., 2012). Dentre os sistemas que são capazes de mensuração de dados destaca-se o ImageJ<sup>®</sup>, (*Image Processing and Analysis in Java*), programa de processamento de imagens digitais obtidos por câmera ou escâner e desenvolvido no *National Institutes of Health* (BARBOSA et al., 2016).

O ImageJ<sup>®</sup> é considerado como o software de processamento de imagens mais rápido do mundo (MIART et al., 2018), destacando-se por sua facilidade de uso, linguagem de macro gravável e arquitetura extensível de plugins (RUEDEN et al., 2017). O uso do software para o desenvolvimento de algoritmos e posterior criação de macro personalizáveis tem sido relatado com êxito na fenotipagem de pólen (TELLO et al., 2018), fenotipagem simultânea de mucilagem solúvel e morfometria de sementes (MIART et al., 2018), análises morfo-calorimétricas (SAU et al., 2019), análises de viabilidade por meio de raio- x (TORRES et al., 2020), entre outros estudos. No entanto, sua aplicação para o processamento digital de imagens visando avaliar a divergência genética em espécies florestais tem se limitado a poucos estudos (FELIX et al., 2020).

Além de suas vantagens, o software está disponível gratuitamente por meio do “link” (<https://imagej.nih.gov/ij/download.html>), tornando-o assim mais atrativo, em função da sua alta precisão e baixo custo de obtenção de dados que está limitado aos equipamentos necessários para obtenção e armazenamento das imagens.

A atual situação do conhecimento sobre o potencial de utilização da análise e processamento de imagem em diversos segmentos relacionados a sementes florestais são incipientes. Dessa forma, observa-se a necessidade da exploração das tecnologias disponíveis no processo de obtenção e análise de dados fenotípicos em pesquisas científicas na área de tecnologia de sementes, bem como, difundir o uso das técnicas de análise automatizada na avaliação da divergência genética em sementes florestais.

## 2.5 Salinidade

A salinização dos solos é um dos fatores abióticos que mais limita o crescimento e a nutrição de plantas em regiões de clima árido e semiárido. Nessas regiões os solos



frequentemente apresentam elevada quantidade de sais devido à baixa precipitação pluviométrica média anual associada a altas taxas de evaporação, acarretando diversos problemas para a germinação, estabelecimento e crescimento das plantas (HOLANDA et al., 2007; VASCONCELOS et al., 2013).

Os efeitos dos sais sobre as plantas podem causar grandes limitações como déficit hídrico, toxidez provocada por íons e desequilíbrio nutricional (LIMA et al., 2019). Além disto, muitos processos fisiológicos e metabólicos são prejudicados (NOBRE et al., 2013), como por exemplo a síntese de proteínas, metabolismo de lipídios, fotossíntese e outros. Uma das respostas iniciais é a redução da expansão da superfície foliar acompanhada da intensificação do estresse, ocasionando assim a redução na taxa de crescimento das plantas e no tamanho de frutos e sementes (ASHRAF, 2010)

Em resposta aos danos causados pela salinidade muitas plantas ampliaram seus mecanismos de tolerância aos estresses (GOLLDACK et al., 2014). Em geral, plantas tolerantes à salinidade realizam ajustes osmóticos através do acúmulo e compartimentalização de solutos osmoticamente ativos para permitir a absorção de água sob essas condições (YAMAGUCHI; BLUMWALD, 2005).

Algumas espécies vegetais desenvolveram mecanismos que lhes garantem sobreviver em ambientes com altas concentrações salinas (ARIF et al., 2020). As plantas podem ser divididas em dois grupos com base na sua tolerância às concentrações de sais: halófitas e glicófitas. O primeiro grupo encontram-se aquelas que apresentam condições fisiológicas capazes de suportar altas concentrações de sais na solução do solo, enquanto que no segundo grupo encontram-se as que apresentam menor tolerância a salinidade (TAIZ et al., 2017), no entanto, respondem de forma similar ao aumento da intensidade dos sais variando em função dos limites de tolerância (MOURA et al., 2011).

A tolerância depende da habilidade da planta em controlar o transporte dos sais em cinco pontos específicos: i) Seletividade no processo de absorção pelas células das raízes; ii) Carregamento do xilema, preferencialmente com  $K^+$  mais do que com  $Na^+$ ; iii) Remoção do sal do xilema na parte superior das raízes, caule, pecíolo ou bainhas foliares; iv) Retranslocação de  $Na^+$  e  $Cl^-$  no floema, garantindo a ausência de translocação para tecidos da parte aérea em processo de crescimento e; v) Excreção de sais através de glândulas ou pelos vesiculares presentes apenas nas halófitas. A tolerância em glicófitas depende dos três primeiros mecanismos, sendo que esses ocorrem em diferentes graus em função da espécie e/ou cultivar (MUNNS et al., 2002).

## 2.6 Efeito da salinidade em sementes

A qualidade fisiológica das sementes é um aspecto de grande relevância para o estabelecimento do estande da cultura em campo. Aspectos físicos, fisiológicos, genéticos e sanitários relacionados à qualidade das sementes são considerados atributos básicos e essenciais para garantir o sucesso da produção (BARROZO et al., 2012). As condições e técnicas ambientais adotadas durante a produção das sementes podem influenciar sua qualidade fisiológica e seu vigor pode ser afetado (MARCOS FILHO, 2013), principalmente, se for submetido a condições de estresse.

O efeito do estresse salino durante a fase de produção de sementes pode causar perdas no transporte e acúmulo de reservas, resultando em sementes com baixo vigor, ou seja, baixa qualidade. Assim, a condição da semente refletirá no estande das plantas afetando o seu desempenho tanto do ponto de vista nutricional quanto de qualidade (SILVA et al., 2016; SOUZA NETA et al., 2016).

A salinidade pode afetar as plantas de três maneiras: i) efeito osmótico, causando déficit hídrico, proveniente do potencial de água mais baixo na raiz; ii) efeito tóxico, decorrente da toxicidade iônica associada à absorção excessiva, principalmente, de  $\text{Cl}^- \text{Na}^+$ ; iii) efeito nutricional, através do desbalanço nutricional ocasionado pela redução na absorção e/ou transporte para a parte aérea da planta (LIMA et al., 2019). Com isso, há um aumento na quantidade de sais no citoplasma o que inibe a atividade das enzimas em várias vias metabólicas (PRISCO et al. 2016). Além disso, os íons promovem efeitos negativos na divisão e diferenciação celular, na capacidade das plantas de adquirir e translocar nutrientes (DANTAS et al., 2011) e, conseqüentemente, no desenvolvimento e formação do embrião.

O efeito negativo da toxicidade iônica sob a planta mãe pode causar perdas no transporte e acumulação de reservas, resultando em baixa viabilidade e vigor das sementes, e em ter o seu processo de deterioração acelerado (SILVA et al., 2016). As respostas das plantas a tais efeitos dependem de diversos fatores, dentre eles o genótipo, estado fenológico, o tipo e a intensidade dos sais. De modo que, cada espécie demonstra uma capacidade específica de tolerar a salinidade durante a fase de germinação.

A observação da porcentagem de germinação e o desenvolvimento inicial de plântulas, por meio do uso de substratos contendo soluções salinas, é um dos métodos mais utilizados para a determinação das sementes a tolerância aos sais, em que, a redução do poder germinativo, comparado ao controle, serve como um indicador do índice de tolerância da espécie (TAIZ et al., 2017).

Nesse sentido, os efeitos da salinidade sobre a germinação vêm sendo estudados em diversas espécies florestais a exemplo de *Piptadenia moniliformis* Benth. (Pereira et al., 2016), *Mimosa ophthalmocentra* Mart. ex Benth (Nogueira et al. 2018), *Clitoria fairchildiana* Howard (Silva et al., 2019), *Setaria viridis* (L.) P. Beauv. (Ferreira et al. 2020), nos quais verificaram que o aumento das concentrações salinas afetou negativamente a germinação e o desenvolvimento inicial de plântulas.

### 3. REFERÊNCIAS

- ABBAS, R. et al. Halotolerant PGPR: A hope for cultivation of saline soils. **Journal of King Saud University - Science**, v. 31, n. 4, p. 1195–1201, 2019.
- AGUIAR, R. B. DE; GOMES, J. R. DE C. **Diagnóstico do município de Uruçui**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em: <[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel\\_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y)>.
- ALVES, E. U. et al. Dormência e desenvolvimento de sementes de sabiá (*Mimosa caesalpinifolia* Benth.). **Revista Árvore**, v. 28, n. 5, p. 655–662, 2004.
- ALVES, E. U. et al. Germinação e biometria de frutos e sementes de *Bauhinia divaricata* L. **Sitientibus Série Ciências Biológicas**, v. 7, n. 3, p. 193–198, 2007.
- ANDRADE, D. B. DE et al. Detection of green seeds in soybean lots by the seed analysis system (SAS). **International Journal of Current Research**, v. 8, n. 2, p. 26462–26465, 2016.
- ANDRADE, L. A. et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes, grau de umidade e superação de dormência de jatobá. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 2, p. 293–299, 2010.
- ARAUJO, E. B. G. et al. Crescimento inicial e tolerância de cultivares de meloeiro à salinidade da água. **Revista Ambiente e Água**, v. 11, n. 2, p. 462–471, 2016.
- ARIF, Y. et al. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: An omic approach towards salt stress tolerance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, n. 11, p. 64–77, 2020.
- ASHRAF, M. **Inducing drought tolerance in plants: Recent advances** *Biotechnology Advances* **Biotechnol Adv**, , 2010. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19914371/>>. Acesso em: 16 dez. 2020.
- ASLAM, M.; RESHI, Z. A.; SIDDIQI, T. O. Genetic divergence in half-sib progenies of *Pinus wallichiana* A.B. Jackson plus trees in the Kashmir Himalaya, India. **Tropical Ecology**, v. 52, n. 2, p. 201–208, 2011.
- BAEK, J. et al. High throughput phenotyping for various traits on soybean seeds using image analysis. **Sensors (Switzerland)**, v. 20, n. 1, p. 1–9, 2020.
- BALBINOT, E. et al. Crescimento inicial e fertilidade do solo em plantios puros e consorciados de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, n. 85,

p. 27–37, 2010.

BALESTRE, M. et al. Bayesian mapping of multiple traits in maize: The importance of pleiotropic effects in studying the inheritance of quantitative traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 3, p. 479–493, 2012.

BARBOSA, J. et al. Uso de imagens digitais obtidas com câmeras para analisar plantas. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 15–24, mar. 2016.

BARRETO, R. W.; MARINI, F. S. *Mycovellosiella robsii* sp. nov. causing leaf-spot on *Mimosa caesalpiniaefolia*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 6, p. 605–608, 2002.

BARRETTO, S. S. B.; FERREIRA, R. A. Aspectos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas de leguminosae mimosoideae: *Anadenanthera colubrina* (Vellozo) Brenan e *enterolobium contortisiliquum* (Vellozo) morong. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 2, p. 223–232, 2011.

BARROZO, L. M. et al. Qualidade sanitária de sementes de *Arachis hypogaea* L. em função de velocidades de arranquio e recolhimento. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 4, p. 573–579, 2012.

BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Araripina**. Recife: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel\\_Araripina.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel_Araripina.pdf?sequence=1)>.

BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Upanema**. Recife: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel\\_upanema.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel_upanema.pdf?sequence=1)>.

BETONI, R.; SCALON, S. DE P. Q.; MUSSURY, R. M. Salinidade e temperatura na germinação e vigor de sementes de mutambo (*Guazuma Ulmifolia* Lam.) (Sterculiaceae). **Revista Arvore**, v. 35, n. 3 SUPPL.1, p. 605–616, 2011.

BISPO, R. B. et al. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Revista Nativa**, v. 8, n. 4, p. 585–590, 2020.

BRACCINI, A. L. et al. Germinação e vigor de sementes de soja sob estresse hídrico induzido por soluções de cloreto de sódio, manitol e polietilenoglicol. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18, n. 1, p. 10–16, 1996.

BRAGA, L. F. et al. Caracterização morfométrica de sementes de castanha de sapucaia (*Lecythis pisonis* Cambess. - Lecythidaceae). **Revista de Ciências Agro-Ambientais**, v. 5, n. 1, p. 111–116, 2007.

BRAGA, L. F.; SOUSA, M. P.; ALMEIDA, T. A. Germinação de sementes de *Enterolobium schomburgkii* (Benth.) Benth. submetidas a estresse salino e aplicação de poliamina. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 11, n. 1, p. 63–70, 2009.

BRANDÃO, R. DE L.; FEITOSA, F. A. C. **Diagnóstico de município de Caririçu**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel\\_Caririçu.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel_Caririçu.pdf?sequence=1)>.

BRITO, S. F. DE et al. Morfometria de frutos e sementes e desenvolvimento pós-seminal de *Acnistus arborescens*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 57, n. 4, p. 422–428, 2014a.

BRITO, M. E. B. et al. Sensibilidade à salinidade de híbridos trifoliados e outros porta-

enxertos de citros. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 17–27, 2014b.

BRUNO, R. L. A. et al. Tratamentos pré-germinativos para superar a dormência de sementes de *Mimosa caesalpiniaefolia* Benth. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 23, n. 2, p. 136–143, 30 dez. 2001.

CALLEGARI-JACQUES, S. M. **Bioestatística: princípios e aplicações**. Porto Alegre: Artmed, 2003.

CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2012.

CARVALHO, P. E. R. **Sabiá (*Mimosa Caesalpinifolia*) Taxonomia e Nomenclatura**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 135), 2007.

COIMBRA, R. DE A. et al. Teste de germinação com acondicionamento dos rolos de papel em sacos plásticos. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 1, p. 92–97, abr. 2007.

COSTA, R. B. DA; SILVA, J. C. DA; EBERT, A. Análise Univariada e Multivariada: importância para o melhoramento genético de espécies florestais com ênfase em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Multitemas**, v. 2, n. 44, p. 13–25, 2013.

COSTA, G. S. et al. Aporte de nutrientes pela serapilheira em uma área degradada e revegetada com leguminosas arbóreas. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 28, n. 5, p. 919–927, set. 2004.

COSTA, M. F. et al. Caracterização e divergência genética de populações de *Casearia grandiflora* no cerrado Piauiense. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387–396, 2016.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.

DANTAS, C. V. S. et al. **Influence of salinity and water deficit on the germination of *Carthamus tinctorius* L. seeds** *Revista Brasileira de Sementes* Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes, , 2011. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt)>. Acesso em: 30 nov. 2020.

DEUNER, C. et al. Viabilidade e atividade antioxidante de sementes de genótipos de feijão-miúdo submetidos ao estresse salino. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 4, p. 711–720, 2011.

DUTRA, T. R. et al. Efeito da salinidade na germinação e crescimento inicial de plântulas de três espécies arbóreas florestais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 37, n. 91, p. 323, 2017.

FELIX, F. C. et al. Biometry of *Pityrocarpa moniliformis* seeds using digital imaging: implications for studies of genetic divergence. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 15, n. 1, p. 1–8, 30 mar. 2020.

FENNER, M.; THOMPSON, K. **Seed ecology**. Cambridge: Cambridge University Press, 2005.

- FERREIRA, C. B. B. et al. Diversidade genética molecular de progênies de dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 378–384, mar. 2012.
- FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **ExpDes: Experimental Designs**, 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=ExpDes>>.
- FERREIRA, T. M. M. et al. Effect of salinity stress in *Setaria viridis* (L.) P. Beauv. accession A10.1 during seed germination and plant development. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 44, p. 1–16, 2020.
- FLOWERS, T. J. Improving crop salt tolerance. **Journal of Experimental Botany**, v. 55, n. 396, p. 307–319, 1 fev. 2004.
- FOOLAD, M. R.; LIN, G. Y. Absence of a genetic relationship between salt tolerance during seed germination and vegetative growth in tomato. **Plant Breeding**, v. 116, p. 363–367, 1997.
- FOTI, C.; KHAH, E. M.; PAVLI, O. I. Germination profiling of lentil genotypes subjected to salinity stress. **Plant Biology**, v. 21, n. 3, p. 480–486, 25 maio 2019.
- FREITAS, T. P. et al. Morfologia e caracterização da germinação em função da posição das sementes no fruto de sabiá. **Scientia Plena**, v. 9, n. 3, p. 2–9, 2013.
- GILES, J. A. D. et al. Correlações entre características físicas, químicas e físicoquímicas de frutos de ciriguela. **REVISTA AGRO@MBIENTE ON-LINE**, v. 10, n. 1, p. 30, 7 jun. 2016.
- GIUSTINA, L. DELLA et al. Variabilidade genética em genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn. F.) baseada em marcadores moleculares ISSR e caracteres morfológicos. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 4, p. 1311, 11 dez. 2017.
- GOIS, I. B.; FERREIRA, R. A.; SILVA-MANN, R. Variabilidade Genética em Populações Naturais de *Cassia grandis* L. f. **Floresta e Ambiente**, v. 25, n. 4, p. 1–10, 2018.
- GOLLDAK, D. et al. Tolerance to drought and salt stress in plants: Unraveling the signaling networks. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. APR, p. 1–10, 2014.
- GOMES FILHO, A. et al. Marcadores moleculares RAPD e descritores morfológicos na avaliação da diversidade genética de goiabeiras (*Psidium guajava* L.). **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 627–633, 2010.
- GONÇALVES, G. V. et al. Biometria de frutos e sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em vegetação natural na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 31–40, 2013.
- GONCALVES, L. S. A. et al. Heirloom tomato gene bank: Assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364–374, 2009.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing**. 3. ed. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall, 2008.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital image processing**. 3. ed. Upper Saddle River: USA: Prentice-Hall, Inc., 2010.
- GRANITTO, P. M.; VERDES, P. F.; CECCATTO, H. A. Large-scale investigation of weed seed identification by machine vision. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 47, n. 1, p. 15–24, abr. 2005.

GUEDES, J. M. et al. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 127–132, abr. 2013.

GUIMARÃES, I. P. et al. Efeito da salinidade da água de irrigação na emergência e crescimento inicial de plântulas de mulungu. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 8, n. 1, p. 137–142, 2013.

HATSCHBACH, C. **Efeito da salinidade na germinação de sementes de arroz híbrido avaxi sob concentrações crescentes de NaCl**. [s.l.] Universidade Federal de Santa Maria, 2009.

HOLANDA, A. C. et al. Desenvolvimento inicial de espécies arbóreas em ambientes degradados por sais. **Revista De Biologia E Ciências Da Terra**, v. 7, n. 1, p. 39–50, 2007.

KAPADIA, V. N.; SASIDHARAN, N.; KALYANRAO, P. Seed Image Analysis and Its Application in Seed Science Research. **Advances in Biotechnology & Microbiology**, v. 7, n. 2, p. 1–3, 2017.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=factoextra>>.

KAWECKI, T. J.; EBERT, D. **Conceptual issues in local adaptation** *Ecology Letters* John Wiley & Sons, Ltd, , 1 dez. 2004. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1461-0248.2004.00684.x>>. Acesso em: 5 dez. 2020.

KHAN, M. A.; GULZAR, S. Germination responses of *Sporobolus ioclados*: A saline desert grass. **Journal of Arid Environments**, v. 53, n. 3, p. 387–394, 2003.

KRAUSE, W. et al. Digital phenotyping for quantification of genetic diversity in inbred guava (*Psidium guajava*) families. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1–11, 2017.

LACERDA, C. F. et al. Morpho-physiological responses of cowpea leaves to salt stress. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v. 18, n. 4, p. 455–465, 2006.

LÁZARO-LOBO, A. et al. Influence of local adaptations, transgenerational effects and changes in offspring's saline environment on *Baccharis halimifolia* L. under different salinity and light levels. **Environmental and Experimental Botany**, v. 177, p. 104134, 1 set. 2020.

LEÃO, N. V. M. et al. Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King .) from Parakanã Indigenous Land , Pará State , Brazil. **Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 03, p. 435–443, 2018.

LIMA, B. G. DE. **Caatinga: espécies lenhosas e herbáceas**. Mossoró: Editoria Universitária da UFERSA, 2012.

LIMA, G. S. DE et al. Eficiência fotoquímica, partição de fotoassimilados e produção do algodoeiro sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 1, p. 214–225, 2019.

LIMA, M. P. M. DE. Morfologia dos frutos e sementes dos gêneros da tribo Mimoseae (Leguminosae-Mimosoideae) aplicada à sistemática. **Rodriguesia**, v. 37, n. 62, p. 53–78, 1 jan. 1985.

- LIMA, I. C. A. R. et al. Avaliação de sabiazeiro (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) quanto a acúleos e preferência por bovinos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 3, n. 3, p. 289–294, 2008.
- LIMA, J. M. E. et al. Técnicas de análise de imagem para caracterização da qualidade de sementes de paricarana (*Bowdichia virgilioides* Kunth). **Ciencia Florestal**, v. 28, n. 3, p. 1202–1216, 1 jul. 2018.
- LOBET, G.; DRAYE, X.; PÉRILLEUX, C. An online database for plant image analysis software tools. **Plant Methods**, v. 9, n. 1, 2013.
- LONG, R. L. et al. The ecophysiology of seed persistence: A mechanistic view of the journey to germination or demise. **Biological Reviews**, v. 90, n. 1, p. 31–59, 2015.
- MAÊDA, J. M. et al. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e Ambiente**, v. 8, n. 1, p. 61–69, 2001.
- MAGUIRE, J. D. Speed of germination: aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigour. **Crop Science**, v. 2, n. 2, p. 176, 1962.
- MAIA, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades**. São Paulo: D & Z Computação Gráfica e Editora, 2004.
- MARCOS FILHO, J. Potencial fisiológico da semente de soja. **Informativo Abrates**, v. 23, n. 1, p. 21–24, 2013.
- MATHEUS, M. T.; LOPES, J. C. Morfologia de frutos, sementes e plântulas e germinação de sementes de *Erythrina variegata* L. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 3, p. 8–17, 2007.
- MATSUDA, O. et al. Hyperspectral imaging techniques for rapid identification of arabidopsis mutants with altered leaf pigment status. **Plant and Cell Physiology**, v. 53, n. 6, p. 1154–1170, 2012.
- MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D.; SILVA, J. A. Processamento digital de imagens na determinação do vigor de sementes de milho. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 3, p. 1–7, 2018.
- MENDES, M. M. C. et al. Crescimento e sobrevivência de mudas de sabiá (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) inoculadas com micro-organismos simbioses em condições de campo. **Ciencia Florestal**, v. 23, n. 2, p. 309–320, 2013.
- MENEGATTI, R. D. et al. Genetic divergence among provenances of *Mimosa scabrella* Benth. Based on seed analysis. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 12, n. 3, p. 366–371, 2017.
- MIART, F. et al. MuSeeQ, a novel supervised image analysis tool for the simultaneous phenotyping of the soluble mucilage and seed morphometric parameters. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 112, 18 dez. 2018.
- MOE, S.; GIRDTHAI, T. Relationships of Soybean [ *Glycine max* (L.) Merrill ] Accessions Based on Physiological and Agro-morphological Traits. **International journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences**, v. 1, n. 2, p. 375–379, 2013.
- MONTEIRO, R. A.; FIOREZE, S. L.; NOVAES, M. A. G. Variabilidade Genética de Matrizes de *Erythrina speciosa* a Partir de Caracteres Morfológicos. **Scientia Agraria**



**Paranaensis**, v. 15, n. 1, p. 48–55, 2016.

MORAES, C. B. DE et al. Variabilidade genética em progênes de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, 2015.

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

MULATO, B. M. et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 276–283, 2010.

MUNNS, R. et al. **Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically based selection traits** *Plant and Soil* Springer, , nov. 2002. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1023/A:1021119414799>>. Acesso em: 30 nov. 2020.

NASR, S. M. H. et al. Effect of salt stress on germination and seedling growth of *Prosopis juliflora* (Sw.). **New Forests**, v. 43, n. 1, p. 45–55, 27 jan. 2012.

NOBRE, D. A. C. et al. Qualidade das sementes de girassol de diferentes genótipos. **Ciência Rural**, v. 45, n. 10, p. 1729–1735, 19 jun. 2015.

NOBRE, R. G. et al. Emergência, crescimento e produção da mamoneira sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 44, n. 1, p. 76–85, 2013.

NOGUEIRA, N. W. et al. Salt stress and temperatures on the germination and initial growth of jurema-de-embira (*Mimosa ophthalmocentra*) seedlings. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 4, p. 273–278, 2018.

NORONHA, B. G.; MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D. Incremento de área em sementes de moringa durante a embebição por meio da análise de imagens. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 1, p. 221–232, 1 jan. 2019.

ORRÛ, M. et al. Morphological characterisation of *Vitis vinifera* L. seeds by image analysis and comparison with archaeological remains. **Vegetation History and Archaeobotany**, v. 22, n. 3, p. 231–242, 5 maio 2013.

PEDROSO, D. C. et al. Qualidade fisiológica e sanitária de sementes de *Zinnia elegans* Jacq. colhidas em diferentes épocas. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 3, p. 164–171, 2008.

PEREIRA, F. E. C. B. et al. Saline stress and temperatures on germination and vigor of *Piptadenia moniliformis* Benth. Seeds. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 20, n. 7, p. 649–653, 1 jul. 2016.

PEREIRA, M. D. et al. Digital processing of plant images in evaluating the vigor of moringa oleifera Lam. Seeds. **Ciencia Florestal**, v. 30, n. 2, p. 291–306, 2020.

PINTO, M. S. et al. Diversity between *Jatropha curcas* L. Accessions based on oil traits and X-ray digital images analysis from its seeds. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 292–300, 2018.

PUPIN, S. et al. Variação genética para compostos bioquímicos em sementes de aroeira procedente de uma população antropizada. **Nativa**, v. 5, n. 5, p. 349–354, 2017.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.

- RESENDE, M. D. V. DE. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.
- RESENDE, M. D. V. DE. **Genética Quantitativa e de Populações**. 1. ed. Viçosa: Suprema, 2015.
- RESENDE, M. D. . **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. Software SENElegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.
- RIBASKI, J. et al. **Sabiá (Mimosa caesalpinifolia) árvore de múltiplo uso no Brasil**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 104), 2003.
- RIX, K. D. et al. Genetic control of Eucalyptus globulus seed germination. **Annals of Forest Science**, v. 72, n. 4, p. 457–467, 1 jun. 2015.
- ROCHA, M. C. et al. Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cerêja. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 664–670, 2009.
- RODRIGUES, B. U. **Reconhecimento do tipo de cachaça utilizando visão computacional e reconhecimento de padrões**. [s.l.] Universidade Federal de Goiás, 2015.
- ROELIS, B. V. et al. Divergência genética de Castanheira-do-Brasil por meio de caracteres biométricos de frutos e sementes. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 9, n. 8, p. 249–259, 2019.
- ROSCHER, R. et al. Automated image analysis framework for high-throughput determination of grapevine berry sizes using conditional random fields. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 100, p. 148–158, 2014.
- ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 3, p. 516–521, 2012.
- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de Ceiba speciosa St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017a.
- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de Ceiba speciosa St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017b.
- RUEDEN, C. T. et al. ImageJ2: ImageJ for the next generation of scientific image data. **BMC Bioinformatics**, v. 18, n. 1, p. 529, 29 nov. 2017.
- SALISBURY, F. B.; ROSS, C. . **Plant physiology**. 4. ed. Wadsworth: Belmont, 1991.
- SANTOS, C. A. DOS et al. Germinação de duas espécies da caatinga sob déficit hídrico e salinidade. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 87, p. 219, 30 set. 2016.
- SANTOS, E. R. et al. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 2, p. 247–254, 2012.

- SAU, S. et al. Potential use of seed morpho-colourimetric analysis for Sardinian apple cultivar characterisation. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 162, n. April, p. 373–379, 2019.
- SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507–512, 1974.
- SEMAGN, K.; BJØRNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M. N. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 25, p. 2569–2587, 2006.
- SILVA, D. C. et al. Estresse salino e diferentes temperaturas alteram a fisiologia em sementes de *Clitoria fairchildiana* Howard Saline. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 3, p. 1129–1141, 2019.
- SILVA, L. G. C. DA et al. Evaluation of carnauba progenies and estimates of genetic parameters in the juvenile phase. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 4, p. 917–925, 18 out. 2018a.
- SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. ex Tul. provenientes do semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 1 set. 2017.
- SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. Ex Tul. provenientes do Semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 2018b.
- SILVA, K. D. S. et al. Influência do tamanho da semente na germinação e vigor de mudas de jaqueira (*Artocarpus heterophyllus* Lam.). **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 4, p. 217–221, 2 set. 2010.
- SILVA, R. L. DE O. **Avaliação de genótipos diplóides AA de Musa spp. submetidos a estresse salino**. [s.l.] Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2008.
- SILVA, R. T. et al. Physiological quality of sesame seeds produced from plants subjected to water stress. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 47, n. 4, p. 643–648, 2016.
- SILVA, V. N. et al. Avaliação da morfologia interna de sementes de *Acca sellowiana* O. Berg por meio de análise de imagens. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 4, p. 1158–1169, 2013.
- SILVEIRA, L. C. I. DA et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, v. 42, n. 4, p. 2012, 2012.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v. 41, p. 237–245, 1981.
- SINGH, S. et al. Assessment of Multiple Tolerance Indices for Salinity Stress in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Agricultural Science**, v. 7, n. 3, p. 49–57, 2015.
- SOUSA, E. C. et al. Physiological changes in *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. seeds from different sources and submitted to abiotic stresses. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 6, p. 383–389, 2018.
- SOUZA NETA, M. L. et al. Efeito residual do tratamento de sementes de maxixe com bioestimulante sob estresse salino. **Journal of Seed Science**, v. 38, n. 3, p. 219–226, 1 jul. 2016.
- SREENIVASULU, N.; SOPORY, S. K.; KAVI KISHOR, P. B. **Deciphering the regulatory**

**mechanisms of abiotic stress tolerance in plants by genomic approaches** *Gene*, 15 fev. 2007. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17134853/>>. Acesso em: 4 fev. 2021.

SYVERTSEN, J. P.; GARCIA-SANCHEZ, F. Multiple abiotic stresses occurring with salinity stress in citrus. **Environmental and Experimental Botany**, v. 103, p. 128–137, 1 jul. 2014.

TAIZ, L. et al. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. [s.l.] Ed. Artmed, 2017.

TANABATA, T. et al. SmartGrain: High-throughput phenotyping software for measuring seed shape through image analysis. **Plant Physiology**, v. 160, n. 4, p. 1871–1880, 2012.

TEAM, R. C. **R: A language and environment for statistical computing** Vienna R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.

TELLO, J. et al. A new image-based tool for the high throughput phenotyping of pollen viability: Evaluation of inter- and intra-cultivar diversity in grapevine. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 3, 9 jan. 2018.

TESTER, M.; DAVENPORT, R. Na<sup>+</sup> Tolerance and Na<sup>+</sup> Transport in Higher Plants. **Annals of Botany**, v. 91, n. 5, p. 503–527, 2003.

TORRES, M. F. O. et al. Seed Longevity of *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong. **Journal of Seed Science**, v. 42, p. 2020, 2020.

TUTEJA, N. Mechanisms of High Salinity Tolerance in Plants. In: **Methods in Enzymology**. [s.l.] Academic Press Inc., 2007. v. 428p. 419–438.

UCCHESU, M. et al. Predictive method for correct identification of archaeological charred grape seeds: Support for advances in knowledge of grape domestication process. **Plos One**, v. 11, n. 2, 1 fev. 2016.

VALCACEL, R. et al. Avaliação da biomassa de raízes finas em área de empréstimo submetida a diferentes composições de espécies. **Revista Arvore**, v. 31, n. 5, p. 923–930, 2007.

VASCONCELOS, R. R. A. DE et al. Características físicas de solos salino-sódicos do semiárido pernambucano em função de diferentes níveis de gesso. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, n. 12, p. 1318–1325, dez. 2013.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992.

VICENTE, M. J. et al. Effect of light, temperature, and salinity and drought stresses on seed germination of *Hypericum ericoides*, a wild plant with ornamental potential. **Scientia Horticulturae**, v. 270, p. 109433, 25 ago. 2020.

VIEIRA, F. DE A.; CARVALHO, D. Maturação e morfometria dos frutos de *Miconia albicans* (Swartz) Triana (Melastomataceae) em um remanescente de floresta estacional semidecídua montana em Lavras, MG. **Revista Arvore**, v. 33, n. 6, p. 1015–1023, 2009.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix**, 2017. Disponível em: <<https://github.com/taiyun/corrplot>>.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** New York Springer-Verlag, 2016.

WIWART, M. et al. Variation in the morphometric parameters of seeds of spring and winter genotypes of *Camelina sativa* (L.) Crantz. **Industrial Crops and Products**, v. 139, p. 1–7, 1 nov. 2019.

WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978.

YAMAGUCHI, T.; BLUMWALD, E. Developing salt-tolerant crop plants: challenges and opportunities. **Trends in Plant Science**, v. 10, n. 12, p. 615–620, 2005.

ZARUMA, D. U. G. et al. Variabilidade genética em procedências e progênies de *Dipteryx alata* vogel para fins de conservação genética e produção de sementes. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 107, p. 609–615, 2015.

## **CAPÍTULO I**

### **MORFOMETRIA DE SEMENTES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. POR MEIO DE ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS EM ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA**

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **MORFOMETRIA DE SEMENTES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. POR MEIO DE ANÁLISE DIGITAL DE IMAGENS EM ESTUDOS DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA.** 2021. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marccone Moreira Santos.

### RESUMO

Em virtude das propriedades de resistência e durabilidade da madeira a *Mimosa caesalpiniiifolia* tem sido bastante explorada no nordeste do Brasil, sendo incluída na lista de espécies vulneráveis do *World Conservation Monitoring Centre*. Assim, o desenvolvimento de protocolos visando a manutenção da variabilidade genética, como o estudo da morfometria de sementes por meio da análise digital de imagem, destacam-se por avaliar características físicas e morfológicas importantes para os estudos de diversidade e conservação da espécie. Diante disto, o objetivo deste estudo foi realizar a morfometria de sementes de *M. caesalpiniiifolia* por meio da análise de imagem como subsídios para estudos de diversidade genética. Para isso, realizou-se a análise morfométrica das sementes de 16 progênies provenientes dos estados CE, PE, PI e RN por meio do paquímetro digital e o software ImageJ<sup>®</sup>. Foram obtidas as seguintes variáveis: área (AR), perímetro (PE), circularidade (CI), comprimento (CS), largura (LS), redondeza (RE) e solidez (SO). Posteriormente, realizou-se as análises de correlação entre os métodos (Paquímetro x ImageJ<sup>®</sup>), correlação fenotípica e genotípica entre as variáveis morfométricas e análises de variância uni e multivariada. O processamento digital de imagens se mostrou eficiente para discriminar as diferenças morfométricas entre as procedências estudadas, as quais possuem variação dos aspectos de AR, PE, CI, CS, LS, RE, SO, decorrente das diferenças genéticas da espécie. As estimativas de parâmetros genéticos evidenciam alto controle genético para as características de AR, PM, LS e CS, podendo haver ganhos na seleção com base no genótipo. Assim, a análise de imagem apresenta-se como uma ferramenta útil para diferenciação morfométrica e seleção de genótipos produtores de sementes em estudos de divergência e melhoramento genético desta espécie.

**Palavras-chave:** Análise de imagem; Variáveis morfológicas; Sementes florestais; Parâmetros genéticos; Análise multivariada.

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **MORPHOMETRY OF *Mimosa caesalpinifolia* Benth. SEEDS THROUGH IMAGES IN GENETIC DIVERGENCE STUDIES.** 2021. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisor: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marcone Moreira Santos.

### ABSTRACT

Due to the wood's resistance and durability properties, a *Mimosa caesalpinifolia* has been extensively explored in northeastern Brazil, being included in the list of vulnerable species of the *World Conservation Monitoring Center*. Thus, the development of protocols to maintain genetic variability, such as the study of seed morphometry through image analysis, stands out for physical and morphological evaluations of fundamental importance for the conservation of diversity and species studies. Given this, the objective of this study was to perform the morphometry of *M. caesalpinifolia* seeds by means of image analysis, as subsidies for studies of genetic diversity. For this, the morphometric analysis of the seeds of 16 progenies from the states CE, PE, PI and RN was performed, using the digital caliper and the ImageJ® software. The following variables were adjusted: area (AR), perimeter (PE), circularity (CI), length (CS), width (LS), roundness (RE) and solidity (SO). Subsequently, correlation analyzes between methods (Pachymeter x ImageJ®), phenotypic and genotypic correlation between morphometric variables and univariate and multivariate analysis of variance were performed. Digital image processing is efficient to discriminate as morphometric differences between the studied origins, as they have variation in the aspects of AR, PE, CI, CS, LS, RE, SO, due to the genetic differences of the species. The characteristics of genetic parameters show high genetic control for the characteristics of RA, PM, LS and CS, and there may be gains in selection based on the genotype. Thus, an image analysis presents itself as a useful tool for morphometric differentiation and selection of seed producing genotypes in studies of divergence and genetic breeding of this species.

**Keywords:** Image analysis; Morphological variables; Forest seeds; Genetic parameters; Multivariate analysis.



## 1. INTRODUÇÃO

A caracterização genética de espécies perenes pode ser realizada por meio de descritores botânicos e morfológicos (COSTA et al., 2016). Tendo em vista que a ampla variação existente de frutos e sementes nas espécies nativas refletem na biodiversidade existente, estudos de divergência genética envolvendo a caracterização morfométrica de sementes se fazem necessários.

Estudos envolvendo a caracterização morfométrica de sementes demonstram-se de grande importância para os estudos de conservação e propagação, tendo em vista que subsidiam informações sobre dispersão e classificação de grupos ecológicos (ROVERI NETO; PAULA, 2017b), conservação e exploração das espécies (SILVA et al., 2017), estabelecimento de plântulas (MATHEUS; LOPES, 2007), na determinação da diversidade genética inter e intrapopulacional, como também as relações com os fatores edafoclimáticos (COSTA et al., 2016; GONÇALVES et al., 2013), diferenciação de espécies do mesmo gênero e entre variedades de uma mesma espécie (ALVES et al., 2007), fornecendo assim, informações importantes para caracterização dos aspectos ecológicos das espécies.

No entanto, os procedimentos básicos para obtenção de dados relacionados a morfometria envolvem algumas limitações, como a análise de poucas variáveis, alto erro experimental e demandam um tempo relativamente maior (MATSUDA et al., 2012; ROSCHER et al., 2014). Diante dessas limitações faz-se necessário a inclusão de pesquisas e metodologias inovadoras, como a utilização de análise digital de imagens.

A análise computadorizada em imagens é considerada uma técnica inovadora e viável, empregada para aumentar a precisão dos dados analisados e também na redução do tempo da análise. Considerado um dos métodos rápidos e eficientes em comparação as técnicas tradicionais (FELIX et al., 2020; KAPADIA; SASIDHARAN; KALYANRAO, 2017).

Possibilita a avaliação de características físicas e morfológicas (WIWART et al., 2019), como geometria, cor, forma e textura das sementes (ANDRADE et al., 2016; GRANITTO; VERDES; CECCATTO, 2005), a fim de quantificar a diversidade genética (KRAUSE et al., 2017) e caracterizar genótipos procedentes de diferentes locais, contribuindo assim em estudos relacionados a taxonomia, catalogação e conservação de espécies (UCCHESE et al., 2016).

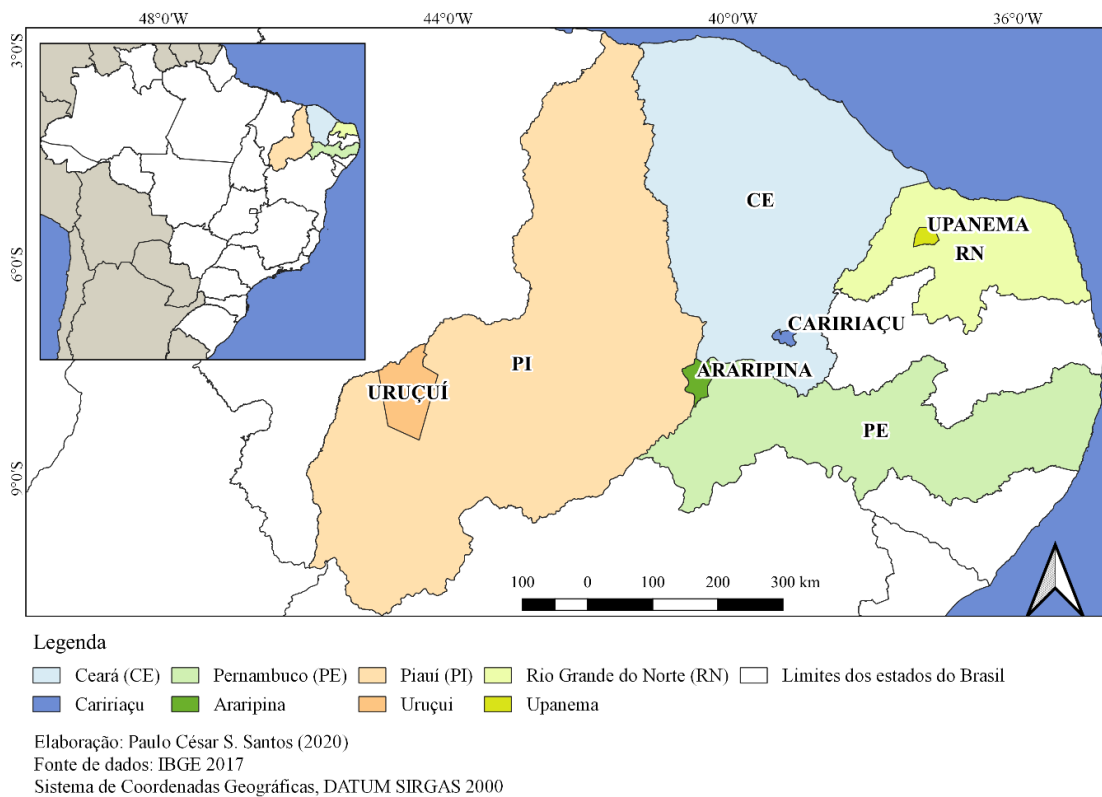
O desenvolvimento de protocolos que visam a manutenção da variabilidade genética em populações naturais auxilia na conservação e perpetuação da espécie, principalmente quando a espécie se encontra em alto risco de extinção das populações naturais a médio prazo,

como é o caso da *Mimosa caesalpinifolia*. Assim, este estudo objetivou determinar a divergência genética entre progênies de a partir dos caracteres morfométricos medidos por meio do processamento digital de imagens, com vista a selecionar matrizes produtoras de sementes.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Área de estudo

O estudo foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes Florestais (LASF) do Departamento de Ciência Florestal (DCFL) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), sede em Recife. Os frutos de *M. caesalpinifolia* foram coletados manualmente em 16 árvores distribuídas em quatro diferentes Estados (procedências) (Figura 1) com condições edafoclimáticas distintas (Tabela 1).



**Figura 1.** Localização das áreas de coleta de sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth.

**Tabela 1.** Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos Estados (RN: Rio Grande do Norte; CE: Ceará; PI: Piauí; PE: Pernambuco), onde foram realizadas as coletas de sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth.

	Upanema (RN)	Caririaçu (CE)	Uruçuí (PI)	Araripina (PE)
<b>Coordenadas geográficas</b>	<b>PG1</b> 05°29'38.9"S 37°19'36.2"O	<b>PG5</b> 07°12'57.75"S; 39°26'11.89"O	<b>PG9</b> 07°14'52.5"S 44°32'31.7"O	<b>PG13</b> 07°28'00.9"S 40°24'31.7"O
	<b>PG2</b> 05°26'08.0"S 37°19'35.2"O	<b>PG6</b> 07°15'13.25"S; 39°23'59.02"O	<b>PG10</b> 07°13'59.1"S 44°32'57.7"O	<b>PG14</b> 07°27'54.46"S; 40°24'36.95"O
	<b>PG3</b> 05°26'08.5"S 37°19'35.2"O	<b>PG7</b> 07°08'8.19"S; 39°34'26.47"O	<b>PG11</b> 07°14'37.5"S 44°32'43.0"O	<b>PG15</b> 07°27'56.09"S; 40°24'37.06"O
	<b>PG4</b> 05°27'18.5"S 37°19'33.2"O	<b>PG8</b> 07°14'16.13"S; 39°25'42.84"O	<b>PG12</b> 07°14'52.0"S 44°33'43.3"O	<b>PG16</b> 07°27'56.27"S; 40°24'37.18"O
<b>Tipo de solo</b>	Latossolo vermelho Amarelo Eutrófico; Redzina e Cambissolo Eutróficos	Solos Aluvias, Solos Litólicos, Podzólico Vermelho-Amarelo	Latossolos Amarelos, álicos ou distróficos, Podzólico Vermelho-amarelo concrecionário, plúntico ou não plúntico	Planossolos, Brunos não cálcios, Podzólicos, Solos Litólicos
<b>Vegetação</b>	Caatinga Hiperxerófila	Caatinga Arbustiva Densa, Cerrado, Floresta Subcaducifólia Tropical Pluvial, Floresta Caducifólia Espinhosa	Cerrado, Cerradão	Caatinga Hiperxerófila com trechos de Floresta Caducifólia
<b>Relevo</b>	Plano, Suave-ondulado	Depressão Sertaneja, Maciços Residuais	Superfície tabular reelaborada, plana ou levemente ondulada	Suave-ondulado, cortada por vales estreitos, com vertentes dissecadas
<b>Temperatura média (°C)</b>	28,1	25	25,5	26,5
<b>Pluviosidade (mm ano<sup>-1</sup>)</b>	469,8	1.127,1	800	674

**Fonte:** Aguiar and Gomes (2004); Beltrão et al. (2005a;2005b); Brandão and Feitosa (1998).

## 2.2 Beneficiamento e armazenamento de sementes

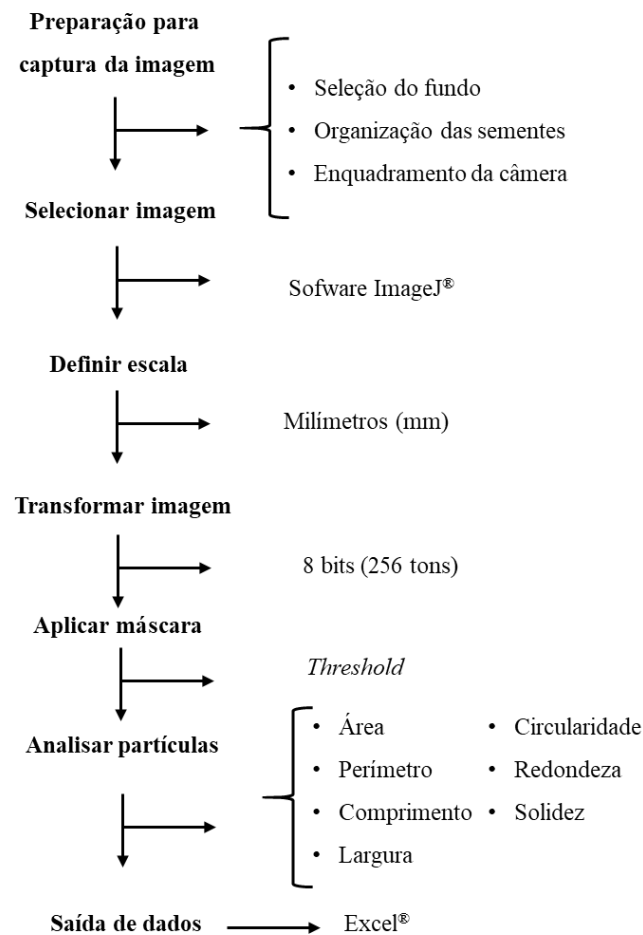
Após a coleta, as sementes de *M. caesalpiniiifolia* foram beneficiadas por debulha manual retirando-se as sementes mal formadas, quebradas, atacadas por insetos ou com presença de fungos. Posteriormente a retirada das impurezas as sementes foram acondicionadas em embalagem de papel em ambiente refrigerado (4 °C), permanecendo nessas condições até a fase experimental.

## 2.3 Caracterização morfométrica de sementes

A avaliação morfométrica das sementes foi realizada utilizando dois métodos, paquímetro digital e software ImageJ<sup>®</sup>. Foram selecionadas 100 sementes separadas aleatoriamente por cada procedência e cada árvore, sendo mensuradas (comprimento e largura) por meio de paquímetro digital graduado em milímetro com precisão de 0,05 mm.

O processamento digital de imagens foi realizado por meio do programa ImageJ<sup>®</sup>, no qual 100 sementes de cada procedência e cada árvore foram dispostas em folhas brancas e fotografadas com câmera de lente de 12mp a uma distância de 30 cm das sementes. Utilizou-se uma régua graduada em milímetros como escala. Conforme a metodologia adaptada proposta por Silva et al. (2013) foi mantida a mesma condição para todas as sementes avaliadas.

As imagens foram selecionadas no software ImageJ<sup>®</sup> e convertidas para o formato de 8 bits (256 tons). Em seguida, empregou-se a máscara *threshold* para contrastar os componentes da imagem com as sementes e procedeu-se com a análise das sementes (partículas) segundo metodologia de (FELIX et al., 2020) (Figura 2).



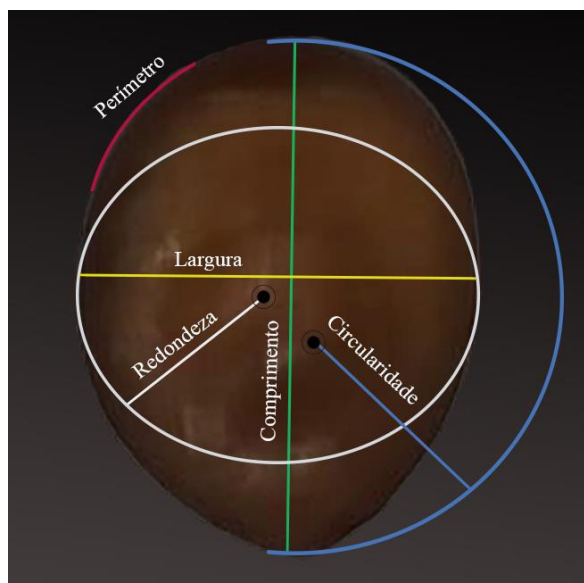
**Figura 2.** Etapas do processamento digital de imagens para obtenção da biometria de sementes de *M. caesalpiniiifolia* por meio do software ImageJ®.

Foram analisadas as variáveis morfométricas das sementes: área (mm<sup>2</sup>), perímetro (mm), circularidade (0,0-1,0), comprimento (mm), largura (mm), redondeza (0,0-1,0) e solidez (0,0-1,0) (Tabela 2; Figura 3).

**Tabela 2.** Descrição das variáveis morfométricas empregadas no processamento digital de imagens em sementes de *M. caesalpiniiifolia* Benth. utilizando o software ImageJ® de acordo com Felix et al. (2020).

Variável	Descrição
Área	Área de seleção da semente em unidades quadradas calibradas, calculado dentro do polígono definido pelo perímetro (mm <sup>2</sup> ).
Perímetro	Comprimento do limite externo da seleção da semente em unidades quadradas calibradas, calculado a partir dos centros dos pixels limite (mm).
Circularidade	Valor escalar de 0,0 a 1,0 indicando um círculo perfeito quando próximo a 1,0 para a forma da semente em relação ao seu perímetro $4\pi \times \frac{[\text{Área}]}{[\text{Perímetro}]^2}$ .
Comprimento	Maior distância entre dois pontos ao longo do limite de seleção da semente em unidades quadradas calibradas (mm).

Largura	Menor distância entre dois pontos ao longo do limite de seleção da semente em unidades quadradas calibradas (mm).
Redondeza	Valor escalar de 0,0 a 1,0 indicando um círculo perfeito quando próximo a 1,0 para a forma da semente em relação ao eixo maior $4 \times \frac{[\text{Área}]}{\pi \cdot [\text{Eixo maior}]^2}$
Solidez	Valor escalar de 0,0 a 1,0 indicado com relação a seleção de área convexa da semente $\frac{[\text{Área}]}{[\text{Área convexa}]}$



**Figura 3.** Representação gráfica dos parâmetros morfométricos mensurados para sementes de *M. caesalpinifolia* Benth. utilizando o software ImageJ®.

#### 2.4 Análises estatísticas

Foram realizados testes de correlação de Pearson entre comprimento e largura para os dois métodos utilizados (Paquímetro x ImageJ®). Para a interpretação dos resultados considerou-se uma correlação fraca quando o coeficiente de Pearson ( $r$ ) variou de  $r = 0,00$  até  $0,30$ , regular quando  $r > 0,31$  até  $0,60$ , forte  $> 0,61$  até  $0,90$ , muito forte quando  $r > 0,91$  até  $0,99$  e plena ou perfeita quando  $r = 1,00$  (CALLEGARI-JACQUES, 2003).

Para a análise de variância univariada dos caracteres fenotípicos o delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado (DIC), considerando 16 tratamentos (progênies) com 100 repetições cada (sementes). Os dados foram submetidos à análise de variância e quando ocorreu diferença significativa ( $p < 0,05$ ), o teste de Scott e Knott (1974) foi aplicado ( $p < 0,05$ ), para representação gráfica utilizou as médias padronizadas para fins comparativos entre caracteres. Também nesta etapa, foi estabelecida a correlação de Pearson entre as características fenotípicas avaliadas. Foi considerada como significativa a correlação de Pearson com  $p < 0,01$  e  $p < 0,05$ .

Para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância foi utilizada a metodologia de modelos mistos, onde foi considerado o modelo em um delineamento inteiramente ao acaso, teste de genótipos não aparentados, várias plantas (sementes) por parcela, com a inserção de efeitos de procedências no local dos efeitos de parcelas, sendo:

$$y = Xu + Zg + Wp + e$$

em que:  $y$  é o vetor de dados,  $u$  é o efeito da média geral (fixo),  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de procedências (aleatórios),  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

$X$ ,  $Z$  e  $W$  = matrizes de incidência para  $u$ ,  $g$  e  $p$ , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xu \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2}{h_g^2}, \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2}{c_p^2}$$

$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$  = herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

$c_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2}$  = coeficiente de determinação dos efeitos de procedências;

$\sigma_g^2$  = variância genotípica;

$\sigma_p^2$  = variância genotípica entre procedências;

$\sigma_e^2$  = variância residual;

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{u}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{p}' W'y]}{[N - r(x)]},$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}]}{q},$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{[\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}]}{s} \text{ em que:}$$

$C^{22}$  e  $C^{33}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

$C$  = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

$r(x)$  = posto da matriz  $X$ ;

$N$ ,  $q$ ,  $s$  = número total de dados, número de progênies e número de procedências, respectivamente.

Nesse modelo os valores genotípicos preditos são dados por  $\mu + g$ . Com os valores genotípicos foi obtida a correlação genética de Pearson entre as variáveis analisadas e demais análises de divergência genética. Foi considerada como significativa a correlação genética de Pearson com  $p < 0,01$  e  $p < 0,05$ .

A significância dos efeitos aleatórios ( $g$  e  $p$ ) foi obtida através da Análise de Deviance por meio do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As deviances foram obtidas conforme descrito por Resende (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos. Foi subtraída a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com um grau de liberdade a 5 % de significância (3,84).

O índice de fixação entre populações/procedências ( $F_{ST}$ ) foi calculado de acordo com a equação:

$$F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + (2 \times \sigma_g^2)}$$

em que:  $F_{ST}$  é o índice de fixação entre populações/procedências,  $\sigma_p^2$  é a variância genotípica entre procedências, e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica.

Para o estudo da divergência genética os valores genotípicos ( $\mu + g$ ) das progênies para cada característica foram submetidos a análise de agrupamento pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média genética padronizada. Adotou-se o ponto de corte do eixo horizontal do dendrograma com base nos resultados obtidos a partir do agrupamento Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014) de distância euclidiana média genética padronizada. A análise de componentes principais genéticos e o método de Singh (1981) foram utilizados para determinação da importância das 7 características no estudo da divergência genética entre as progênies.



Para a apresentação gráfica de formação de grupos (Scott-Knott) e o *heatmap* da formação dos grupos de acordo com as análises de agrupamento foi realizada a padronização dos valores fenotípicos e genotípicos para cada característica, respectivamente, com base na média das progênies inseridas em cada grupo com a equação:

$$z = \frac{(x - \mu)}{\sigma}$$

em que:  $z$  é o valor padronizado;  $x$  é a observação fenotípica ou genotípica individual;  $\mu$  é a média fenotípica ou genotípica populacional; e  $\sigma$  é o desvio padrão amostral.

Os dados de correlação (Paquímetro x ImageJ® e características fenotípicas) e análise univariada foram analisados pelo software R versão 3.6.3 (R Core Team, 2020) e auxílio do pacote ExpDes (Experimental Design) versão 1.2.0 (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2018), respectivamente. Para obtenção dos componentes de variância, valores genotípicos, correlações genéticas, análise de agrupamento genético (UPGMA e distância euclidiana genética), Tocher e componentes principais foi utilizado o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). A contribuição relativa dos caracteres para diversidade de Singh (1981) foi obtida pelo software Genes (CRUZ, 2013). A representação gráfica dos resultados foi realizada via software R (R Core Team, 2020) usando os pacotes ggplot2 (WICKHAM, 2016), corrplot (WEI; SIMKO, 2017) e factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020).

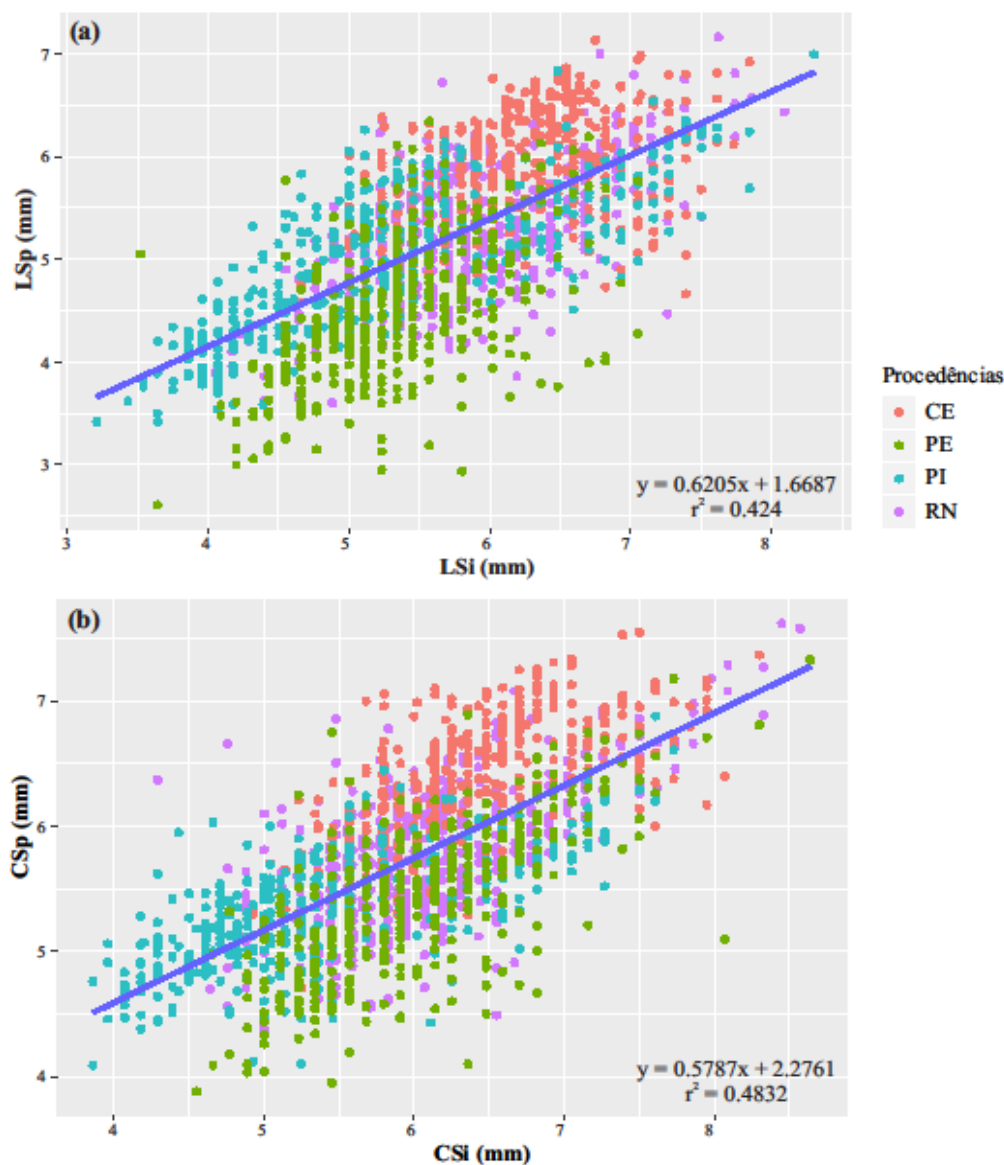
### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Correlações entre as medidas de paquímetro e análise de imagens

Os valores da correlação de Pearson ( $r$ ) entre comprimento e largura para as quatro procedências estudadas, quantificados pelos dois diferentes métodos (Paquímetro x ImageJ) estão presentes na figura 4. Os métodos demonstraram correlação linear forte ( $>0,6$  e  $<0,9$ ) (CALLEGARI-JACQUES, 2003) para a largura ( $r = 0,65$ ) e comprimento ( $r = 0,70$ ) de sementes de *M. caesalpiniifolia*.

Nesse estudo verificou-se que o coeficiente de correlação foi de forte a regular entre os métodos (Paquímetro x ImageJ®) para as variáveis de comprimento e largura. Conseqüentemente, o processamento digital de imagens apresenta concordância aceitável com o método do paquímetro e deve ser preferível por ser um método de baixo custo e tempo de análise (KAPADIA; SASIDHARAN; KALYANRAO, 2017) aumentando a eficiência da coleta de dados (MEDEIROS; PEREIRA; SILVA, 2018). Além disso, possibilita a coleta de

variáveis morfológicas que não poderiam ser obtidas por técnicas tradicionais (ORRÙ et al., 2013).



**Figura 4.** Coeficiente de correlação entre: (a) largura de sementes mensuradas no paquímetro (LSp) x largura de sementes mensuradas no ImageJ® (LSi) e (b) comprimento de sementes mensuradas no paquímetro (Csp) x comprimento de sementes mensuradas no ImageJ® (CSi) para determinar a biometria de sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. de procedências dos Estados brasileiros Ceará (CE), Pernambuco (PE), Piauí (PI) e Rio Grande do Norte (RN).

Algumas características como área, perímetro, circularidade, redondeza e solidez são de difícil obtenção por meio das técnicas tradicionais como o uso de paquímetro (BAEK et al., 2020). No entanto, essas características podem ser facilmente obtidas por meio da análise digital de imagens com o software ImageJ® que se mostra de grande valia para estudos de diversidade genética.

Diversos trabalhos estão sendo realizados com o intuito de atestar a importância da análise de imagem das sementes em estudos de diversidade genética, como Sau et al. (2019) avaliando as características morfo-colorimétricas e o desempenho da análise de imagens de sementes para investigar as características fenotípicas de cultivares de *Malus domestica* Borhk., concluíram que a técnica é uma ferramenta válida nos estudos de diversidade e é capaz de identificar importantes qualidades fenotípicas, resultando em uma ferramenta útil para a seleção precoce de características dos frutos de maçã. A fim de discriminar os genótipos de primavera e inverno de *Camelina sativa* L. com base na variação nos parâmetros morfométricos de sementes, Wiwart et al. (2019) concluíram que a análise digital de imagem é um método simples e de baixo custo para discriminar sementes de *C. sativa* L. com base nos descritores de forma. Felix et al. (2020) ao analisarem morfologicamente sementes de *Pityrocarpa moniliformis* Benth. por meio do software ImageJ® obtiveram resultados satisfatórios, no qual, o processamento digital de imagens foi eficiente em aferir e detectar diferenças morfométricas entre sementes das matrizes estudadas.

### 3.2 Análise univariada e correlação fenotípica

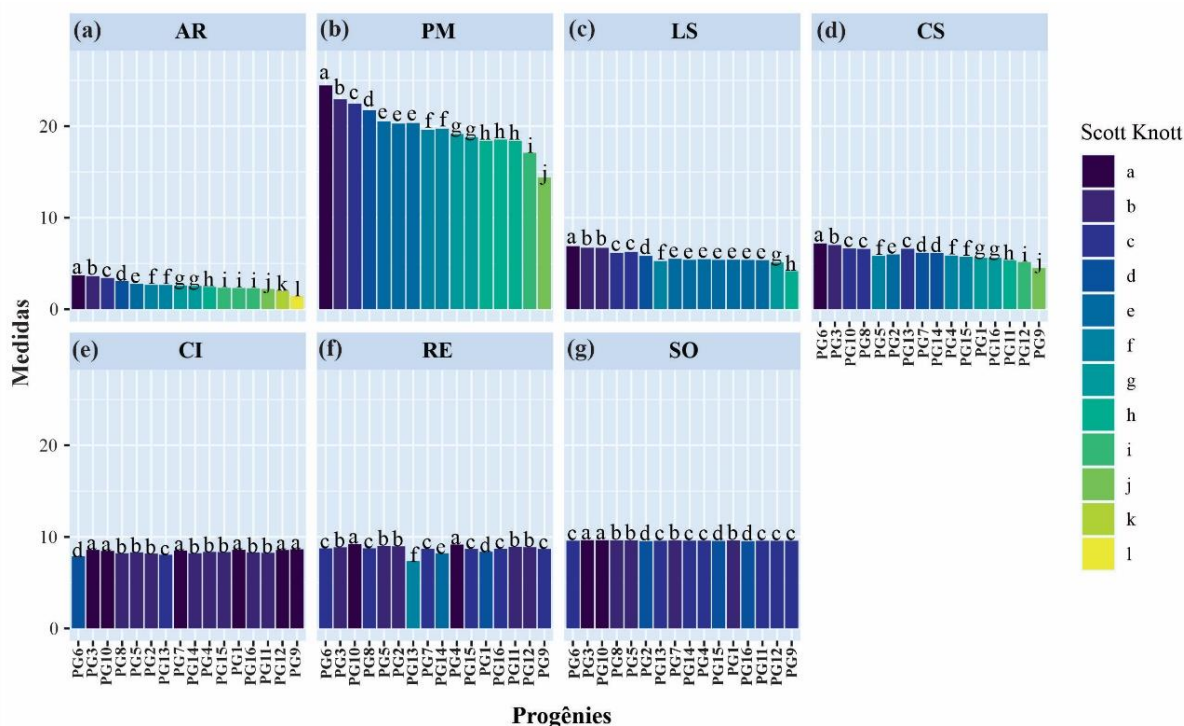
De acordo com análise de variância (Tabela 3) as características avaliadas foram significativas ( $p < 0,01$ ). Assim, os resultados das análises obtidos a partir do processamento digital de imagem evidenciam as diferenças entre os aspectos morfológicos em sementes das 16 progênies estudadas.

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância de 7 variáveis morfométricas avaliados em 16 progênies de *M. caesalpiniiifolia*.

<b>F.V.</b>	<b>AR</b>	<b>PM</b>	<b>LS</b>	<b>CS</b>	<b>CI</b>	<b>RE</b>	<b>SO</b>
<b>P valor</b>	0,000	0,000	0,000	0,000	$3,70 \times 10^{-44}$	$1,28 \times 10^{-99}$	$5,85 \times 10^{-36}$
<b>Q.M.Res</b>	0,107	2,31	0,233	0,217	0,2621	0,4805	0,006073
<b>Média</b>	2,63	19,80	5,69	6,00	8,34	8,71	9,59
<b>CV (%)</b>	12,45	7,68	8,49	7,77	6,14	7,96	0,81
<b>G.L. = Matrizes (15); Resíduo (1584)</b>							

F.V.: Fontes de variação; Q.M.Res: Quadrado Médio do Resíduo; CV (%): Coeficiente de Variação Experimental; G.L: Graus de Liberdade. AR: Área; PM: Perímetro; LS: Largura; CS: Comprimento; CI: Circularidade; RE: Redondeza; SO: Solidez.

Por meio do teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 1% de significância foi possível verificar a formação de diferentes grupos a partir de padrões de similaridade para cada característica analisada, indicando assim, a presença de variabilidade fenotípica entre as progênies (Figura 5).



**Figura 5.** Agrupamento das médias de 7 variáveis morfológicas avaliadas em 16 progênies de *M. caesalpinifolia* pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância. Em que: **a)** Área (AR); **b)** Perímetro (PM); **c)** Largura (LS); **d)** Comprimento (CS); **e)** Circularidade (CI); **f)** Redondeza (RE) e **g)** solidez (SO). Medidas: Valores fenotípicos médios padronizados.

De acordo com a variável Área (AR) houve a formação de doze grupos, de modo que a PG6 (grupo a) e a PG9 (grupo l) apresentaram a maior e menor área, respectivamente, para as sementes de *M. caesalpinifolia* (Figura 5a). Para o Perímetro (PM) as progênies formaram dez grupos com o maior perímetro contendo a PG6 (grupo a) e o menor a PG9 (grupo j) (Figura 5b).

Com relação a largura de sementes (LS) as progênies foram categorizadas em oito grupos com a PG6 (grupo a), apresentando sementes com maior largura, enquanto a PG9 (grupo h) menor largura (Figura 5c). O comprimento de sementes (CS) foi maior na progênie PG6 (grupo a) e menor na PG9 (grupo j) formando dez grupos (Figura 5d).

A circularidade de sementes (CI) promoveu a formação de quatro grupos, na qual foi maior nas PG3, PG10, PG7, PG1, PG12 e PG9 (grupo a), enquanto a PG6 (grupo d) apresentou a menor circularidade (Figura 5e). A redondeza de sementes (RE) promoveu a formação de seis grupos, onde foi maior nas PG10 e PG4 (grupo a) e menor na PG13 (grupo f) (Figura 5f). Para a solidez de sementes (SE) formou quatro grupos: PG3 e PG10 (grupo a) os maiores valores e PG6, PG13, PG14, PG4, PG11, PG12 e PG9 (grupo c) os menores valores (Figura 5g).

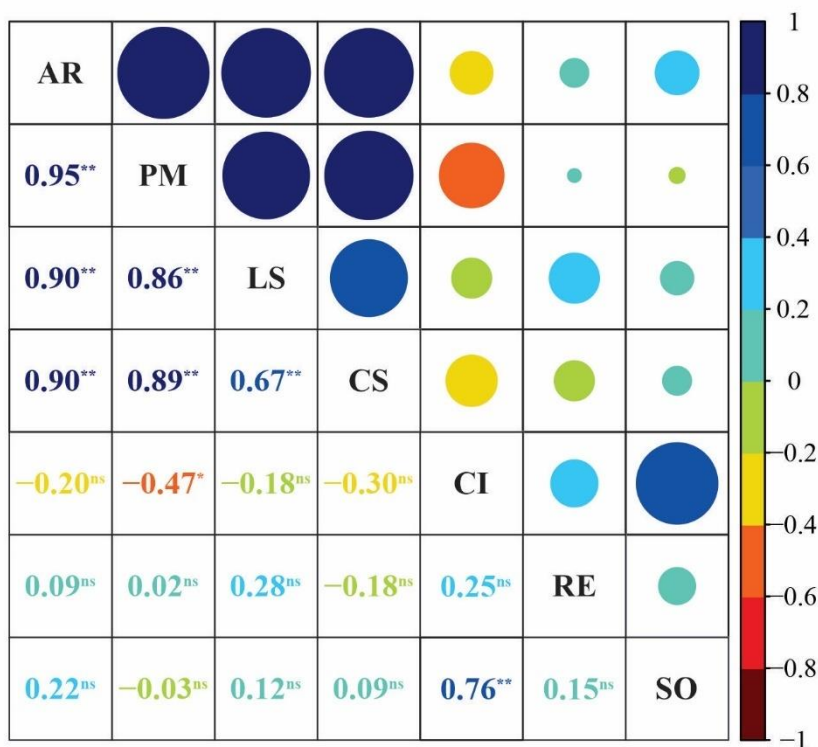
As variações morfométricas das sementes de *M. caesalpinifolia* ocorreram provavelmente em função das variações genéticas que ocorrem dentro da mesma espécie em função das influências ambientais e das características genéticas das procedências (ZARUMA et al., 2015), de modo que as sementes coletadas em diferentes estados contribuem ainda mais para o aumento da variação genética entre as progênies.

Em análises de diversidade genética são necessárias avaliações de muitas variáveis, as quais isoladas, na maioria dos casos, fornecem poucas informações sobre a variabilidade presente em uma população, sendo de grande dificuldade a interpretação desses dados (MINGOTI, 2007), como é o caso da análise univariada que por basear-se em apenas uma ou poucas características, acaba se tornando pouco eficaz em função da necessidade de avaliação e interpretação simultaneamente de um máximo possível de variáveis envolvidas (MAÊDA et al., 2001).

Nesses estudos, a análise da variância e os testes de comparação de média são de caráter preliminar, sendo que resultados mais consistentes e de mais fácil compreensão são obtidos através de técnicas de Análise multivariada, na qual é feita com base no desempenho individual associado ao desempenho da progênie, onde esse tipo de seleção disponibiliza múltiplas informações inseridas na unidade experimental e, conseqüentemente, discriminam materiais mais promissores (COSTA; SILVA; EBERT, 2013).

Desse modo, a decisão geral da formação de grupos de fenótipos divergentes, levando em consideração todos os caracteres avaliados, não é suficiente neste tipo de metodologia, assim, a aplicação de técnicas de análise multivariada para auxílio da tomada de decisão e conclusões do trabalho tornam-se necessárias.

Correlações de Pearson significativas ( $p \leq 0,01$ ) foram observadas na análise das características fenotípicas (Figura 6). Observando os valores da Figura 6 nota-se alta correlação entre a AR x PM, AR x LS, AR x CS, PM x LS, PM x CS, LS x CS, e SO x CI, demonstrando que sementes que apresentaram maior área são também as que possuem o maior perímetro, largura e comprimento.



**Figura 6.** Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres fenotípicos de 16 progênies de *M. caesalpinifolia* analisadas por processamento digital de imagens.

Em que: \*\*: Significativo  $p < 0,01$ ; \*: Significativo  $p < 0,05$ ; ns: não significativo; Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO). O tamanho do círculo e a coloração indicam a magnitude e a direção de cada correlação, respectivamente.

A existência de alta correlação fenotípica entre os caracteres divergentes possibilita a obtenção de ganho na seleção indireta de uma característica em relação a outra, quando outra correlacionada a ela for manipulada por processos seletivos (GILES et al., 2016), de modo que permite-se realizar seleção em uma característica de fácil mensuração, visando obter ganhos de difícil avaliação ou de baixa herdabilidade em outra característica (CRUZ et al., 2012). No entanto, as correlações fenotípicas apresentam pouco valor prático, pois possuem causas genéticas e ambientais, no qual, somente as associações de natureza genética são herdáveis (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Assim, em estudos de diversidade genética é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genético e ambiental entre os caracteres analisados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

### 3.3 Parâmetros genéticos e correlação genotípica

A variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) foi significativa ( $p < 0,05$ ) e a variância entre procedências ( $\sigma_p^2$ ) não foi significativa ( $p \geq 0,05$ ) para todas as características (Tabela 4),

evidenciando a alta variabilidade entre progênies e baixa entre procedências. Em bancos de germoplasma ou populações naturais de espécies alógamas a maior variabilidade tem sido observada dentro das populações/procedências (FERREIRA et al., 2012) como em populações de *Euterpe edulis* (Moraes et al. 2020) e *Mauritia flexuosa* (Rossi et al. 2014). Portanto, visando a maximização de ganhos genéticos e a manutenção da variabilidade genética da espécie deve-se amostrar maior número de progênies por procedência.

**Tabela 4.** Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) para as 16 progênies de *M. caesalpinifolia*.

C.V.	AR	PM	LS	CS	CI	RE	SO
$\sigma_g^2$	0,32*	5,05*	0,45*	0,43*	0,04*	0,14*	0,001*
$\sigma_p^2$	0,04 <sup>ns</sup>	0,88 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,00004 <sup>ns</sup>
$\sigma_e^2$	0,11	2,31	0,23	0,22	0,26	0,48	0,01
$\sigma_f^2$	0,47	8,25	0,74	0,73	0,31	0,68	0,01
$h_g^2$	0,69±0,06	0,61± 0,06	0,60± 0,05	0,59± 0,05	0,12± 0,02	0,20± 0,03	0,12± 0,02
$h_p^2$	0,75	0,69	0,66	0,67	0,12	0,22	0,12
$r_{gg}$	0,94	0,93	0,93	0,92	0,89	0,89	0,92
$c_p^2$	0,08	0,11	0,09	0,11	0,03	0,09	0,01
$CV_{gi}$ (%)	21,56	11,35	11,74	10,94	2,31	4,28	0,3
$CV_e$ (%)	7,4	4,8	4,52	4,8	1,27	2,96	0,1
$F_{ST}$	0,05	0,08	0,07	0,09	0,10	0,18	0,02
<b>Média geral</b>	2,63	19,8	5,69	6,00	8,34	8,71	9,59

C.V.: Componentes de variância; AR: Área; PM: Perímetro; LS: Largura; CS: Comprimento; CI: Circularidade; RE: Redondeza; SO: Solidez;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_p^2$ : variância genotípica entre procedências;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_g^2$ : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;  $h_p^2$ : herdabilidade genotípica ajustada para os efeitos de procedência;  $r_{gg}$ : acurácia genética;  $c_p^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos de procedências;  $CV_{gi}$ (%): coeficiente de variação genotípica;  $CV_e$ (%): coeficiente de variação residual;  $F_{ST}$ : índice de fixação entre populações. \*Significativo a 5 % via teste LRT; <sup>ns</sup>Não significativo a 5% via teste LRT.

A variação genotípica ( $\sigma_g^2$ ) foi superior a variação residual ( $\sigma_e^2$ ) para a maioria das características estudadas (AR, PM, LS, CS). Apenas para as características de CI, RE e SO a variância residual superou a variância genotípica. Esses valores indicam uma predominância dos efeitos das progênies na expressão das características de AR, PM, LS e CS. Esses resultados sugerem que há presença de diversidade genética entre as progênies e que por mais que exista influência da variação ambiental na expressão das características de AR, PM, LS e CS, o genótipo exerce a principal influência sobre as variações morfométricas das sementes de *M. caesalpinifolia*, o que caracteriza uma condição favorável para a obtenção de ganhos genéticos com a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Resende (2015), classifica os valores de herdabilidade no sentido restrito como: baixo (< 0,15), intermediário (0,15 a 0,50) e alto ( $\geq 0,50$ ). As herdabilidades genotípicas ajustadas

para os efeitos de procedência ( $h_p^2$ ) foram altas para a maioria das características estudadas e com valores próximos aos da herdabilidade genotípica no sentido amplo ( $h_g^2$ ), indicando que há predominância da variação genética entre as progênies. Em geral, as  $h_g^2$  foram altas para as variáveis AR, PM, CS e LS e moderada a baixa para CI, SO e RE (Tabela 4).

O coeficiente de herdabilidade nos estudos genéticos de morfometria de sementes tem como principal função expressar o grau de confiança do valor fenotípico como indicador do ganho genético (SILVA et al., 2018a), pois quantifica a fração da variação fenotípica de natureza herdável passível de ser explorada na seleção (MORAES et al., 2015). Os valores encontrados para os coeficientes de herdabilidade ajustada para os efeitos de procedência ( $h_p^2$ ) sugerem ganhos genéticos significativos a serem explorados em um programa de melhoramento. A baixa magnitude de herdabilidade encontrada para as variáveis de CI, SO e RE indicam que os efeitos ambientais foram superiores na manifestação destas características para as progênies. Assim, as características que apresentaram maiores valores de herdabilidade são as recomendadas para a seleção.

Os valores obtidos para acurácia genética ( $r_{gg}$ ) demonstraram adequada qualidade experimental (Tabela 4), resultando em maior confiabilidade seletiva dos genótipos (RESENDE; DUARTE, 2007). A acurácia foi considerada muito alta ( $> 0,89$ ) para todas as variáveis. Os valores para as estimativas do coeficiente de determinação dos efeitos de procedências ( $c_p^2$ ) são baixos para todas as características analisadas (Tabela 4).

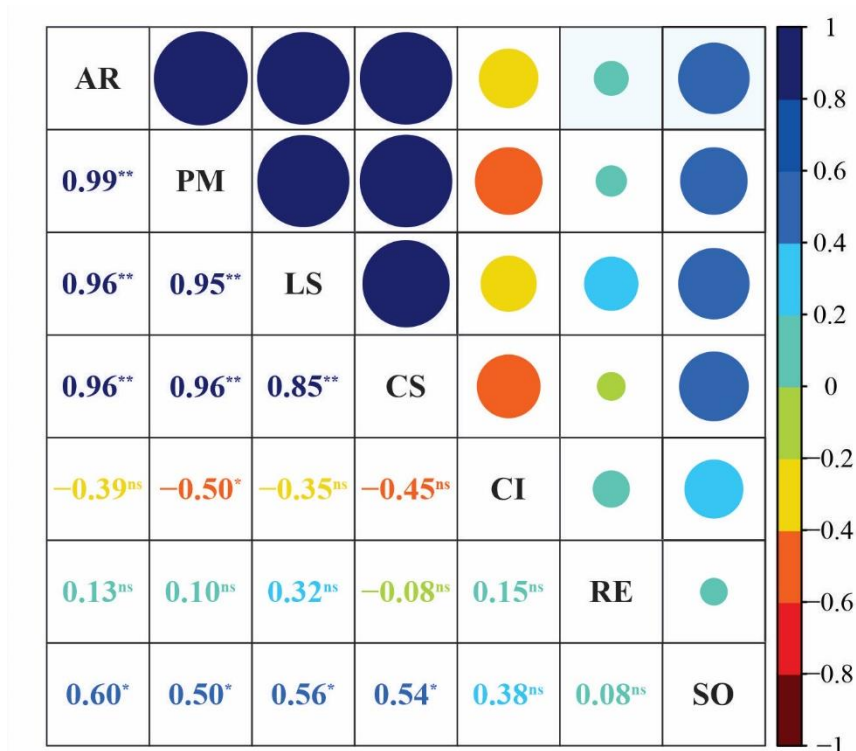
As estimativas dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências quando apresentam baixas magnitudes indicam que a maior parte da diversidade genética se encontra distribuída dentro das procedências, ou seja, entre as progênies, sendo um padrão de distribuição normalmente observado em espécies alógamas como a *M. caesalpinifolia*. Essas assertivas são condizentes com as estimativas encontradas para a variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) e variância genotípica entre procedências ( $\sigma_p^2$ ). Resultados sob o mesmo foco de discussão foram encontrados por Gois et al. (2018). Os autores estudaram a variabilidade genética em populações naturais de *Cassia grandis* quando seus resultados evidenciaram que maior parte da diversidade genética se encontrava distribuída dentro das populações.

O  $F_{ST}$  foi pequeno a moderado para todas as variáveis segundo Wright (1978) e a variância de procedência foi nula para todas as variáveis pelo teste LRT (Tabela 4). Portanto, não há evidência de estrutura populacional de acordo com a localização geográfica das matrizes para os caracteres avaliados. A ausência de diferenças significativas entre procedências de *M. caesalpinifolia* pode indicar que a estratégia amostral utilizada não foi



efetiva para reter a variabilidade genética das populações em estudo ou que os caracteres analisados não são indicados para verificar esse tipo de informação, recomendando-se, em testes futuros, selecionar populações mais distantes e/ou aumentar o número de unidades amostrais e buscar outras características fenotípicas e até mesmo moleculares para identificar as populações.

Correlações genotípicas altamente significativas ( $p \leq 0,01$ ) foram identificadas entre os caracteres AR x PM, AR x LS, AR x CS, PM x LS, PM x CS e LS x CS (Figura 7). As correlações genotípicas na maior parte dos casos apresentaram valores superiores quando comparada as correlações fenotípicas. Assim, constata-se que houve maior contribuição dos fatores genéticos em relação aos ambientais nas correlações entre os caracteres.

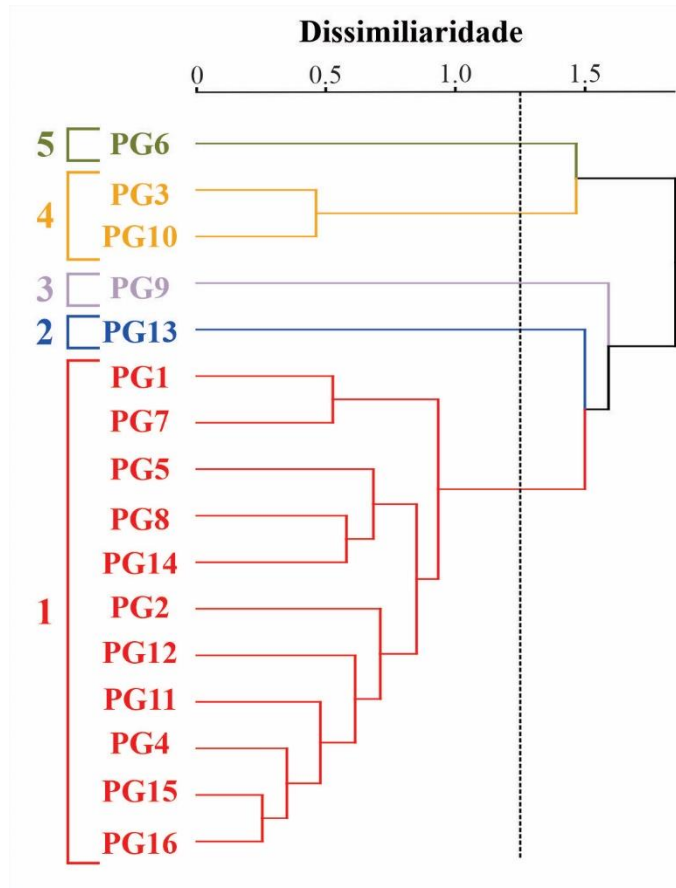


**Figura 7.** Coeficiente de correlação de Pearson (r) entre os caracteres genotípicos de 16 progênies de *M. caesalpinifolia* analisadas por processamento digital de imagens.

Em que: \*\*: Significativo a 1% de probabilidade; ns: não significativo; Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO). O tamanho do círculo e a coloração indicam a magnitude e a direção de cada correlação, respectivamente.

Estes resultados evidenciam que há uma forte associação positiva entre a área, perímetro, largura e comprimento de sementes, sendo possível obter ganhos nas seleções simultâneas entre essas características. A correlação genotípica entre esses caracteres ocorreu provavelmente em função do efeito pleiotrópico, em que um loco pode afetar diferentes caracteres (BALESTRE et al., 2012).





**Figura 9.** Dendrograma baseado na distância euclidiana de valores genotípicos padronizados pelo método UPGMA entre 16 progênies de *M. caesalpinifolia*.

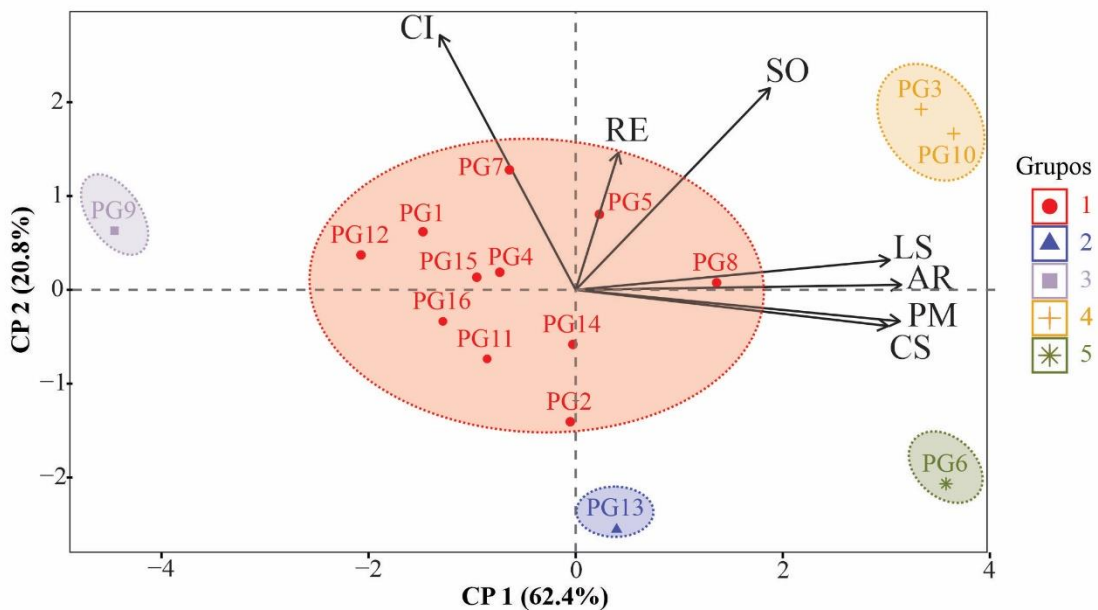
As progênies pertencentes a mesma localidade foram agrupadas em grupos distintos, indicando que progênies de mesma região podem não apresentar elevado grau de parentesco (FLÁVIO, 2010). De acordo com Aslam et al. (2011), quando existem grupos formados por progênies de diferentes procedências pode indicar que a espécie possui uniformidade genética.

Esses resultados podem ser confirmados a partir das estimativas de variância genotípicas entre procedências e os valores obtidos para o  $F_{ST}$ , no qual, evidenciam a predominância da variabilidade genética entre as progênies e que não há divergência genética suficiente entre as procedências afim de classificá-las como populações distintas pelos caracteres avaliados. Resultados semelhantes foram encontrados por Leão et al. (2018), ao avaliarem a diversidade morfométrica de sementes e frutos de *Swietenia macrophylla* King, em que o agrupamento entre as progênies se deu independente da sua localização geográfica.

Os dois primeiros componentes principais explicaram 83,22 % da variação. Os grupos formados por meio dos componentes principais (Figura 10) seguiram a mesma tendência dos métodos Tocher e UPGMA. A figura 12 possibilitou a visualização de quais progênies são

mais divergentes entre si. O primeiro componente principal (CP1 – 62,38 %) está associado as variáveis área (AR), perímetro (PM), largura (LS) e comprimento (CS). O segundo componente principal (CP2 – 20,8 %) está mais associado as variáveis circularidade (CI), solidez (SO) e redondeza (RE) (Figura 13).

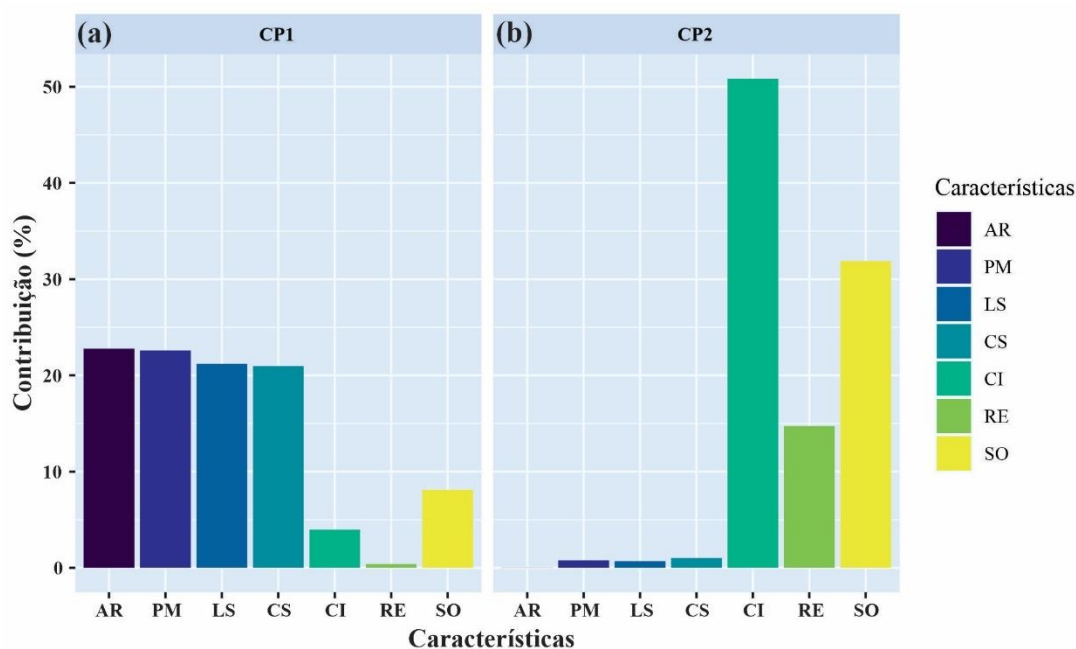
A projeção gráfica demonstrou uma dispersão mais à direita no primeiro componente principal para o grupo 4 e grupo 5, refletindo em melhor desempenho para as variáveis associadas a ele. Algumas progênies foram plotadas mais afastadas do conjunto com sentidos diferentes, como por exemplo os grupos 2 e 3. Isso ocorre devido à baixa correlação dos grupos entre as características morfométricas relacionadas ao primeiro componente principal.



**Figura 10.** Bitplot das 16 progênies de *M. caesalpinifolia*, com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação morfométrica de sementes.

Em que: Grupo 1: PG1, PG2, PG4, PG5, PG7, PG8, PG11, PG12, PG14, PG15 e PG16; Grupo 2: PG13; Grupo 3: PG9; Grupo 4: PG3 e PG10; Grupo 5: PG6. Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO).

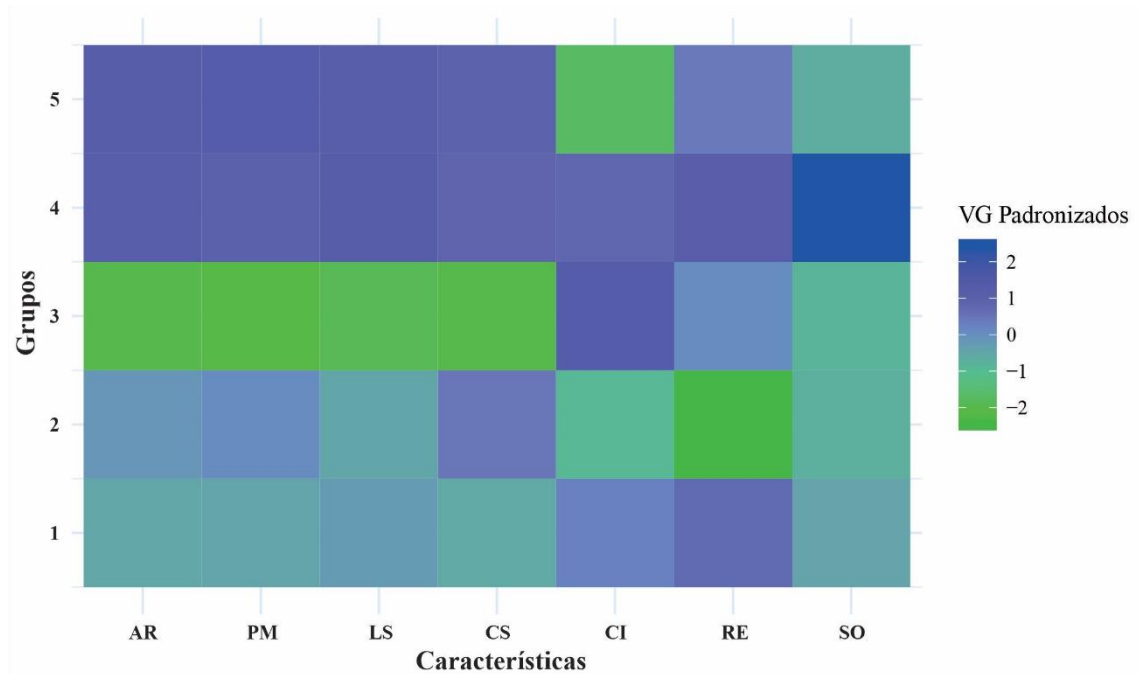
A partir das análises das variáveis nos dois primeiros componentes principais (Figura 11) é possível observar que todas elas contribuíram para variação, comprovando assim a importância de avaliá-las em estudos relacionados a diversidade genética em progênies de *M. caesalpinifolia*.



**Figura 11.** Contribuição relativa das variáveis morfométricas das 16 progênes de *M. caesalpinifolia* para os dois primeiros componentes principais. Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO).

Com a padronização das variáveis podemos observar na Figura 12, por meio do *heatmap*, a representação comportamento dos grupos formados para cada variável entre os dois primeiros componentes. O grupo 1 foi composto pela maioria das progênes que incluiu árvores localizadas em todas as regiões estudadas, este grupo apresentou as progênes com valores mais próximos as médias para as variáveis. O grupo 2 apresentou a progênie com as menores médias para as variáveis de circularidade, redondeza e solidez. Já o grupo 3 a progênie que apresentou as menores médias de área, perímetro, largura e comprimento de sementes. O grupo 4 incluiu as progênes com as maiores médias para as características de circularidade e redondeza, enquanto o grupo 5 a progênie com maior área, perímetro, largura e comprimento de sementes. A PG13 (grupo 2), PG9 (grupo 3) e PG6 (grupo 5) formaram grupos isolados e, portanto, são as progênes mais divergentes.

Com isso, evidencia-se a importância da representação gráfica das progênes estudadas com vistas a obter resultados visíveis e práticos que indiquem estratégias para nortear a tomada de decisão pelo melhorista, seja ela para a conservação ou seleção das progênes de *M. caesalpinifolia*.



**Figura 12.** Gráfico *heatmap* baseado na formação dos grupos das 16 progênies de *M. caesalpinifolia* a partir da média genotípica padronizada.

Em que: Grupo 1: PG1, PG2, PG4, PG5, PG7, PG8, PG11, PG12, PG14, PG15 e PG16; Grupo 2: PG13; Grupo 3: PG9; Grupo 4: PG3 e PG10; Grupo 5: PG6. Área (AR); Perímetro (PM); Largura (LS); Comprimento (CS); Circularidade (CI); Redondeza (RE) e solidez (SO).

A exploração da variabilidade dentro e entre grupos apresenta grande importância nos programas de melhoramento dado que aumentam a probabilidade de seleção de indivíduos superiores e com ampla variabilidade para os caracteres de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). No entanto, a elevada porcentagem de genótipos similares reduz a possibilidade de obtenção de híbridos interpopulacionais ou intergrupos, de modo que, o cruzamento entre indivíduos de um mesmo grupo pode resultar em baixa heterose. Assim, recomenda-se a seleção de grupos com maiores divergências, a fim de explorar de forma mais eficiente a heterose através de cruzamentos entre indivíduos que apresentem ampla variabilidade entre seus caracteres (ROTILI et al., 2012).

A análise de divergência genética por técnicas multivariadas como o método UPGMA, o método de agrupamento Tocher e análise dos componentes principais e o *heatmap* foram concordantes entre si, possibilitando a identificação de grupos a serem inter cruzados para ganhos em heterose e aumento da diversidade genética.

#### 4. CONCLUSÕES

O processamento digital de imagens foi eficiente para discriminar as diferenças morfométricas entre as procedências estudadas e, portanto, uma ferramenta potencial nos estudos de diversidade genética de *M. caesalpiniifolia*.

A análise multivariada permitiu conhecer melhor o comportamento das progênies em relação aos caracteres morfométricos, constituindo-se como uma importante ferramenta na indicação das progênies para estudos de conservação e seleção de progênies produtoras de sementes.

As estimativas de parâmetros genéticos para as características de AR, PM, LS e CS evidenciaram alta variabilidade genética para essas características, havendo possibilidade de ganhos considerando a seleção com base no genótipo.

Todas as variáveis analisadas contribuíram para a caracterização morfométrica das sementes, sugerindo que essas variáveis são indispensáveis nos estudos de diversidade genética para a espécie.

A maior parte da variabilidade foi encontrada em nível de progênie (dentro das procedências). As progênies agrupadas em diferentes grupos e que apresentaram características desejáveis podem ser utilizadas na conservação genética, produção de mudas, bancos de germoplasma, projetos de reflorestamento e em plantios comerciais.

#### 5. REFERENCIAS

ABBAS, R. et al. Halotolerant PGPR: A hope for cultivation of saline soils. **Journal of King Saud University - Science**, v. 31, n. 4, p. 1195–1201, 2019.

AGUIAR, R. B. DE; GOMES, J. R. DE C. **Diagnóstico do município de Uruçui**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em: <[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel\\_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y)>.

ALVES, E. U. et al. Dormência e desenvolvimento de sementes de sabiá (*Mimosa caesalpiniifolia* Benth.). **Revista Árvore**, v. 28, n. 5, p. 655–662, 2004.

ALVES, E. U. et al. Germinação e biometria de frutos e sementes de *Bauhinia divaricata* L. **Sítientibus Série Ciências Biológicas**, v. 7, n. 3, p. 193–198, 2007.

ANDRADE, D. B. DE et al. Detection of green seeds in soybean lots by the seed analysis system (SAS). **International Journal of Current Research**, v. 8, n. 2, p. 26462–26465, 2016.

ANDRADE, L. A. et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes, grau de umidade e superação de dormência de jatobá. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 2, p. 293–299, 2010.

ARAUJO, E. B. G. et al. Crescimento inicial e tolerância de cultivares de meloeiro à salinidade da água. **Revista Ambiente e Água**, v. 11, n. 2, p. 462–471, 2016.

ARIF, Y. et al. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: An omic approach towards salt stress tolerance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, n. 11, p. 64–77, 2020.

ASHRAF, M. **Inducing drought tolerance in plants: Recent advances** *Biotechnology Advances* *Biotechnol Adv*, , 2010. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19914371/>>. Acesso em: 16 dez. 2020.

ASLAM, M.; RESHI, Z. A.; SIDDIQI, T. O. Genetic divergence in half-sib progenies of *Pinus wallichiana* A.B. Jackson plus trees in the Kashmir Himalaya, India. **Tropical Ecology**, v. 52, n. 2, p. 201–208, 2011.

BAEK, J. et al. High throughput phenotyping for various traits on soybean seeds using image analysis. **Sensors (Switzerland)**, v. 20, n. 1, p. 1–9, 2020.

BALBINOT, E. et al. Crescimento inicial e fertilidade do solo em plantios puros e consorciados de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, n. 85, p. 27–37, 2010.

BALESTRE, M. et al. Bayesian mapping of multiple traits in maize: The importance of pleiotropic effects in studying the inheritance of quantitative traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 3, p. 479–493, 2012.

BARBOSA, J. et al. Uso de imagens digitais obtidas com câmeras para analisar plantas. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 15–24, mar. 2016.

BARRETO, R. W.; MARINI, F. S. *Mycovellosiella robbsii* sp. nov. causing leaf-spot on *Mimosa caesalpiniaefolia*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 6, p. 605–608, 2002.

BARRETTO, S. S. B.; FERREIRA, R. A. Aspectos aspectos morfológicos de frutos frutos, sementes, plântulas e mudas de leguminosae mimosoideae: *Anadenanthera colubrina* (Vellozo) Brenan e *enterolobium contortisiliquum* (Vellozo) morong. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 2, p. 223–232, 2011.

BARROZO, L. M. et al. Qualidade sanitária de sementes de *Arachis hypogaea* L. em função de velocidades de arranquio e recolhimento. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 4, p. 573–579, 2012.

BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Araripina**. Recife: [s.n.]. Disponível em: <[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel\\_Araripina.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel_Araripina.pdf?sequence=1)>.

BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Upanema**. Recife: [s.n.]. Disponível em: <[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel\\_upanema.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel_upanema.pdf?sequence=1)>.

BETONI, R.; SCALON, S. DE P. Q.; MUSSURY, R. M. Salinidade e temperatura na germinação e vigor de sementes de mutambo (*Guazuma Ulmifolia* Lam.) (Sterculiaceae). **Revista Arvore**, v. 35, n. 3 SUPPL.1, p. 605–616, 2011.

BISPO, R. B. et al. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Revista Nativa**, v. 8, n. 4, p. 585–590, 2020.



- BRACCINI, A. L. et al. Germinação e vigor de sementes de soja sob estresse hídrico induzido por soluções de cloreto de sódio, manitol e polietilenoglicol. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18, n. 1, p. 10–16, 1996.
- BRAGA, L. F. et al. Caracterização morfolométrica de sementes de castanha de sapucaia (*Lecythis pisonis* Cambess. - Lecythidaceae). **Revista de Ciências Agro-Ambientais**, v. 5, n. 1, p. 111–116, 2007.
- BRAGA, L. F.; SOUSA, M. P.; ALMEIDA, T. A. Germinação de sementes de *Enterolobium schomburgkii* (Benth.) Benth. submetidas a estresse salino e aplicação de poliamina. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 11, n. 1, p. 63–70, 2009.
- BRANDÃO, R. DE L.; FEITOSA, F. A. C. **Diagnóstico de município de Caririçu**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em: <[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel\\_Caririçu.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel_Caririçu.pdf?sequence=1)>.
- BRITO, S. F. DE et al. Morfometria de frutos e sementes e desenvolvimento pós-seminal de *Acnistus arborescens*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 57, n. 4, p. 422–428, 2014a.
- BRITO, M. E. B. et al. Sensibilidade à salinidade de híbridos trifoliados e outros porta-enxertos de citros. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 17–27, 2014b.
- BRUNO, R. L. A. et al. Tratamentos pré-germinativos para superar a dormência de sementes de *Mimosa caesalpiniaefolia* Benth. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 23, n. 2, p. 136–143, 30 dez. 2001.
- CALLEGARI-JACQUES, S. M. **Bioestatística: princípios e aplicações**. Porto Alegre: Artmed, 2003.
- CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2012.
- CARVALHO, P. E. R. **Sabiá (*Mimosa Caesalpinifolia*) Taxonomia e Nomenclatura**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 135), 2007.
- COIMBRA, R. DE A. et al. Teste de germinação com acondicionamento dos rolos de papel em sacos plásticos. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 1, p. 92–97, abr. 2007.
- COSTA, R. B. DA; SILVA, J. C. DA; EBERT, A. Análise Univariada e Multivariada: importância para o melhoramento genético de espécies florestais com ênfase em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Multitemas**, v. 2, n. 44, p. 13–25, 2013.
- COSTA, G. S. et al. Aporte de nutrientes pela serapilheira em uma área degradada e revegetada com leguminosas arbóreas. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 28, n. 5, p. 919–927, set. 2004.
- COSTA, M. F. et al. Caracterização e divergência genética de populações de *Casearia grandiflora* no cerrado Piauiense. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387–396, 2016.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.

- DANTAS, C. V. S. et al. **Influence of salinity and water deficit on the germination of *Carthamus tinctorius* L. seeds** *Revista Brasileira de Sementes* Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes, , 2011. Disponível em: <[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt)>. Acesso em: 30 nov. 2020.
- DEUNER, C. et al. Viabilidade e atividade antioxidante de sementes de genótipos de feijão-miúdo submetidos ao estresse salino. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 4, p. 711–720, 2011.
- DUTRA, T. R. et al. Efeito da salinidade na germinação e crescimento inicial de plântulas de três espécies arbóreas florestais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 37, n. 91, p. 323, 2017.
- FELIX, F. C. et al. Biometry of *Pityrocarpa moniliformis* seeds using digital imaging: implications for studies of genetic divergence. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 15, n. 1, p. 1–8, 30 mar. 2020.
- FENNER, M.; THOMPSON, K. **Seed ecology**. Cambridge: Cambridge University Press, 2005.
- FERREIRA, C. B. B. et al. Diversidade genética molecular de progênies de dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 378–384, mar. 2012.
- FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **ExpDes: Experimental Designs**, 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=ExpDes>>.
- FERREIRA, T. M. M. et al. Effect of salinity stress in *Setaria viridis* (L.) P. Beauv. accession A10.1 during seed germination and plant development. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 44, p. 1–16, 2020.
- FLOWERS, T. J. Improving crop salt tolerance. **Journal of Experimental Botany**, v. 55, n. 396, p. 307–319, 1 fev. 2004.
- FOOLAD, M. R.; LIN, G. Y. Absence of a genetic relationship between salt tolerance during seed germination and vegetative growth in tomato. **Plant Breeding**, v. 116, p. 363–367, 1997.
- FOTI, C.; KHAH, E. M.; PAVLI, O. I. Germination profiling of lentil genotypes subjected to salinity stress. **Plant Biology**, v. 21, n. 3, p. 480–486, 25 maio 2019.
- FREITAS, T. P. et al. Morfologia e caracterização da germinação em função da posição das sementes no fruto de sabiá. **Scientia Plena**, v. 9, n. 3, p. 2–9, 2013.
- GILES, J. A. D. et al. Correlações entre características físicas, químicas e físico-químicas de frutos de cirigueira. **REVISTA AGRO@MBIENTE ON-LINE**, v. 10, n. 1, p. 30, 7 jun. 2016.
- GIUSTINA, L. DELLA et al. Variabilidade genética em genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn. F.) baseada em marcadores moleculares ISSR e caracteres morfológicos. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 4, p. 1311, 11 dez. 2017.
- GOIS, I. B.; FERREIRA, R. A.; SILVA-MANN, R. Variabilidade Genética em Populações Naturais de *Cassia grandis* L. f. **Floresta e Ambiente**, v. 25, n. 4, p. 1–10, 2018.
- GOLLDACK, D. et al. Tolerance to drought and salt stress in plants: Unraveling the signaling networks. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. APR, p. 1–10, 2014.
- GOMES FILHO, A. et al. Marcadores moleculares RAPD e descritores morfológicos na

avaliação da diversidade genética de goiabeiras (*Psidium guajava* L.). **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 627–633, 2010.

GONÇALVES, G. V. et al. Biometria de frutos e sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em vegetação natural na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 31–40, 2013.

GONCALVES, L. S. A. et al. Heirloom tomato gene bank: Assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364–374, 2009.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing**. 3. ed. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall, 2008.

GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital image processing**. 3. ed. Upper Saddle River: USA: Prentice-Hall, Inc., 2010.

GRANITTO, P. M.; VERDES, P. F.; CECCATTO, H. A. Large-scale investigation of weed seed identification by machine vision. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 47, n. 1, p. 15–24, abr. 2005.

GUEDES, J. M. et al. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 127–132, abr. 2013.

GUIMARÃES, I. P. et al. Efeito da salinidade da água de irrigação na emergência e crescimento inicial de plântulas de mulungu. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 8, n. 1, p. 137–142, 2013.

HATSCHBACH, C. **Efeito da salinidade na germinação de sementes de arroz híbrido avaxi sob concentrações crescentes de NaCl**. [s.l.] Universidade Federal de Santa Maria, 2009.

HOLANDA, A. C. et al. Desenvolvimento inicial de espécies arbóreas em ambientes degradados por sais. **Revista De Biologia E Ciências Da Terra**, v. 7, n. 1, p. 39–50, 2007.

KAPADIA, V. N.; SASIDHARAN, N.; KALYANRAO, P. Seed Image Analysis and Its Application in Seed Science Research. **Advances in Biotechnology & Microbiology**, v. 7, n. 2, p. 1–3, 2017.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=factoextra>>.

KAWECKI, T. J.; EBERT, D. **Conceptual issues in local adaptation** *Ecology Letters* John Wiley & Sons, Ltd, , 1 dez. 2004. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1461-0248.2004.00684.x>>. Acesso em: 5 dez. 2020.

KHAN, M. A.; GULZAR, S. Germination responses of *Sporobolus ioclados*: A saline desert grass. **Journal of Arid Environments**, v. 53, n. 3, p. 387–394, 2003.

KRAUSE, W. et al. Digital phenotyping for quantification of genetic diversity in inbred guava (*Psidium guajava*) families. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1–11, 2017.

LACERDA, C. F. et al. Morpho-physiological responses of cowpea leaves to salt stress.

**Brazilian Journal of Plant Physiology**, v. 18, n. 4, p. 455–465, 2006.

LÁZARO-LOBO, A. et al. Influence of local adaptations, transgenerational effects and changes in offspring's saline environment on *Baccharis halimifolia* L. under different salinity and light levels. **Environmental and Experimental Botany**, v. 177, p. 104–134, 1 set. 2020.

LEÃO, N. V. M. et al. Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King.) from Parakanã Indigenous Land, Pará State, Brazil. **Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 03, p. 435–443, 2018.

LIMA, B. G. DE. **Caatinga: espécies lenhosas e herbáceas**. Mossoró: Editoria Universitária da UFERSA, 2012.

LIMA, G. S. DE et al. Eficiência fotoquímica, partição de fotoassimilados e produção do algodoeiro sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 1, p. 214–225, 2019.

LIMA, M. P. M. DE. Morfologia dos frutos e sementes dos gêneros da tribo Mimoseae (Leguminosae-Mimosoideae) aplicada à sistemática. **Rodriguesia**, v. 37, n. 62, p. 53–78, 1 jan. 1985.

LIMA, I. C. A. R. et al. Avaliação de sabiazeiro (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) quanto a acúleos e preferência por bovinos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 3, n. 3, p. 289–294, 2008.

LIMA, J. M. E. et al. Técnicas de análise de imagem para caracterização da qualidade de sementes de paricarana (*Bowdichia virgilioides* Kunth). **Ciencia Florestal**, v. 28, n. 3, p. 1202–1216, 1 jul. 2018.

LOBET, G.; DRAYE, X.; PÉRILLEUX, C. An online database for plant image analysis software tools. **Plant Methods**, v. 9, n. 1, 2013.

LONG, R. L. et al. The ecophysiology of seed persistence: A mechanistic view of the journey to germination or demise. **Biological Reviews**, v. 90, n. 1, p. 31–59, 2015.

MAÊDA, J. M. et al. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e Ambiente**, v. 8, n. 1, p. 61–69, 2001.

MAGUIRE, J. D. Speed of germination: aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigour. **Crop Science**, v. 2, n. 2, p. 176, 1962.

MAIA, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades**. São Paulo: D & Z Computação Gráfica e Editora, 2004.

MARCOS FILHO, J. Potencial fisiológico da semente de soja. **Informativo Abrates**, v. 23, n. 1, p. 21–24, 2013.

MATHEUS, M. T.; LOPES, J. C. Morfologia de frutos, sementes e plântulas e germinação de sementes de *Erythrina variegata* L. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 3, p. 8–17, 2007.

MATSUDA, O. et al. Hyperspectral imaging techniques for rapid identification of arabidopsis mutants with altered leaf pigment status. **Plant and Cell Physiology**, v. 53, n. 6, p. 1154–1170, 2012.

MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D.; SILVA, J. A. Processamento digital de imagens na determinação do vigor de sementes de milho. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13,

n. 3, p. 1–7, 2018.

MENDES, M. M. C. et al. Crescimento e sobrevivência de mudas de sabiá (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) inoculadas com micro-organismos simbioss em condições de campo. **Ciencia Florestal**, v. 23, n. 2, p. 309–320, 2013.

MENEGATTI, R. D. et al. Genetic divergence among provenances of *Mimosa scabrella* Benth. Based on seed analysis. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 12, n. 3, p. 366–371, 2017.

MIART, F. et al. MuSeeQ, a novel supervised image analysis tool for the simultaneous phenotyping of the soluble mucilage and seed morphometric parameters. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 112, 18 dez. 2018.

MOE, S.; GIRDTTHAI, T. Relationships of Soybean [ *Glycine max* (L.) Merrill ] Accessions Based on Physiological and Agro-morphological Traits. **International journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences**, v. 1, n. 2, p. 375–379, 2013.

MONTEIRO, R. A.; FIOREZE, S. L.; NOVAES, M. A. G. Variabilidade Genética de Matrizes de *Erythrina speciosa* a Partir de Caracteres Morfológicos. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 15, n. 1, p. 48–55, 2016.

MORAES, C. B. DE et al. Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, 2015.

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

MULATO, B. M. et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 276–283, 2010.

MUNNS, R. et al. **Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically based selection traits** *Plant and Soil* Springer, , nov. 2002. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1023/A:1021119414799>>. Acesso em: 30 nov. 2020.

NASR, S. M. H. et al. Effect of salt stress on germination and seedling growth of *Prosopis juliflora* (Sw.). **New Forests**, v. 43, n. 1, p. 45–55, 27 jan. 2012.

NOBRE, D. A. C. et al. Qualidade das sementes de girassol de diferentes genótipos. **Ciência Rural**, v. 45, n. 10, p. 1729–1735, 19 jun. 2015.

NOBRE, R. G. et al. Emergência, crescimento e produção da mamoneira sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 44, n. 1, p. 76–85, 2013.

NOGUEIRA, N. W. et al. Salt stress and temperatures on the germination and initial growth of jurema-de-embira (*Mimosa ophthalmocentra*) seedlings. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 4, p. 273–278, 2018.

NORONHA, B. G.; MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D. Incremento de área em sementes de moringa durante a embebição por meio da análise de imagens. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 1, p. 221–232, 1 jan. 2019.

ORRÛ, M. et al. Morphological characterisation of *Vitis vinifera* L. seeds by image analysis and comparison with archaeological remains. **Vegetation History and Archaeobotany**, v. 22, n. 3, p. 231–242, 5 maio 2013.

PEDROSO, D. C. et al. Qualidade fisiológica e sanitária de sementes de *Zinnia elegans* Jacq.

colhidas em diferentes épocas. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 3, p. 164–171, 2008.

PEREIRA, F. E. C. B. et al. Saline stress and temperatures on germination and vigor of *Piptadenia moniliformis* Benth. seeds. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 20, n. 7, p. 649–653, 1 jul. 2016.

PEREIRA, M. D. et al. Digital processing of plant images in evaluating the vigor of moringa oleifera Lam. seeds. **Ciência Florestal**, v. 30, n. 2, p. 291–306, 2020.

PINTO, M. S. et al. Diversity between *Jatropha curcas* L. accessions based on oil traits and X-ray digital images analysis from its seeds. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 292–300, 2018.

PUPIN, S. et al. Variação genética para compostos bioquímicos em sementes de aroeira procedente de uma população antropizada. **Nativa**, v. 5, n. 5, p. 349–354, 2017.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.

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

RESENDE, M. D. V. DE. **Genética Quantitativa e de Populações**. 1. ed. Viçosa: Suprema, 2015.

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

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software SENElegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.

RIBASKI, J. et al. **Sabiá (*Mimosa caesalpiniiifolia*) árvore de múltiplo uso no Brasil**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 104), 2003.

RIX, K. D. et al. Genetic control of *Eucalyptus globulus* seed germination. **Annals of Forest Science**, v. 72, n. 4, p. 457–467, 1 jun. 2015.

ROCHA, M. C. et al. Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cerêja. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 664–670, 2009.

RODRIGUES, B. U. **Reconhecimento do tipo de cachaça utilizando visão computacional e reconhecimento de padrões**. [s.l.] Universidade Federal de Goiás, 2015.

ROELIS, B. V. et al. Divergência genética de Castanheira-do-Brasil por meio de caracteres biométricos de frutos e sementes. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 9, n. 8, p. 249–259, 2019.

ROSCHER, R. et al. Automated image analysis framework for high-throughput determination of grapevine berry sizes using conditional random fields. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 100, p. 148–158, 2014.

ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 3, p. 516–521, 2012.

- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de *Ceiba speciosa* St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017a.
- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de *Ceiba speciosa* St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017b.
- RUEDEN, C. T. et al. ImageJ2: ImageJ for the next generation of scientific image data. **BMC Bioinformatics**, v. 18, n. 1, p. 529, 29 nov. 2017.
- SALISBURY, F. B.; ROSS, C. . **Plant physiology**. 4. ed. Wadsworth: Belmont, 1991.
- SANTOS, C. A. DOS et al. Germinação de duas espécies da caatinga sob déficit hídrico e salinidade. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 87, p. 219, 30 set. 2016.
- SANTOS, E. R. et al. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 2, p. 247–254, 2012.
- SAU, S. et al. Potential use of seed morpho-colourimetric analysis for Sardinian apple cultivar characterisation. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 162, n. April, p. 373–379, 2019.
- SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507–512, 1974.
- SEMAGN, K.; BJØRNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M. N. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 25, p. 2569–2587, 2006.
- SILVA, D. C. et al. Estresse salino e diferentes temperaturas alteram a fisiologia em sementes de *Clitoria fairchildiana* Howard Saline. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 3, p. 1129–1141, 2019.
- SILVA, L. G. C. DA et al. Evaluation of carnauba progenies and estimates of genetic parameters in the juvenile phase. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 4, p. 917–925, 18 out. 2018a.
- SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. ex Tul. provenientes do semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 1 set. 2017.
- SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. Ex Tul. provenientes do Semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 2018b.
- SILVA, K. D. S. et al. Influência do tamanho da semente na germinação e vigor de mudas de jaqueira (*Artocarpus heterophyllus* Lam.). **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 4, p. 217–221, 2 set. 2010.
- SILVA, R. L. DE O. **Avaliação de genótipos diplóides AA de Musa spp. submetidos a estresse salino**. [s.l.] Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2008.
- SILVA, R. T. et al. Physiological quality of sesame seeds produced from plants subjected to water stress. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 47, n. 4, p. 643–648, 2016.
- SILVA, V. N. et al. Avaliação da morfologia interna de sementes de *Acca sellowiana* O. Berg por meio de análise de imagens. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 4, p. 1158–1169, 2013.

- SILVEIRA, L. C. I. DA et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, v. 42, n. 4, p. 2012, 2012.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v. 41, p. 237–245, 1981.
- SINGH, S. et al. Assessment of Multiple Tolerance Indices for Salinity Stress in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Agricultural Science**, v. 7, n. 3, p. 49–57, 2015.
- SOUSA, E. C. et al. Physiological changes in *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. seeds from different sources and submitted to abiotic stresses. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 6, p. 383–389, 2018.
- SOUZA NETA, M. L. et al. Efeito residual do tratamento de sementes de maxixe com bioestimulante sob estresse salino. **Journal of Seed Science**, v. 38, n. 3, p. 219–226, 1 jul. 2016.
- SREENIVASULU, N.; SOPORY, S. K.; KAVI KISHOR, P. B. **Deciphering the regulatory mechanisms of abiotic stress tolerance in plants by genomic approaches** *Gene*, 15 fev. 2007. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17134853/>>. Acesso em: 4 fev. 2021.
- SYVERTSEN, J. P.; GARCIA-SANCHEZ, F. Multiple abiotic stresses occurring with salinity stress in citrus. **Environmental and Experimental Botany**, v. 103, p. 128–137, 1 jul. 2014.
- TAIZ, L. et al. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. [s.l.] Ed. Artmed, 2017.
- TANABATA, T. et al. SmartGrain: High-throughput phenotyping software for measuring seed shape through image analysis. **Plant Physiology**, v. 160, n. 4, p. 1871–1880, 2012.
- TEAM, R. C. **R: A language and environment for statistical computing** Vienna R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.
- TELLO, J. et al. A new image-based tool for the high throughput phenotyping of pollen viability: Evaluation of inter- and intra-cultivar diversity in grapevine. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 3, 9 jan. 2018.
- TESTER, M.; DAVENPORT, R. Na<sup>+</sup> Tolerance and Na<sup>+</sup> Transport in Higher Plants. **Annals of Botany**, v. 91, n. 5, p. 503–527, 2003.
- TORRES, M. F. O. et al. Seed Longevity of *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong. **Journal of Seed Science**, v. 42, p. 2020, 2020.
- TUTEJA, N. Mechanisms of High Salinity Tolerance in Plants. In: **Methods in Enzymology**. [s.l.] Academic Press Inc., 2007. v. 428p. 419–438.
- UCCHESU, M. et al. Predictive method for correct identification of archaeological charred grape seeds: Support for advances in knowledge of grape domestication process. **Plos One**, v. 11, n. 2, 1 fev. 2016.
- VALCACEL, R. et al. Avaliação da biomassa de raízes finas em área de empréstimo submetida a diferentes composições de espécies. **Revista Arvore**, v. 31, n. 5, p. 923–930, 2007.
- VASCONCELOS, R. R. A. DE et al. Características físicas de solos salino-sódicos do semiárido pernambucano em função de diferentes níveis de gesso. **Revista Brasileira de**



**Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, n. 12, p. 1318–1325, dez. 2013.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992.

VICENTE, M. J. et al. Effect of light, temperature, and salinity and drought stresses on seed germination of *Hypericum ericoides*, a wild plant with ornamental potential. **Scientia Horticulturae**, v. 270, p. 109433, 25 ago. 2020.

VIEIRA, F. DE A.; CARVALHO, D. Maturação e morfometria dos frutos de *Miconia albicans* (Swartz) Triana (Melastomataceae) em um remanescente de floresta estacional semidecídua montana em Lavras, MG. **Revista Arvore**, v. 33, n. 6, p. 1015–1023, 2009.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix**, 2017. Disponível em: <<https://github.com/taiyun/corrplot>>.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** New York Springer-Verlag, , 2016.

WIWART, M. et al. Variation in the morphometric parameters of seeds of spring and winter genotypes of *Camelina sativa* (L.) Crantz. **Industrial Crops and Products**, v. 139, p. 1–7, 1 nov. 2019.

WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978.

YAMAGUCHI, T.; BLUMWALD, E. Developing salt-tolerant crop plants: challenges and opportunities. **Trends in Plant Science**, v. 10, n. 12, p. 615–620, 2005.

ZARUMA, D. U. G. et al. Variabilidade genética em procedências e progênies de *Dipteryx alata* Vogel para fins de conservação genética e produção de sementes. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 107, p. 609–615, 2015.

## **CAPÍTULO II**

### **DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. SOB ESTRESSE SALINO**

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Mimosa caesalpinifolia* Benth. SOB ESTRESSE SALINO.** 2021. Orientador: Ricardo Gallo. Coorientadores: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marccone Moreira Santos.

## RESUMO

*Mimosa caesalpinifolia* Benth. conhecida popularmente como sabiá no Nordeste brasileiro é uma espécie florestal nativa da Caatinga e pertencente à família Fabaceae. Apresenta múltiplos usos para a região semiárida, porém, são escassos os estudos referentes a variação quanto a diversidade e adaptabilidade da espécie aos diferentes estresses salinos. Visto que, os solos desta região apresentam elevada quantidade de sais, objetivou-se com este estudo selecionar progênies de *Mimosa caesalpinifolia* tolerantes ao estresse salino, por meio da interação genótipo x ambiente e parâmetros genéticos visando estudos de divergência genética. Para a indução do estresse salino inicialmente foi retirado uma amostra para união das quatro procedências de sementes a fim de se obter uma amostra representativa e posterior conhecimento sobre o ponto médio de tolerância das sementes. Foram utilizados como soluto o cloreto de sódio (NaCl), cloreto de cálcio (CaCl<sub>2</sub>) e cloreto de potássio (KCl). Nos potenciais osmóticos 0,0; -0,2; -0,4; -0,6; -0,8 e -1,0 MPa. avaliados a % de germinação, índice de velocidade de germinação, comprimento da raiz principal e parte aérea e massa seca da raiz e parte aérea. Após a realização das avaliações, os solutos e a dose definida (-0,4 MPa para NaCl e KCl e o -0,2 MPa para o CaCl<sub>2</sub>) foram reaplicadas em cada progênie de cada procedência para identificação da tolerância ao estresse salino em nível de progênie. Posteriormente realizou-se análises de correlações genéticas, análises multivariadas e avaliação de produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método MHPRVG. As sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. são sensíveis a salinidade causada pela redução do potencial hídrico. As estimativas dos componentes de variância entre as progênies e os ambientes estudados demonstraram diferenças significativas no desempenho dos genótipos com relação aos ambientes. O índice de ranking médio possibilitou a seleção da PG6, PG15, PG8, PG5 e PG14 como as progênies que apresentam os melhores desempenhos de produtividade, adaptabilidade e estabilidade em todos os ambientes avaliados.

**Palavras-chave:** Substratos salinos; Tolerância a salinidade; Interação genótipos x ambientes; Selegen REML/BLUP; MHPRVG\*MG

SANTOS, PAULO CÉSAR DA SILVA. **GENETIC DIVERGENCE AND SELECTION OF PROGENIES IN THE GERMINATION OF *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth SEEDS UNDER SALINE STRESS**. 2021. Advisor: Ricardo Gallo. Co-advisor: Eliane Cristina Sampaio de Freitas; Marccone Moreira Santos

### ABSTRACT

*Mimosa caesalpiniiifolia* Benth., Popularly known as thrush in northeastern Brazil, is a forest species native to the Caatinga and belonging to the Fabaceae family. It has multiple uses for the semiarid region, however, there are few studies regarding the variation in the diversity and adaptability of the species to different saline stresses. Since the soils of this region have a high number of salts, the objective of this study was to select progenies of *Mimosa caesalpiniiifolia* tolerant to salt stress, aiming at studies of genetic divergence. For the simulation of saline stress (Step I), a sample was initially taken to join the four seed sources in order to obtain a representative sample and later knowledge about the mean tolerance point of the seeds. Sodium chloride (NaCl), calcium chloride (CaCl<sub>2</sub>) and potassium chloride (KCl) were used as solute. In osmotic potentials 0.0; -0.2; -0.4; -0.6; -0.8 and -1.0 MPa. % germination, germination speed index, length of the main root and shoot and dry mass of the root and shoot were evaluated. After carrying out the evaluations, the solutes and the defined dose (-0.4 MPa for NaCl and KCl and -0.2 MPa for CaCl<sub>2</sub>) were reapplied in each progeny of each origin, to identify the tolerance to salt stress in progeny level (Stage II). Subsequently, analyzes of genetic correlations, multivariate analyzes and evaluation of productivity, stability and adaptability were performed using the MHPRVG method. *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth seeds. they are sensitive to salinity caused by reduced water potential. The estimates of the variance components between the progenies and the studied environments demonstrated significant differences in the performance of the genotypes in relation to the environments. The average ranking index enabled the selection of PG6, PG15, PG8, PG5 and PG14 as the progenies that present the best productivity, adaptability and stability performances, in all evaluated environments.

**Keywords:** Saline substrates; Tolerance to salinity; Genotype x environment interaction; Selegen REML/BLUP, MHPRVG\*MG

## 1. INTRODUÇÃO

A adaptação ao ambiente local é o resultado das interações entre mecanismos de seleção natural, fluxo gênico e outros processos evolutivos que proporcionam vantagem sob as condições ambientais locais por meio da seleção de características favoráveis (KAWECKI; EBERT, 2004). Dessa forma, o ambiente no qual ocorre o desenvolvimento das plantas parentais pode modificar os fenótipos expressos por seus descendentes, por meio de modificações epigenéticas ou fornecimento de sementes e, portanto, torná-los mais adaptados a diferentes níveis de estresses abióticos locais (LÁZARO-LOBO et al., 2020).

Dentre as condições abióticas pode-se destacar a salinidade e sodicidade dos solos, condição frequentemente constatada em regiões áridas e semi-áridas. (DEUNER et al., 2011). O processo de salinização é resultado do acúmulo de sal na superfície levando ao estresse hiperosmótico, interferindo nas atividades morfológicas, fisiológicas e biológicas das plantas (ABBAS et al., 2019)

Um dos métodos mais utilizados para a determinação da tolerância aos sais é a avaliação do comportamento germinativo, uma vez que germinação das sementes é a etapa inicial do ciclo de vida das plantas, assim como os testes de vigor e o desenvolvimento inicial quando submetidos ao uso de substratos contendo soluções salinas (TAIZ et al., 2017).

O excesso de sais no substrato durante a fase de produção de sementes pode ocasionar perdas no transporte e acúmulo de reservas, resultando em sementes com baixo vigor. Assim, a condição da semente refletirá no estande das plantas, afetando o seu desempenho tanto do ponto de vista nutricional quanto de qualidade (SILVA et al., 2016; SOUZA NETA et al., 2016).

Estudos vêm sendo realizados com o intuito de constatar os mecanismos de adaptabilidade das espécies à salinidade no ambiente de desenvolvimento da espécie (DUTRA et al., 2017; LÁZARO-LOBO et al., 2020; PEREIRA et al., 2016; SANTOS et al., 2016; VICENTE et al., 2020).

Devido a sua importância são realizadas pesquisas sobre as técnicas de propagação de espécies nativas da caatinga como a *M. caesalpiniiifolia*. Porém, são escassos os estudos que visam compreender a variação quanto a diversidade e adaptabilidade da espécie a condições estressantes. Assim, surge a necessidade de elaboração de protocolos levando em consideração essas condições estressantes como é o caso da salinidade. Esses protocolos podem ser extremamente úteis no auxílio da seleção de plantas geneticamente tolerantes a essa condição, facilitando a reprodução direcionada ao aprimoramento dessa característica.

Desse modo, a avaliação da diversidade genética e o comportamento das espécies em substratos salinos, visando a seleção de plantas tolerantes aos sais, representa uma alternativa viável para a propagação e perpetuação das espécies nativas tendo em vista seu grande potencial econômico para a região semiárida.

Objetivou-se com este estudo estimar os parâmetros genéticos e predizer os ganhos esperados com a seleção, como também avaliar a interação genótipo x ambiente, a fim selecionar progênies de *Mimosa caesalpiniiifolia* tolerantes ao estresse salino, buscando alternativas que privilegiem, simultaneamente, produtividade, estabilidade e adaptabilidade, aspirando estudos de divergência genética da espécie.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Área de estudo

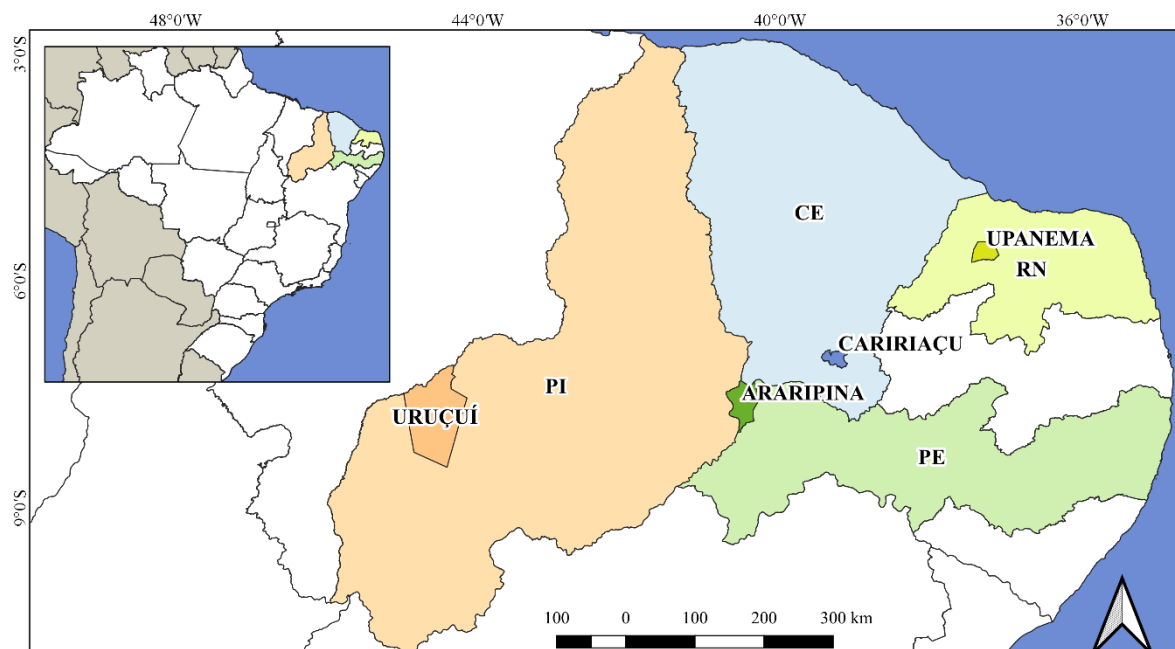
O estudo foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes Florestais (LASF) do Departamento de Ciência Florestal (DCFL) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Os frutos de *M. caesalpiniiifolia* foram coletados manualmente provenientes de diferentes estados (Figura 1) com condições edafoclimáticas distintas (Tabela 1).

**Tabela 1.** Localização geográfica e condições edafoclimáticas dos estados (RN: Rio Grande do Norte; CE: Ceará; PI: Piauí; PE: Pernambuco) onde foram realizadas as coletas de sementes das procedências de *Mimosa caesalpiniiifolia*.

	Upanema (RN)	Caririaguçu (CE)	Uruçuí (PI)	Araripina (PE)
<b>Coordenadas geográficas</b>	<b>PG1</b> 05°29'38.9"S 37°19'36.2"O	<b>PG5</b> 07°12'57.75"S; 39°26'11.89"O	<b>PG9</b> 07°14'52.5"S 44°32'31.7"O	<b>PG13</b> 07°28'00.9"S 40°24'31.7"O
	<b>PG2</b> 05°26'08.0"S 37°19'35.2"O	<b>PG6</b> 07°15'13.25"S; 39°23'59.02"O	<b>PG10</b> 07°13'59.1"S 44°32'57.7"O	<b>PG14</b> 07°27'54.46"S; 40°24'36.95"O
	<b>PG3</b> 05°26'08.5"S 37°19'35.2"O	<b>PG7</b> 07°08'8.19"S; 39°34'26.47"O	<b>PG11</b> 07°14'37.5"S 44°32'43.0"O	<b>PG15</b> 07°27'56.09"S; 40°24'37.06"O
	<b>PG4</b> 05°27'18.5"S 37°19'33.2"O	<b>PG8</b> 07°14'16.13"S; 39°25'42.84"O	<b>PG12</b> 07°14'52.0"S 44°33'43.3"O	<b>PG16</b> 07°27'56.27"S; 40°24'37.18"O
<b>Tipo de solo</b>	Latossolo vermelho Amarelo Eutrófico; Redzina e Cambissolo	Solos Aluvias, Solos Litólicos, Podzólico Vermelho-Amarelo	Latossolos Amarelos, álicos ou distróficos, Podzólico Vermelho-amarelo concrecionário,	Planossolos, Brunos não cálcios, Podzólicos, Solos Litólicos

	Eutróficos		plântico ou não plântico	
<b>Vegetação</b>	Caatinga Hiperxerófila	Caatinga Arbustiva Densa, Cerrado, Floresta Subcaducifólia Tropical Pluvial, Floresta Caducifólia Espinhosa	Cerrado, Cerradão	Caatinga Hiperxerófila com trechos de Floresta Caducifólia
<b>Relevo</b>	Plano, Suave-ondulado	Depressão Sertaneja, Maciços Residuais	Superfície tabular reelaborada, plana ou levemente ondulada	Suave-ondulado, cortada por vales estreitos, com vertentes dissecadas
<b>Temperatura média (°C)</b>	28,1	25	25,5	26,5
<b>Pluviosidade (mm ano<sup>-1</sup>)</b>	469,8	1.127,1	800	674

Fonte: Aguiar and Gomes (2004); Beltrão et al. (2005a;2005b); Brandão and Feitosa (1998)



Legenda

- Ceará (CE)
  Pernambuco (PE)
  Piauí (PI)
  Rio Grande do Norte (RN)
  Limites dos estados do Brasil
- Caririáçu
  Araripina
  Uruçuí
  Upanema

Elaboração: Paulo César S. Santos (2020)

Fonte de dados: IBGE 2017

Sistema de Coordenadas Geográficas, DATUM SIRGAS 2000

**Figura 1.** Localização das áreas de coleta de sementes das procedências de *Mimosa caesalpinifolia*.

## 2.2 Beneficiamento e armazenamento de sementes

Após a coleta, as sementes de *M. caesalpiniiifolia* foram beneficiadas por debulha manual retirando-se as sementes mal formadas, quebradas, atacadas por insetos ou com presença de fungos. Posteriormente a retirada das impurezas, as sementes foram acondicionadas em embalagem de papel em ambiente refrigerado (4 °C), permanecendo nessas condições até a fase experimental.

Por apresentar dormência do tipo tegumentar as sementes de *M. caesalpiniiifolia* foram submetidas ao tratamento pré-germinativo realizado pelo desponte (corte na região oposta ao hilo), conforme a metodologia descrita por Bruno et al. (2001).

## 2.3 Simulação do estresse salino

Para a indução do estresse salino foi utilizado como soluto o cloreto de sódio (NaCl) calculados pela curva de calibração estabelecida por Braccini et al. (1996), cloreto de cálcio (CaCl<sub>2</sub>) e cloreto de potássio (KCl) calculados pela fórmula de Van't Hoff, citado por Salisbury e Ross (1991) nos seguintes potenciais osmóticos: 0,0 (controle); -0,2, -0,4; -0,6, -0,8, -1,0 MPa, diluídos em água destilada e deionizada.

As soluções foram utilizadas para umedecimento dos substratos tipo papel Germiteste<sup>®</sup> na quantidade de 2,5 vezes o peso do papel seco. As repetições foram organizadas em forma de rolo e acondicionadas em sacos plásticos transparentes, com a finalidade de evitar a perda de água por evaporação (COIMBRA et al., 2007) e conduzidos para germinadores do tipo *Biochemical Oxygen Demand* – B.O.D na temperatura de 25 °C regulados para fotoperíodo de 12 horas utilizando lâmpadas fluorescentes (4 x 20W).

## 2.4 Etapa I

Inicialmente foram utilizadas 32 sementes, de modo que, em cada repetição contivesse 2 sementes de cada progênie a fim de se obter uma porção representativa dos lotes para aplicação das soluções salinas. Esta etapa tem o intuito de pré-estabelecer o ponto médio de tolerância em que as sementes conseguem germinar com relação aos sais estudados. Posteriormente, foram analisadas as seguintes variáveis:

### 2.4.1 Teste de germinação

Calculado de acordo com Brasil (2013), através da fórmula:

$$\%G = \left( \frac{N}{A} \right) \times 100$$



Em que: N = número total de sementes germinadas; A = número total de sementes semeadas.

O número de sementes germinadas foi avaliado diariamente a partir do início da germinação até a estabilização, considerando-se os critérios de plântulas normais, a emergência dos cotilédones e o surgimento do hipocótilo.

#### 2.4.2 Índice de velocidade de germinação

Calculado através do registro diário do número de sementes germinadas até o décimo dia após semeadura, cujo o índice foi calculado pela equação proposta por Maguire (1962).

$$IVG = \left(\frac{G1}{N1}\right) + \left(\frac{G2}{N2}\right) + \dots + \left(\frac{Gn}{Nn}\right)$$

Em que: G1, G2,...Gn = número de plântulas normais computadas no primeiro dia da germinação, no segundo dia de germinação e na última contagem; N1, N2,... Nn = número de dias da semeadura à primeira, segunda e última contagem.

#### 2.4.3 Comprimento da raiz principal e Parte aérea

Foi realizado a aferição de todas as plântulas normais em cada tratamento. O comprimento da parte aérea foi medido da base do colo ao ápice da gema apical da plântula e o comprimento da raiz da medição da base do colo à extremidade da raiz da plântula realizadas com o auxílio de régua graduada em milímetros, sendo os resultados expressos em cm.

#### 2.4.4 Massa seca da raiz e parte aérea

Após as mensurações as raízes e a parte aérea das plântulas normais foram acondicionados em sacos de papel do tipo Kraft e em estufa com circulação de ar forçada a 65°C até atingir peso constante (48 horas). Em seguida, foram pesados em balança analítica (0,001 g), sendo os resultados expressos em mg.plântula<sup>-1</sup>.

### 2.5 Etapa II

Após o encerramento da etapa I e a realização das avaliações por meio de gráficos *heatmap*, com a padronização das variáveis, foi determinado a dose média de tolerância pré-estabelecida para cada soluto. Os tratamentos utilizados nesta etapa corresponderam aos seguintes sais: Cloreto de sódio (NaCl) e cloreto de potássio (KCl) no potencial osmótico de -0,4 MPa; Cloreto de cálcio (CaCl<sub>2</sub>) no potencial de -0,2 MPa, obtidos conforme a etapa I.

As soluções foram utilizadas para umedecimento dos substratos tipo papel Germiteste® na quantidade de 2,5 vezes o peso do papel seco. Foram utilizadas 4 repetições contendo 25 sementes por potencial em que os solutos foram aplicados em cada progênie a fim de verificar os efeitos genotípicos. As repetições foram organizadas em forma de rolo e acondicionadas em sacos plásticos transparentes com a finalidade de evitar a perda de água por evaporação (COIMBRA et al., 2007) e conduzidos para germinadores do tipo *Biochemical Oxygen Demand* – B.O.D, na temperatura de 25 °C regulados para fotoperíodo de 12 horas utilizando lâmpadas fluorescentes (4 x 20W).

As variáveis analisadas foram: a) porcentagem de germinação; b) índice de velocidade de germinação; c) comprimento da parte aérea e de raiz e d) massa seca da parte aérea, da raiz. O objetivo desta etapa é a identificação de material genético tolerante aos sais em estágios iniciais de desenvolvimento. Os tratamentos salinos foram avaliados juntamente com a testemunha (água destilada) compondo 4 ambientes/tratamentos.

## 2.6 Análises estatísticas

Para a extração dos valores genotípicos e componentes de variância foi utilizada a metodologia de modelos mistos, onde foi considerado o modelo em um delineamento em blocos ao acaso em vários locais (3 tratamentos de estresse salino e controle) e várias procedências (4 procedências – Estados) – Método MHPRVG:

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + e$$

em que:  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral,  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios),  $p$  é o vetor dos efeitos de procedências (aleatórios),  $i$  é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente/tratamentos (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor  $r$  contempla todos as repetições de todos os ambientes/tratamentos. O vetor  $p$  contempla todas as procedências de todos os ambientes/tratamentos.

$X, Z, W$  e  $T$  = matrizes de incidência para  $r, g, p$  e  $i$ , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ p \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_i^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\lambda_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{g} \\ \hat{p} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{h_g^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{c_p^2}; \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_p^2 - c_i^2}{c_i^2}$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos}$$

genotípicos totais;

$$c_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2} = \text{coeficiente de determinação dos efeitos de procedências};$$

$$c_i^2 = \frac{\sigma_i^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2 + \sigma_e^2} = \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x}$$

ambientes/tratamentos;

em que:  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica;  $\sigma_p^2$  é a variância genotípica entre procedências;  $\sigma_i^2$  é a variância da interação genótipos x ambientes/tratamentos; e  $\sigma_e^2$  é a variância residual;

$$r_{gloc} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_p^2 + \sigma_i^2} = \frac{h_g^2}{h_g^2 + c_p^2 + c_i^2} : \text{ correlação genotípica dos materiais genéticos através}$$

dos ambientes/tratamentos.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{[y'y - \hat{f}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{p}' W'y - \hat{i}' T'y]}{[N - r(x)]},$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{[\hat{g}' \hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}]}{q},$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{[\hat{p}' \hat{p} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}]}{s}$$

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{[\hat{i}' \hat{i} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{44}]}{k} \text{ em que:}$$

$C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$  advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

em que: C é a matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr o operador traço matricial; r(x) o posto da matriz X; e N, q, s, k equivalem ao número total de dados, número de progênies, número de procedências e número de combinações genótipos x ambientes/tratamentos, respectivamente.

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos são dados por  $\mu + g$ . Com os valores genotípicos foi obtida a correlação genética de Pearson entre as variáveis analisadas e demais

análises de divergência genética. Foi considerada como significativa a correlação genética de Pearson, pelo teste t com  $p < 0,01$  e  $p < 0,05$ .

A significância dos efeitos aleatórios ( $g$ ,  $p$  e  $i$ ) foi obtida por meio da Análise de Deviance por meio do teste da razão da máxima verossimilhança (LRT). As deviances foram obtidas conforme descrito por Resende (2007) utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos. Foi subtraída a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com um grau de liberdade a 5 % de significância (3,84).

O índice de fixação entre procedências ( $F_{ST}$ ) foi calculado de acordo com a equação:

$$F_{ST} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + (2 \times \sigma_g^2)}$$

em que:  $F_{ST}$  é o índice de fixação entre procedências,  $\sigma_p^2$  é a variância genotípica entre procedências e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica.

Para o estudo da divergência genética os valores genotípicos ( $\mu + g$ ) das progênes para cada característica foram submetidos a análise de agrupamento pelo método de UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), utilizando como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média genética padronizada. Adotou-se o ponto de corte do eixo horizontal do dendrograma com base nos resultados obtidos a partir do agrupamento Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014) de distância euclidiana média genética padronizada.

A seleção de progênes foi realizada de forma conjunta por produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos, baseada na estatística denominada média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) conforme descrito por Resende (2004) para os caracteres com efeitos significativos da interação genótipo x ambientes/tratamentos e com  $r_{gloc}$  baixo. Neste caso foi utilizado o valor de MHPRVG\*MG, fornecendo o valor genotípico médio das progênes nos ambientes/tratamentos avaliados penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade. Para aqueles caracteres que não apresentaram efeitos significativos da interação genótipo x ambientes/tratamentos e com  $r_{gloc}$  alto a seleção foi baseada nos valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ) considerando todos os locais.

Foi realizado o índice de rank médio (RESENDE, 2007) adaptado de Mulamba e Mock (1978) com os caracteres com acurácia seletiva ( $r_{gg}$ ) maior que 0,70, sendo valores de MHPRVG\*MG para germinação (%G), comprimento de parte aérea (CPA) e Comprimento

de raiz (CR), valores genotípicos preditos ( $\mu + g$ ) considerando todos os locais para massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca de raiz (MSR). De acordo com as premissas supracitadas foi realizada a decisão em usar o MHPRVG\*MG ou  $\mu + g$  no índice para os caracteres.

Para obtenção dos componentes de variância, valores genotípicos, correlações genéticas, análise de agrupamento genético (UPGMA e distância euclidiana genética), Tocher e componentes principais genético, seleção de progênies (MHPRVG\*MG) foi utilizado o software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). A representação gráfica dos resultados foi realizada via software R (R Core Team, 2020) usando os pacotes ggplot2 (WICKHAM, 2016), corrplot (WEI; SIMKO, 2017) e factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2020).

Para a apresentação gráfica *heatmap* da formação dos grupos de acordo com as análises de agrupamento foi realizado a padronização dos valores genotípicos para cada característica com base na média das progênies inseridas em cada grupo com a equação:

$$z = \frac{(x - \mu)}{\sigma}$$

em que: z é o valor padronizado; x é a observação genotípica individual;  $\mu$  é a média genotípica populacional; e  $\sigma$  é o desvio padrão amostral.

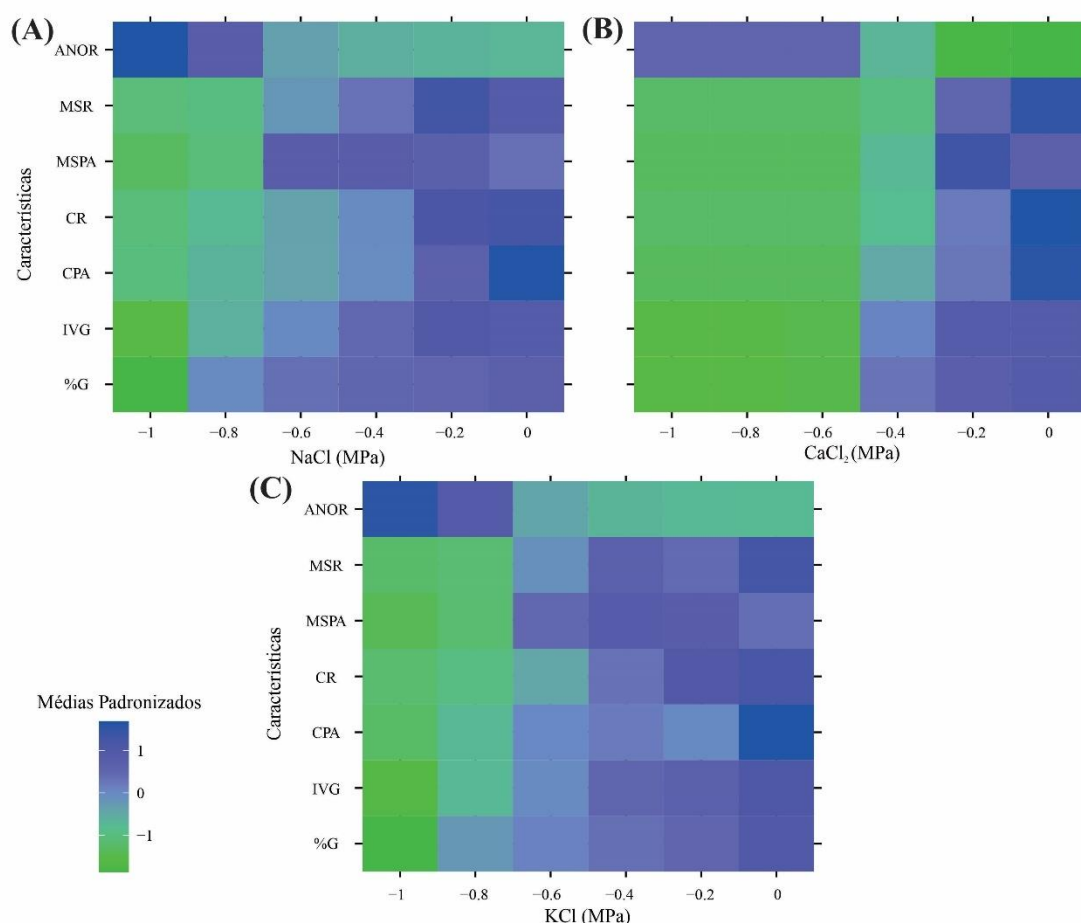
### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Etapa I

Pelos resultados obtidos na Figura 2 constataram-se que, independentemente do indutor salino utilizado, houve redução na porcentagem de germinação e desenvolvimento inicial das sementes à medida que os níveis de salinidade do meio tornaram-se mais negativo. Entretanto, quando comparados os efeitos dos indutores de salinidade pode-se observar que os efeitos do  $\text{CaCl}_2$  são mais severos, de modo que a redução da porcentagem de germinação, quando comparadas ao controle, ocorreu a partir do potencial -0,2 MPa atingindo valores nulos a partir do potencial de -0,6 Mpa. Enquanto a redução do desempenho germinativo, o desenvolvimento inicial das sementes e o aumento da ocorrência de anormalidades na formação das plântulas para o NaCl e KCl, ocorreram a partir do potencial -0,4 MPa atingindo valores nulos no potencial -1,0 Mpa.

O estresse provocado por sais afeta substancialmente todas as características associadas à germinação, vigor e desenvolvimento inicial de plântulas, de modo que a tolerância à salinidade depende da taxa de estresse nos genótipos selecionados (FOTI; KHAH; PAVLI, 2019). Tais prejuízos são ocasionados devido aos efeitos de toxicidade na

germinação e ao incremento da retenção osmótica do substrato dificultando o processo de absorção de água pelas sementes e, conseqüentemente, comprometendo os processos fisiológicos e bioquímicos (NASR et al., 2012). O acúmulo de íons  $\text{Na}^+$  e  $\text{Cl}^-$  levam a uma redução na conversão enzimática das reservas armazenadas em açúcares, resultando na inibição da germinação, emergência e conseqüentemente no estabelecimento deficiente das plantas (KHAN; GULZAR, 2003).



**Figura 2.** Gráfico *heatmap* baseado na formação dos grupos das 16 progênies de *M. caesalpinifolia* a partir da média genotípica padronizada, submetidas a níveis e fontes de salinidade. Em que: Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR)

A exposição de sementes a condições de excesso de sais pode induzir a manifestação de efeitos tóxicos cuja magnitude resulta do grau de tolerância à salinidade, os quais dependem não só da espécie utilizada como também do tipo de sal (BETONI; SCALON; MUSSURY, 2011).

O efeito mais acentuado causado pelas soluções de  $\text{CaCl}_2$ , como verificado no presente estudo, pode estar associado ao fato do  $\text{Ca}_2^+$  ser um importante mensageiro

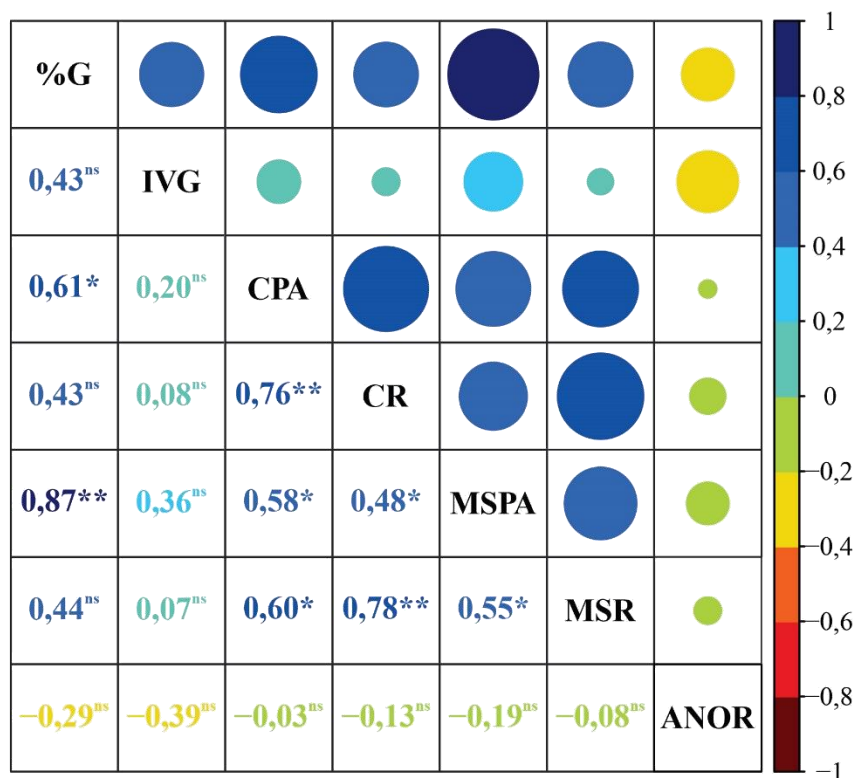
secundário da transdução de sinais, portanto, pequenas flutuações na concentração de  $\text{Ca}_2^+$  citossólico acabam alterando as atividades de diversas enzimas antioxidantes e também alguns hormônios vegetais (OLIVEIRA et al., 2010).

Dessa forma, tomados em conjunto a redução de todos os caracteres de desenvolvimento analisados (germinação; índice de velocidade de germinação; comprimento de raiz e parte aérea; massa seca de raiz e parte aérea) e o aumento da anormalidade na formação das plântulas com relação ao controle, fixou-se para a etapa II o potencial salino de -0,4 MPa para NaCl e KCl e o -0,2 MPa para o  $\text{CaCl}_2$ .

## 3.2 Etapa II

### 3.2.1 Correlação genética

Analisando os resultados de germinação e desenvolvimento inicial das plântulas de 16 progênies de *M. caesalpinifolia*, submetidas a níveis e fontes de salinidade por meio da correlação de Pearson ( $r$ ) entre as variáveis analisadas (%G, IVG, CPA, CR, MSPA, MSR, ANOR) é possível observar que a %G apresentou os maiores valores de correlação com a MSPA ( $R= 0,87$ ), CR ( $R= 0,78$ ) e CPA ( $R= 0,76$ ) (Figura 3). Estes resultados demonstram que as variáveis MSPA, CR e CPA podem ser utilizadas como variáveis auxiliares a %G na seleção de genótipos quanto ao grau de tolerância e/ou susceptibilidade à salinidade. Correlações negativas foram observadas entre ANOR e todas as variáveis analisadas.



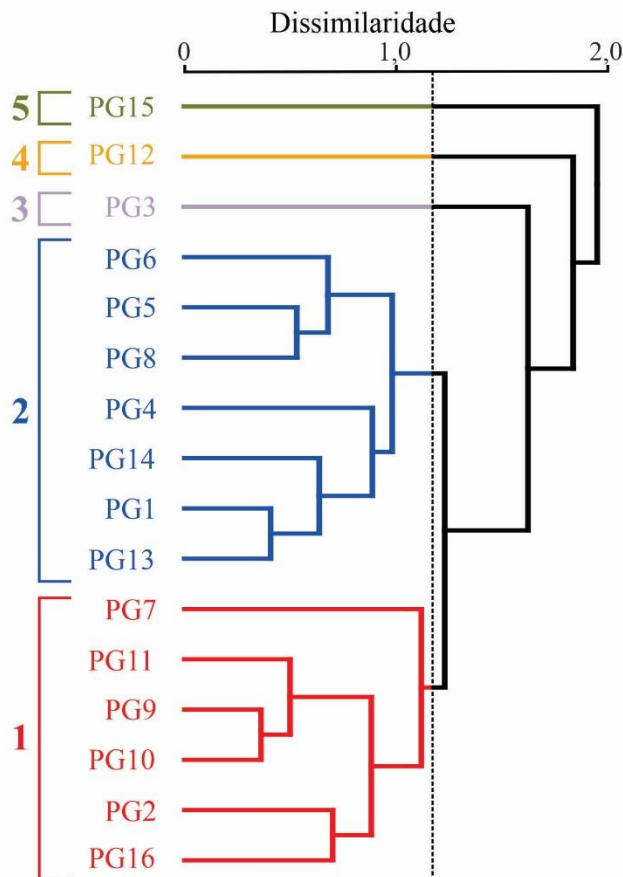
**Figura 3.** Coeficiente de correlação de Pearson ( $r$ ) entre as variáveis morfológicas de 16 progênes de *M. caesalpinifolia* submetidas a níveis e fontes de salinidade e testemunha (água destilada).

Em que: \*\*: Significativo a 1%; ns: não significativo; Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR). O tamanho do círculo e a coloração indicam a magnitude e a direção de cada correlação, respectivamente.

### 3.2.2 Análise Multivariada

A análise de agrupamento via UPGMA separou as 16 progênes em cinco grupos distintos (Figura 4), indicando a presença de ampla variabilidade genética para tolerância à salinidade entre as progênes estudadas.

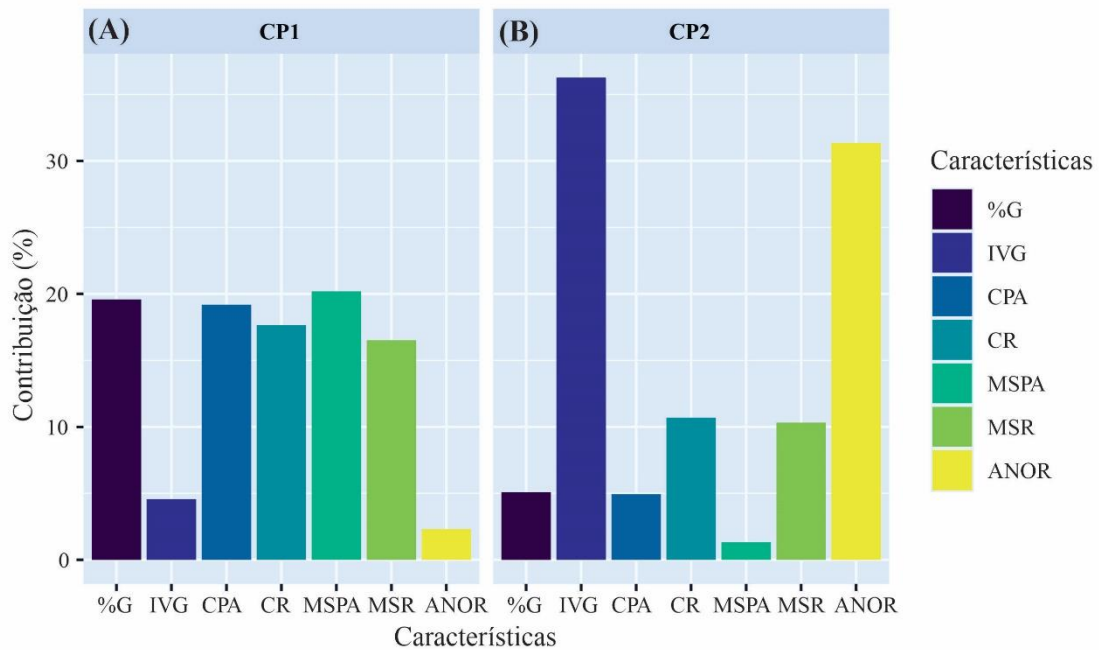




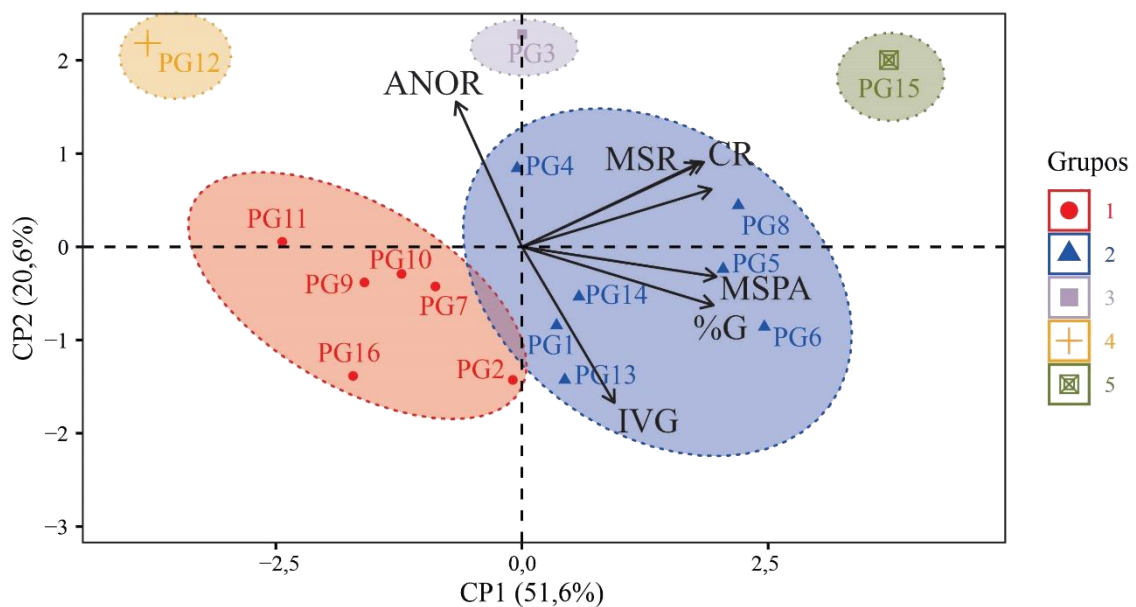
**Figura 4.** Dendrograma baseado na distância euclidiana de valores genotípicos padronizados pelo método UPGMA entre 16 progênies de *M. caesalpiniiifolia*, submetidos ao estresse salino induzidos por NaCl, KCl e CaCl<sub>2</sub> e testemunha (água destilada).

Na figura 5 é possível verificar a contribuição relativa de diversidade das variáveis para a formação dos grupos em que todas elas contribuíram para explicar a dissimilaridade entre as progênies, atestando assim, sua importância nesses estudos cujo objetivo seja verificar a tolerância das progênies *M. caesalpiniiifolia* submetidas a fontes e doses de salinidade.

A partir das análises das variáveis nos dois primeiros componentes principais CP1 e CP2 (72,2 %), cuja dispersão gráfica está representada de forma bidimensional (Figura 6) é possível observar que todas elas contribuíram para explicar a dissimilaridade entre as progênies, devendo ser priorizadas nesses estudos, do qual o objetivo seja verificar a tolerância das progênies *M. caesalpiniiifolia* submetidas a fontes e doses de salinidade.



**Figura 5.** Contribuição relativa das variáveis morfométricas das 16 progênes de *M. caesalpinifolia* para os dois primeiros componentes principais. Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR).



**Figura 6.** Biplot das 16 progênes de *M. caesalpinifolia* com base nos dois primeiros componentes principais obtidos pela variação morfométrica de sementes.

Em que: Grupo 1: PG2; PG7; PG9; PG10; PG11; PG16; Grupo 2: PG1; PG4; PG5; PG6; PG8; PG13; PG14; Grupo 3: PG3; Grupo 4: PG12; Grupo 5: PG15. Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR)

Os vetores de cada variável estabeleceram a correlação de cada uma delas com os CP1 e CP2. O comprimento relativo desses vetores é proporcional à sua contribuição para a

discriminação entre os grupos, em que a variância de cada variável foi determinada por esse comprimento. A composição dos grupos gerados foi idêntica aos formados pela análise de agrupamento via UPGMA mostrada na Figura 4 demonstrando confiabilidade na adoção dos dois métodos usados.

Baseando-se nos resultados a partir dos dois métodos estudados observa-se que no grupo 1, formado por 6 progênes, foi possível observar maiores valores para a variável IVG e baixos valores para as demais variáveis. Em relação ao grupo 2 e 3, formados pela progênie 7 e 1 respectivamente, observa-se as progênes com valores mais próximos as médias para as variáveis analisadas. O grupo 4, formado pela progênie 12, apresentou os menores valores para todos os caracteres avaliados demonstrando que aparentemente o genótipo é o mais susceptível aos sais. Já o grupo 5, formado pela progênie 15, destacou-se por apresentar as maiores médias para as variáveis, possibilitando classificá-la como a progênie mais tolerante aos níveis e as fontes salinas estudadas (Figura 5).

A variação quanto ao comportamento entre os genótipos aos sais se deve, possivelmente, à melhor capacidade de adaptação osmótica de algumas plantas, sendo capazes de absorver e acumular íons e utilizá-los na síntese de compostos orgânicos, além de apresentarem uma maior capacidade de absorção de água, mesmo em potenciais osmóticos baixos (SILVA, 2008).

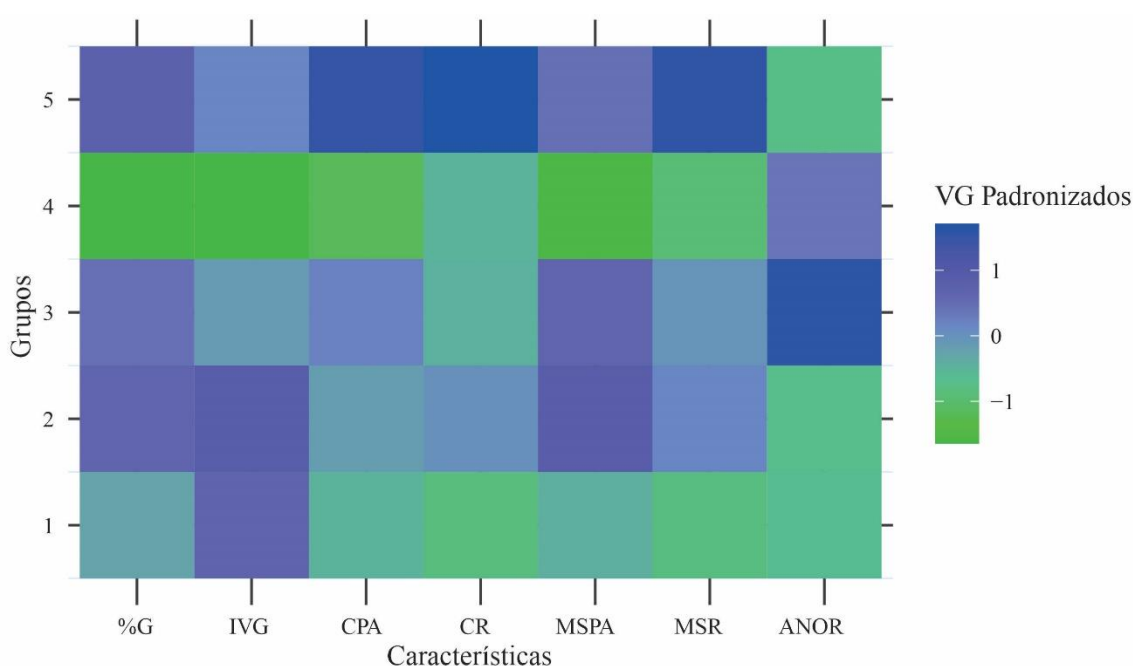
Algumas espécies (glicófitas e halófitas) podem tolerar altos níveis de sais tanto no ambiente do solo quanto nos tecidos, por meio de mecanismos morfológicos, fisiológicos e moleculares que atenuam (ou evitam) o estresse induzido pelos sais (FLOWERS, 2004; TUTEJA, 2007). Tais respostas variam entre espécies, genótipos, dentre uma mesma espécie e entre estádios de desenvolvimento da planta (BRITO et al., 2014b) em que cada fase de desenvolvimento a tolerância é controlada por mais de um gene e é altamente influenciada por fatores ambientais (SYVERTSEN; GARCIA-SANCHEZ, 2014).

Nesse estudo, diferentes técnicas multivariadas (agrupamento via UPGMA; componentes principais) foram utilizadas para agrupar diferentes progênes de *M. caesalpiniifolia* para a tolerância quanto ao estresse salino. Os resultados obtidos com o uso dessas técnicas foram eficientes em discriminar as progênes quanto à diversidade para tolerância aos sais, de forma que a progênie mais tolerante (PG15) e a mais sensível (PG12) foram as mais divergentes e agruparam-se separadamente.

As análises de agrupamento dos parâmetros morfológicos, que indicam tolerância à salinidade, são ferramentas que possibilitam visualizar as variações genotípicas entre as

progênes (SINGH et al., 2015). Tendo em vista estas informações ressalta-se a viabilidade de identificar e avaliar genótipos tolerantes a essa condição por meio das análises multivariadas, a fim de selecionar e indicar progênes adequadas e adaptadas ao convívio com estresse salino, principalmente em regiões áridas e semiáridas.

Com a padronização das variáveis analisadas observa-se, por meio do *heatmap*, a representação do comportamento dos grupos formados para cada variável, entre os dois primeiros componentes principais, comprovando-se o que foi apresentado nas análises de agrupamentos anteriores (Figura 7).



**Figura 7.** Gráfico *heatmap* baseado na formação dos grupos das 16 progênes de *M. caesalpinifolia* a partir da média genotípica padronizada.

Em que: Grupo 1: PG2; PG7; PG9; PG10; PG11; PG16; Grupo 2: PG1; PG4; PG5; PG6; PG8; PG13; PG14; Grupo 3: PG3; Grupo 4: PG12; Grupo 5: PG15. Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR).

### 3.2.3 Parâmetros Genéticos

A análise dos componentes de variância e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) demonstrou a existência de diferenças significativas entre as progênes para os caracteres avaliados (Tabela 2). Essas diferenças evidenciam a ocorrência de variabilidade genética entre as progênes o que é desejável com vistas a seleção. Efeitos significativos para interação genótipo x ambiente foram constatados para as características de %G, IVG, CPA, CR e ANOR indicando a existência de diferenças genéticas no ranking na seleção entre os genótipos quanto à resposta às variações aos ambientes avaliados.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos (Tabela 2) revelaram maior contribuição da variância genotípica para a expressão fenotípica ( $\sigma_g^2$ ) da %G. Em contrapartida para o IVG, CPA, CR, MSPA, MS e ANOR, observa-se uma maior contribuição do efeito de procedência ( $\sigma_{pc}^2$ ) e da interação genótipos x ambiente para a expressão da variação fenotípica de modo que, essas características são as mais afetadas pelo ambiente. Esse comportamento pode ser explicado em função de que a tolerância das espécies ao estresse abióticos são controladas por muitos genes e, conseqüentemente, é altamente influenciada por fatores ambientais (SYVERTSEN; GARCIA-SANCHEZ, 2014).

**Tabela 2.** Componentes de variância (C.V.) e análise de deviance pelo teste de razão de verossimilhança (LRT) e parâmetros genéticos em 16 progênis de *M. caesalpinifolia*, avaliados em três ambientes salinos e água destilada.

C.V.	%G	IVG	CPA	CR	MSPA	MSR	ANOR
$\sigma_g^2$	361,39 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>	0,09*	0,20 <sup>ns</sup>	0,01*	0,000017*	0,03 <sup>ns</sup>
$\sigma_{pc}^2$	34,58 <sup>ns</sup>	8,56*	0,16*	1,38*	0,000046 <sup>ns</sup>	0,00023*	0,04 <sup>ns</sup>
$\sigma_{int}^2$	149,97*	2,03*	0,16*	0,44*	0,000483 <sup>ns</sup>	0,000001 <sup>ns</sup>	6,80*
$\sigma_e^2$	96,5	0,80	0,12	0,76	0,01	0,0002	2,26
$\sigma_f^2$	642,44	11,54	0,53	2,78	0,02	0,00044	9,12
$h_g^2$	0,56 ± 0,13	0,013 ± 0,02	0,16 ± 0,07	0,073 ± 0,05	0,63 ± 0,15	0,0387 ± 0,04	0,003 ± 0,009
$c_{pc}^2$	0,05	0,74	0,31	0,49	0,0027	0,51	0,005
$c_{int}^2$	0,23	0,18	0,30	0,16	0,03	0,003	0,74
$h_{mg}^2$	0,90	0,13	0,62	0,50	0,99	0,52	0,02
$r_{gg}$	0,95	0,36	0,79	0,70	0,99	0,72	0,12
$rg_{loc}$	0,71	0,07	0,35	0,32	0,96	0,93	0,0039
$CV_{gi}(\%)$	23,39	4,26	11,29	11,92	36,15	9,82	16,24
$CV_e(\%)$	7,84	31,99	15,81	31,48	7,10	37,17	42,56
$F_{ST}$	0,05	0,97	0,48	0,77	0,002	0,87	0,43
<b>Média geral</b>	81,27	9,17	2,61	3,79	0,29	0,04	1,01

C.V.: Componentes de variância; Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Massa seca da parte aérea (MSPA); Massa seca de raiz (MSR); Anormais (ANOR);  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_{pc}^2$ : variância genotípica entre procedências;  $\sigma_{pc}^2$ : variância da interação entre genótipos x ambientes (Tratamentos 0 – água destilada; XX NaCl; XX CaCl<sub>2</sub> e XX KCl);  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica individual;  $h_g^2$ : herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;  $c_{pc}^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos de procedências;  $c_{int}^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente;  $h_{mg}^2$ : herdabilidade da média de genótipo;  $r_{gg}$ : acurácia genética;  $rg_{loc}$ : correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes;  $CV_{gi}(\%)$ : coeficiente de variação genotípica;  $CV_e(\%)$ : coeficiente de variação residual;  $F_{ST}$ : índice de fixação entre populações. \*Significativo a 5 % via teste LRT; <sup>ns</sup>Não significativo a 5% via teste LRT.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ( $h_g^2$ ) foram consideradas de alta a baixa segundo Resende (2015), sendo as maiores obtidas para a variável CR, MSPA e %G, indicando assim possíveis ganhos genéticos a serem explorados a

partir da seleção com base nessas características. Em contrapartida, baixas estimativas do coeficiente de herdabilidade observadas indicam forte influência do ambiente, dos efeitos de procedências e da interação genótipo x ambientes na expressão das variáveis IVG, CPA, MSR e ANOR o que reforça a importância do desdobramento da interação genótipos x ambientes para maximizar o ganho na seleção das progênies.

As acurácias genotípicas foram altas para as características de %G, CR, MSPA e MSR (Tabela 2). De acordo com Resende e Duarte (2007) valores de acurácia entre 0,70 e 0,90 são classificados como de alta precisão e valores acima de 0,90 de muito alta precisão. Dessa forma, tem-se alta precisão no processo de seleção de progênies por meio de seus valores genotípicos a partir dessas variáveis.

A correlação genotípica entre os ambientes ( $rg_{loc}$ ) variou de baixa a moderada para as variáveis IVG, CPA, CR e ANOR, denotando a existência de interação genótipos por ambientes o que requer seleção diferenciada das progênies para os ambientes avaliados, indicando que alguns genótipos podem ter desempenho superior em um ambiente e em outro baixo desempenho, fato este já atestado pela análise de Deviance.

No entanto, para as variáveis de %G, MSPA e MSR o  $rg_{loc}$  foi considerado alto. Correlações genotípicas maiores que 0,67 são consideradas altas e indicam que as progênies avaliadas atendem de forma simultânea e satisfatória às demandas de todos os ambientes avaliados (RESENDE, 2002).

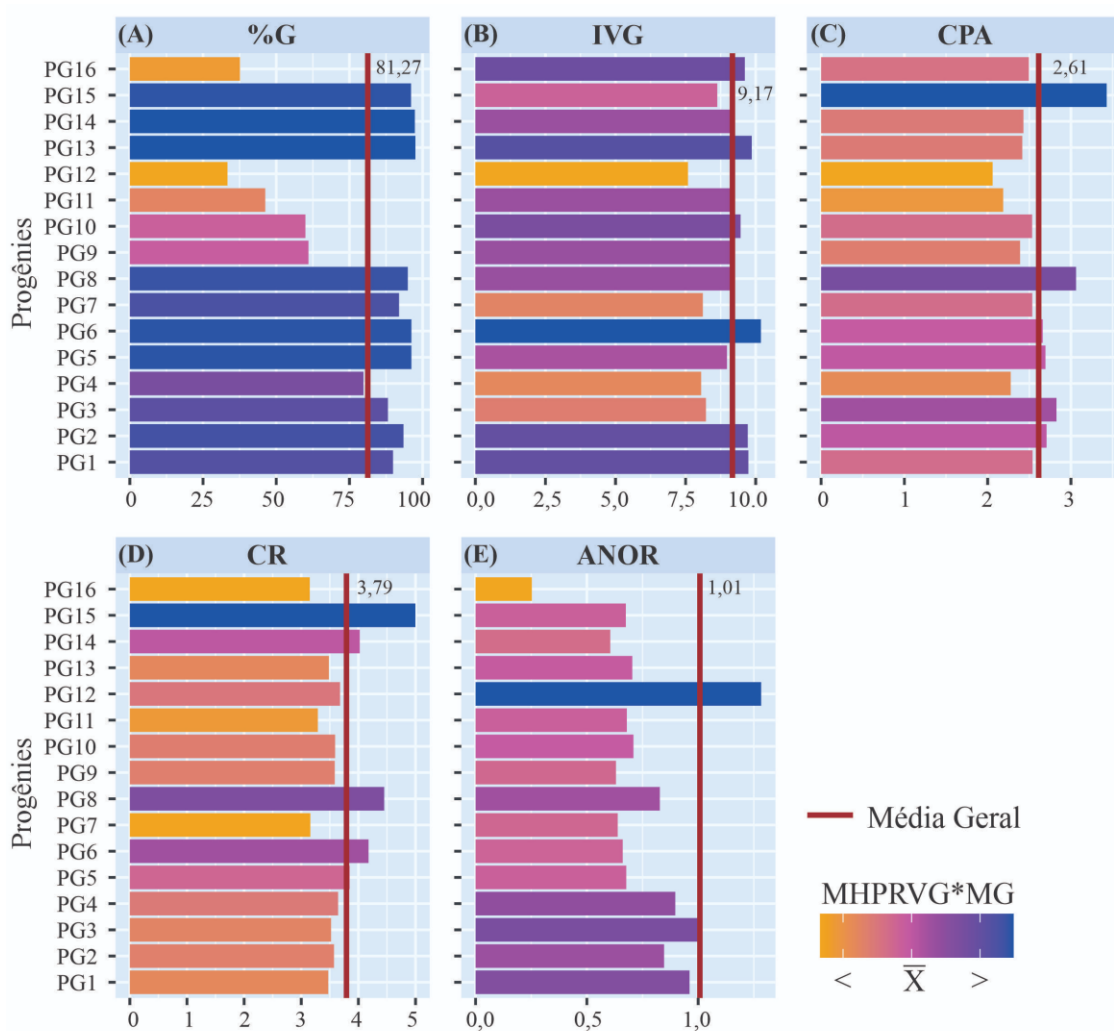
O  $F_{ST}$  segundo Wright (1978) revelam níveis pequenos para as variável de MSPA, alto para a variável %G e elevado para as variáveis IVG, CPA, CR, MSR e ANOR, indicando elevada diferenciação genética entre as procedências amostradas, em que, há evidências de estrutura populacional que gera deriva genética suficiente para diferenciação de populações de acordo com a localização geográfica das procedências para a maioria dos caracteres avaliados. Assim, características de germinação podem ser marcadores fenotípicos para evidenciar estruturas de população, como observado neste estudo.

A condução de experimentos em ambientes distintos nos programas de melhoramento é uma metodologia comumente utilizada, resultado da interação genótipo com os ambientes, a qual é decorrente de um desempenho diferenciado de cada genótipo por local (RAMALHO et al., 2012). Desse modo, a indicação de progênies para os diferentes ambientes é dificultada, em que, é de difícil a tomada de decisão quanto a recomendação uniforme para todos os ambientes em estudo o que justifica a condução de análises de produtividade, adaptabilidade e estabilidade (SILVEIRA et al., 2012).

### 3.2.5 Seleção com base na produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG\*MG)

Os valores de MHPRVG\*MG observados evidenciam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que é estabelecida, de modo que, as progênes mais tolerantes são as mais estáveis e de maior produtividade. Assim, o desempenho máximo é alcançado com as mesmas progênes independente do ambiente, em que neste estudo, a variação quanto aos ambientes ocorre em função das diferentes fontes salinas. Dessa forma, progênes selecionadas pelo método MHPRVG\*MG são as que apresentam melhor tolerância as fontes salinas estudadas e a testemunha (água destilada) podendo assim serem indicadas aos ambientes avaliados, considerando o caráter em questão (Figura 9).

Houve ampla variação, em termo de progênes com relação a porcentagem de germinação em que a PG1, PG2, PG3, PG5, PG6, PG7, PG8, PG13, PG14 e PG15 obtiveram valores superiores à média geral do experimento para a variável (Figura 9A). Com relação ao IVG a PG1, PG2, PG6, PG8, PG9, PG10, PG1, PG13, PG14 e PG16 apresentaram produtividade acima da média para adaptação aos diferentes ambientes avaliados (fontes salinas e testemunha) e foram considerados estáveis (Figura 9B).



**Figura 9.** Produtividade, adaptabilidade e estabilidade de valores genéticos (MHPRVG), de progênies de *M. caesalpinifolia* conduzidos em ambientes salinos. Em que: Germinação (%G); Índice de velocidade de germinação (IVG); Comprimento de parte aérea (CPA); Comprimento de raiz (CR); Anormais (ANOR); MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos.

O efeito dos sais sobre a germinação e o índice de velocidade de germinação de sementes ocorre em função do incremento da retenção osmótica do substrato dificultando a absorção de água pelas sementes e, conseqüentemente, comprometendo os processos de divisão e alongamento celular, reduzindo tanto a germinação final como a velocidade do processo (NASR et al., 2012). No entanto, diferentes respostas genótípicas podem ser induzidas ou expressas em maior grau quando as plantas são expostas a determinado estresse, em que, variam entre espécies e entre genótipos de uma mesma espécie (FOOLAD; LIN, 1997; SREENIVASULU; SOPORY; KAVI KISHOR, 2007).



Estudos envolvendo a capacidade de germinação das espécies em condições de estresse tem sido realizado por diversos autores com o intuito de verificar os efeitos genéticos e epigenéticos, além das condições ambientais em que a planta descendente se encontra, podem influenciar diretamente a resposta quanto a germinação e velocidade de germinação das sementes (LONG et al., 2015; RIX et al., 2015; SOUSA et al., 2018).

Verificou-se efeito negativo da salinidade com relação a tolerância sobre as variáveis comprimento da parte aérea (Figura 9C) e da raiz (Figura 9D) de plântulas para as progênes estudadas, em que, apenas as PG2, PG3, PG5, PG6, PG8 e PG15 apresentaram valores superiores à média geral para a variável da parte aérea. Em contra partida, para a variável comprimento de raiz apenas a PG6, PG8, PG14 e PG15 foram superiores à média dos ambientes. Essa variação quanto a tolerância e redução no comprimento da parte aérea e na raiz está associada aos efeitos osmóticos, tóxicos e nutricionais decorrentes do acúmulo de sais na zona radicular da plântula (LACERDA et al., 2006).

Considerando a variável anormalidade de plântulas (ANOR), figura 9E, a PG12 destacou-se como a menos promissora para o cultivo em ambientes salinos, pois respondeu com valores acima da média para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade. Esta progênie, considerando todos os resultados, foi inferior a todas as outras. O efeito dos sais exerce influência direta sobre a morfologia das plântulas geradas, em que, as fontes e/ou concentrações podem causar alterações significativas sobre a incidência de plântulas anormais a depender do genótipo. A partir da análise dessa variável é possível ter como referência os distúrbios fisiológicos e/ou estruturais provocados pela condição salina do substrato (HATSCHBACH, 2009), possibilitando assim, selecionar progênes com baixos valores para esse caráter.

Com base no nosso estudo, observa-se que o percentual de redução nas diferentes variáveis medidas é altamente dependente da população/procedências, sugerindo que as sementes de *M. caesalpiniifolia* apresentam diferentes habilidades para lidar com os efeitos dos níveis e fontes de salinidade a depender do genótipo e das condições ambientais de sua população de origem.

### 3.2.6 Índice de rank médio de Mulamba e Mock

Por meio do uso do Índice de rank médio de Mulamba e Mock obteve-se a ordem das progênes com melhor desempenho considerando todas os caracteres avaliados, com exceção

das variáveis IVG e ANOR devido a acurácia seletiva ter valores abaixo de 0,70 (Tabela 3).

**Tabela 3.** Ordenamento para as 16 progênes de *M. caesalpinifolia* aplicado aos caracteres %G: Germinação; CPA: Comprimento de parte aérea; CR: Comprimento de raiz; MSPA: Massa seca de parte aérea; MSR: Massa seca de raiz, pelo índice de ranking médio.

<b>Progênie</b>	<b>%G*</b>	<b>CPA*</b>	<b>CR*</b>	<b>MSPA#</b>	<b>MSR#</b>	<b>Índice de Mulamba e Mock</b>	<b>Ranking</b>
<b>PG6</b>	3	6	3	1	2	15	<b>1</b>
<b>PG15</b>	5	1	1	8	1	16	<b>2</b>
<b>PG8</b>	6	2	2	3	6	19	<b>3</b>
<b>PG5</b>	4	5	5	2	4	20	<b>4</b>
<b>PG14</b>	2	11	4	7	9	33	<b>5</b>
<b>PG3</b>	10	3	11	5	7	36	<b>6</b>
<b>PG13</b>	1	12	12	4	8	37	<b>7</b>
<b>PG1</b>	9	7	13	10	5	44	<b>8</b>
<b>PG4</b>	11	14	7	9	3	44	<b>9</b>
<b>PG2</b>	7	4	10	11	15	47	<b>10</b>
<b>PG7</b>	8	8	15	6	13	50	<b>11</b>
<b>PG10</b>	13	9	8	13	12	55	<b>12</b>
<b>PG9</b>	12	13	9	14	10	58	<b>13</b>
<b>PG12</b>	16	16	6	16	14	68	<b>14</b>
<b>PG11</b>	14	15	14	15	11	69	<b>15</b>
<b>PG16</b>	15	10	16	12	16	69	<b>16</b>

\*MHPRVG\*MG; # $\mu$  + g considerando todos os locais.

De acordo com esta metodologia, observa-se que a PG6, PG15, PG8, PG5 e PG14 obtiveram as melhores médias com relação aos genótipos, considerando-se assim, as melhores progênes avaliadas para os ambientes testados. Também foi possível observar que dentre as cinco primeiras progênes selecionadas, quatro delas são provenientes da procedência do Ceará (CE), assim, são as mais indicadas para coleta de sementes visando a seleção de plantas com elevada capacidade de adaptabilidade, produtividade e estabilidade quando submetidas a estresses abióticos como o ocasionado por saís.

Por outro lado, as progênes que apresentaram o pior desempenho a todas as variáveis foram a PG16, PG11, PG12 PG9 e PG10. Os genótipos coletados no estado do Piauí (PI), apresentaram má adaptação aos ambientes avaliados. Fato esse, pode ser observado a partir da presença de todas as progênes da procedência nas piores classificações segundo o Índice de rank médio de Mulamba e Mock, como também do baixo desempenho das progênes, tanto na avaliação do potencial germinativo, quanto no desenvolvimento inicial de plântulas. Diante disso, neste estudo recomenda-se a não seleção de sementes dessa procedência, devido a sua

baixa capacidade de adaptabilidade, produtividade e estabilidade das progênies quando submetidas à ambientes salinos.

A baixa qualidade fisiológica das sementes desta procedência pode estar relacionada a condições climáticas que as progênies foram expostas durante a fase de desenvolvimento de frutos e sementes, como por exemplo um longo período de estiagem. A restrição hídrica durante o processo de formação resulta em sementes com material de reserva reduzido e em consequência baixa germinação e vigor (CARVALHO; NAKAGAWA, 2012).

Outro aspecto que reflete diretamente à qualidade das sementes é o período de sua coleta, em que, quando a coleta é realizada fora do ponto de maturação fisiológica há tendência de reduzir a qualidade das sementes, cuja velocidade de deterioração é influenciada pelos fatores ambientais e genéticos (PEDROSO et al., 2008).

O uso do índice de ranking médio possibilitou a seleção de genótipos superiores para todas as características em que a seleção somente com base em uma variável dificultaria a seleção de progênies com bons índices em várias características, como por exemplo para o IVG, não seria selecionado a PG15, em que, para as demais características a progênie apresentou desempenho acima da média.

No estudo, a variação entre os ambientes ocorre devido às diferentes fontes de salinidade do substrato e a testemunha com uso de água destilada. Pode-se considerar que os genótipos selecionados pelo método são os que apresentaram melhor eficiência na tolerância aos sais com melhores respostas ao estresse causado.

#### 4. CONCLUSÕES

As sementes de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. são sensíveis a salinidade causada pela redução do potencial hídrico em que a redução do desempenho germinativo e o desenvolvimento inicial das sementes causadas pela salinidade com NaCl e KCl ocorre a partir do potencial -0,4 MPa e para o CaCl<sub>2</sub> a partir de -0,2 MPa.

As análises multivariadas promoveram a formação de cinco grupos distintos, indicando ampla variabilidade genética para tolerância à salinidade entre as progênies estudadas.

A progênie 15 destacou-se como a progênie mais tolerante aos níveis e as fontes salinas estudadas, enquanto a progênie 12 apresentou maior susceptibilidade aos sais, indicando ser a progênie menos tolerante.

As estimativas dos componentes de variância envolvendo as progênies e os ambientes estudados demonstram que houve diferenças significativas no desempenho dos genótipos nos

ambientes analisados, confirmando a ocorrência de uma interação de fatores para a maioria dos caracteres avaliados.

O índice de ranking médio possibilitou a seleção da PG6, PG15, PG8, PG5 e PG14 como as progênies que apresentam os melhores desempenhos com relação a produtividade, adaptabilidade e estabilidade em todos os ambientes avaliados, simultaneamente.

## 5. REFERÊNCIAS

ABBAS, R. et al. Halotolerant PGPR: A hope for cultivation of saline soils. **Journal of King Saud University - Science**, v. 31, n. 4, p. 1195–1201, 2019.

AGUIAR, R. B. DE; GOMES, J. R. DE C. **Diagnóstico do município de Uruçui**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em:

<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel\\_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16458/Rel_Uruçui.pdf?sequence=1&isAllowed=y)>.

ALVES, E. U. et al. Dormência e desenvolvimento de sementes de sabiá (*Mimosa caesalpinifolia* Benth.). **Revista Árvore**, v. 28, n. 5, p. 655–662, 2004.

ALVES, E. U. et al. Germinação e biometria de frutos e sementes de *Bauhinia divaricata* L. **Sitientibus Série Ciências Biológicas**, v. 7, n. 3, p. 193–198, 2007.

ANDRADE, D. B. DE et al. Detection of green seeds in soybean lots by the seed analysis system (SAS). **International Journal of Current Research**, v. 8, n. 2, p. 26462–26465, 2016.

ANDRADE, L. A. et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes, grau de umidade e superação de dormência de jatobá. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 2, p. 293–299, 2010.

ARAUJO, E. B. G. et al. Crescimento inicial e tolerância de cultivares de meloeiro à salinidade da água. **Revista Ambiente e Água**, v. 11, n. 2, p. 462–471, 2016.

ARIF, Y. et al. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: An omic approach towards salt stress tolerance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, n. 11, p. 64–77, 2020.

ASHRAF, M. **Inducing drought tolerance in plants: Recent advances** **Biotechnology Advances** **Biotechnol Adv**, , 2010. Disponível em:

<<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19914371/>>. Acesso em: 16 dez. 2020.

ASLAM, M.; RESHI, Z. A.; SIDDIQI, T. O. Genetic divergence in half-sib progenies of

- Pinus wallichiana* A.B. Jackson plus trees in the Kashmir Himalaya, India. **Tropical Ecology**, v. 52, n. 2, p. 201–208, 2011.
- BAEK, J. et al. High throughput phenotyping for various traits on soybean seeds using image analysis. **Sensors (Switzerland)**, v. 20, n. 1, p. 1–9, 2020.
- BALBINOT, E. et al. Crescimento inicial e fertilidade do solo em plantios puros e consorciados de *Mimosa caesalpinifolia* Benth. **Scientia Forestalis/Forest Sciences**, n. 85, p. 27–37, 2010.
- BALESTRE, M. et al. Bayesian mapping of multiple traits in maize: The importance of pleiotropic effects in studying the inheritance of quantitative traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 3, p. 479–493, 2012.
- BARBOSA, J. et al. Uso de imagens digitais obtidas com câmeras para analisar plantas. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 39, n. 1, p. 15–24, mar. 2016.
- BARRETO, R. W.; MARINI, F. S. *Mycovellosiella robsii* sp. nov. causing leaf-spot on *Mimosa caesalpiniaefolia*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 6, p. 605–608, 2002.
- BARRETTO, S. S. B.; FERREIRA, R. A. Aspectos morfológicos de frutos, sementes, plântulas e mudas de leguminosae mimosoideae: *Anadenanthera colubrina* (Vellozo) Brenan e *enterolobium contortisiliquum* (Vellozo) morong. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 2, p. 223–232, 2011.
- BARROZO, L. M. et al. Qualidade sanitária de sementes de *Arachis hypogaea* L. em função de velocidades de arranquio e recolhimento. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 4, p. 573–579, 2012.
- BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Araripina**. Recife: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel\\_Araripina.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/16290/Rel_Araripina.pdf?sequence=1)>.
- BELTRÃO, B. A. et al. **Diagnóstico do município de Upanema**. Recife: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel\\_upanema.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17300/rel_upanema.pdf?sequence=1)>.
- BETONI, R.; SCALON, S. DE P. Q.; MUSSURY, R. M. Salinidade e temperatura na germinação e vigor de sementes de mutambo (*Guazuma Ulmifolia* Lam.) (Sterculiaceae). **Revista Arvore**, v. 35, n. 3 SUPPL.1, p. 605–616, 2011.
- BISPO, R. B. et al. Divergência genética entre genótipos de *Mauritia flexuosa* L. f. por meio de morfometria de frutos e sementes. **Revista Nativa**, v. 8, n. 4, p. 585–590, 2020.
- BRACCINI, A. L. et al. Germinação e vigor de sementes de soja sob estresse hídrico induzido

- por soluções de cloreto de sódio, manitol e polietilenoglicol. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 18, n. 1, p. 10–16, 1996.
- BRAGA, L. F. et al. Caracterização morfolométrica de sementes de castanha de sapucaia (*Lecythis pisonis* Cambess. - Lecythidaceae). **Revista de Ciências Agro-Ambientais**, v. 5, n. 1, p. 111–116, 2007.
- BRAGA, L. F.; SOUSA, M. P.; ALMEIDA, T. A. Germinação de sementes de *Enterolobium schomburgkii* (Benth.) Benth. submetidas a estresse salino e aplicação de poliamina. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v. 11, n. 1, p. 63–70, 2009.
- BRANDÃO, R. DE L.; FEITOSA, F. A. C. **Diagnóstico de município de Caririçu**. Fortaleza: [s.n.]. Disponível em:  
<[http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel\\_Caririçu.pdf?sequence=1](http://rigeo.cprm.gov.br/xmlui/bitstream/handle/doc/17236/Rel_Caririçu.pdf?sequence=1)>.
- BRITO, S. F. DE et al. Morfometria de frutos e sementes e desenvolvimento pós-seminal de *Acnistus arborescens*. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 57, n. 4, p. 422–428, 2014a.
- BRITO, M. E. B. et al. Sensibilidade à salinidade de híbridos trifoliados e outros porta-enxertos de citros. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 17–27, 2014b.
- BRUNO, R. L. A. et al. Tratamentos pré-germinativos para superar a dormência de sementes de *Mimosa caesalpiniaefolia* Benth. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 23, n. 2, p. 136–143, 30 dez. 2001.
- CALLEGARI-JACQUES, S. M. **Bioestatística: princípios e aplicações**. Porto Alegre: Artmed, 2003.
- CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2012.
- CARVALHO, P. E. R. **Sabiá (*Mimosa Caesalpinifolia*) Taxonomia e Nomenclatura**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 135), 2007.
- COIMBRA, R. DE A. et al. Teste de germinação com acondicionamento dos rolos de papel em sacos plásticos. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 1, p. 92–97, abr. 2007.
- COSTA, R. B. DA; SILVA, J. C. DA; EBERT, A. Análise Univariada e Multivariada: importância para o melhoramento genético de espécies florestais com ênfase em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. **Multitemas**, v. 2, n. 44, p. 13–25, 2013.
- COSTA, G. S. et al. Aporte de nutrientes pela serapilheira em uma área degradada e revegetada com leguminosas arbóreas. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v. 28, n. 5, p. 919–927, set. 2004.
- COSTA, M. F. et al. Caracterização e divergência genética de populações de *Casearia*

- grandiflora no cerrado Piauiense. **Floresta e Ambiente**, v. 23, n. 3, p. 387–396, 2016.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.
- DANTAS, C. V. S. et al. **Influence of salinity and water deficit on the germination of *Carthamus tinctorius* L. seeds** **Revista Brasileira de Sementes** Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes, , 2011. Disponível em:  
<[http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0101-31222011000300020&lng=en&nrm=iso&tlng=pt)>. Acesso em: 30 nov. 2020.
- DEUNER, C. et al. Viabilidade e atividade antioxidante de sementes de genótipos de feijão-miúdo submetidos ao estresse salino. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 33, n. 4, p. 711–720, 2011.
- DUTRA, T. R. et al. Efeito da salinidade na germinação e crescimento inicial de plântulas de três espécies arbóreas florestais. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 37, n. 91, p. 323, 2017.
- FELIX, F. C. et al. Biometry of *Pityrocarpa moniliformis* seeds using digital imaging: implications for studies of genetic divergence. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 15, n. 1, p. 1–8, 30 mar. 2020.
- FENNER, M.; THOMPSON, K. **Seed ecology**. Cambridge: Cambridge University Press, 2005.
- FERREIRA, C. B. B. et al. Diversidade genética molecular de progênies de dendezeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 378–384, mar. 2012.
- FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **ExpDes: Experimental Designs**, 2018. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=ExpDes>>.
- FERREIRA, T. M. M. et al. Effect of salinity stress in *Setaria viridis* (L.) P. Beauv. accession A10.1 during seed germination and plant development. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 44, p. 1–16, 2020.
- FLOWERS, T. J. Improving crop salt tolerance. **Journal of Experimental Botany**, v. 55, n. 396, p. 307–319, 1 fev. 2004.
- FOOLAD, M. R.; LIN, G. Y. Absence of a genetic relationship between salt tolerance during seed germination and vegetative growth in tomato. **Plant Breeding**, v. 116, p. 363–367, 1997.

- FOTI, C.; KHAH, E. M.; PAVLI, O. I. Germination profiling of lentil genotypes subjected to salinity stress. **Plant Biology**, v. 21, n. 3, p. 480–486, 25 maio 2019.
- FREITAS, T. P. et al. Morfologia e caracterização da germinação em função da posição das sementes no fruto de sabiá. **Scientia Plena**, v. 9, n. 3, p. 2–9, 2013.
- GILES, J. A. D. et al. Correlações entre características físicas, químicas e físicoquímicas de frutos de ciriguela. **REVISTA AGRO@MBIENTE ON-LINE**, v. 10, n. 1, p. 30, 7 jun. 2016.
- GIUSTINA, L. DELLA et al. Variabilidade genética em genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn. F.) baseada em marcadores moleculares ISSR e caracteres morfológicos. **Ciência Florestal**, v. 27, n. 4, p. 1311, 11 dez. 2017.
- GOIS, I. B.; FERREIRA, R. A.; SILVA-MANN, R. Variabilidade Genética em Populações Naturais de *Cassia grandis* L. f. **Floresta e Ambiente**, v. 25, n. 4, p. 1–10, 2018.
- GOLLDACK, D. et al. Tolerance to drought and salt stress in plants: Unraveling the signaling networks. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. APR, p. 1–10, 2014.
- GOMES FILHO, A. et al. Marcadores moleculares RAPD e descritores morfológicos na avaliação da diversidade genética de goiabeiras (*Psidium guajava* L.). **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 627–633, 2010.
- GONÇALVES, G. V. et al. Biometria de frutos e sementes de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em vegetação natural na região leste de Mato Grosso, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 31–40, 2013.
- GONCALVES, L. S. A. et al. Heirloom tomato gene bank: Assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364–374, 2009.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital Image Processing**. 3. ed. Upper Saddle River: Pearson Prentice Hall, 2008.
- GONZALEZ, R. C.; WOODS, R. E. **Digital image processing**. 3. ed. Upper Saddle River: USA: Prentice-Hall, Inc., 2010.
- GRANITTO, P. M.; VERDES, P. F.; CECCATTO, H. A. Large-scale investigation of weed seed identification by machine vision. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 47, n. 1, p. 15–24, abr. 2005.
- GUEDES, J. M. et al. Divergência genética entre cafeeiros do germoplasma Maragogipe. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 127–132, abr. 2013.
- GUIMARÃES, I. P. et al. Efeito da salinidade da água de irrigação na emergência e



crescimento inicial de plântulas de mulungu. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 8, n. 1, p. 137–142, 2013.

HATSCHBACH, C. **Efeito da salinidade na germinação de sementes de arroz híbrido avaxi sob concentrações crescentes de NaCl**. [s.l.] Universidade Federal de Santa Maria, 2009.

HOLANDA, A. C. et al. Desenvolvimento inicial de espécies arbóreas em ambientes degradados por sais. **Revista De Biologia E Ciências Da Terra**, v. 7, n. 1, p. 39–50, 2007.

KAPADIA, V. N.; SASIDHARAN, N.; KALYANRAO, P. Seed Image Analysis and Its Application in Seed Science Research. **Advances in Biotechnology & Microbiology**, v. 7, n. 2, p. 1–3, 2017.

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=factoextra>>.

KAWECKI, T. J.; EBERT, D. **Conceptual issues in local adaptation** *Ecology Letters* John Wiley & Sons, Ltd, , 1 dez. 2004. Disponível em: <<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1461-0248.2004.00684.x>>. Acesso em: 5 dez. 2020.

KHAN, M. A.; GULZAR, S. Germination responses of *Sporobolus ioclados*: A saline desert grass. **Journal of Arid Environments**, v. 53, n. 3, p. 387–394, 2003.

KRAUSE, W. et al. Digital phenotyping for quantification of genetic diversity in inbred guava (*Psidium guajava*) families. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1–11, 2017.

LACERDA, C. F. et al. Morpho-physiological responses of cowpea leaves to salt stress. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, v. 18, n. 4, p. 455–465, 2006.

LÁZARO-LOBO, A. et al. Influence of local adaptations, transgenerational effects and changes in offspring's saline environment on *Baccharis halimifolia* L. under different salinity and light levels. **Environmental and Experimental Botany**, v. 177, p. 104134, 1 set. 2020.

LEÃO, N. V. M. et al. Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King .) from Parakanã Indigenous Land , Pará State , Brazil.

**Australian Journal of Crop Science**, v. 12, n. 03, p. 435–443, 2018.

LIMA, B. G. DE. **Caatinga: espécies lenhosas e herbáceas**. Mossoró: Editoria Universitária da UFERSA, 2012.

LIMA, G. S. DE et al. Eficiência fotoquímica, partição de fotoassimilados e produção do

- algodoeiro sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 1, p. 214–225, 2019.
- LIMA, M. P. M. DE. Morfologia dos frutos e sementes dos gêneros da tribo Mimoseae (Leguminosae-Mimosoideae) aplicada à sistemática. **Rodriguesia**, v. 37, n. 62, p. 53–78, 1 jan. 1985.
- LIMA, I. C. A. R. et al. Avaliação de sabiazeiro (*Mimosa caesalpiniaefolia* Benth.) quanto a acúleos e preferência por bovinos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 3, n. 3, p. 289–294, 2008.
- LIMA, J. M. E. et al. Técnicas de análise de imagem para caracterização da qualidade de sementes de paricarana (*Bowdichia virgilioides* Kunth). **Ciencia Florestal**, v. 28, n. 3, p. 1202–1216, 1 jul. 2018.
- LOBET, G.; DRAYE, X.; PÉRILLEUX, C. An online database for plant image analysis software tools. **Plant Methods**, v. 9, n. 1, 2013.
- LONG, R. L. et al. The ecophysiology of seed persistence: A mechanistic view of the journey to germination or demise. **Biological Reviews**, v. 90, n. 1, p. 31–59, 2015.
- MAÊDA, J. M. et al. Critérios de seleção uni e multivariados no melhoramento genético da *Virola surinamensis* Warb. **Floresta e Ambiente**, v. 8, n. 1, p. 61–69, 2001.
- MAGUIRE, J. D. Speed of germination: aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigour. **Crop Science**, v. 2, n. 2, p. 176, 1962.
- MAIA, G. N. **Caatinga: árvores e arbustos e suas utilidades**. São Paulo: D & Z Computação Gráfica e Editora, 2004.
- MARCOS FILHO, J. Potencial fisiológico da semente de soja. **Informativo Abrates**, v. 23, n. 1, p. 21–24, 2013.
- MATHEUS, M. T.; LOPES, J. C. Morfologia de frutos, sementes e plântulas e germinação de sementes de *Erythrina variegata* L. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 3, p. 8–17, 2007.
- MATSUDA, O. et al. Hyperspectral imaging techniques for rapid identification of arabidopsis mutants with altered leaf pigment status. **Plant and Cell Physiology**, v. 53, n. 6, p. 1154–1170, 2012.
- MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D.; SILVA, J. A. Processamento digital de imagens na determinação do vigor de sementes de milho. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 13, n. 3, p. 1–7, 2018.
- MENDES, M. M. C. et al. Crescimento e sobrevivência de mudas de sabiá (*Mimosa*

- caesalpiniaefolia Benth.) inoculadas com micro-organismos simbioses em condições de campo. **Ciencia Florestal**, v. 23, n. 2, p. 309–320, 2013.
- MENEGATTI, R. D. et al. Genetic divergence among provenances of *Mimosa scabrella* Benth. Based on seed analysis. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 12, n. 3, p. 366–371, 2017.
- MIART, F. et al. MuSeeQ, a novel supervised image analysis tool for the simultaneous phenotyping of the soluble mucilage and seed morphometric parameters. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 112, 18 dez. 2018.
- MOE, S.; GIRDTHAI, T. Relationships of Soybean [ *Glycine max* (L.) Merrill ] Accessions Based on Physiological and Agro-morphological Traits. **International journal of Chemical, Environmental & Biological Sciences**, v. 1, n. 2, p. 375–379, 2013.
- MONTEIRO, R. A.; FIOREZE, S. L.; NOVAES, M. A. G. Variabilidade Genética de Matrizes de *Erythrina speciosa* a Partir de Caracteres Morfológicos. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 15, n. 1, p. 48–55, 2016.
- MORAES, C. B. DE et al. Variabilidade genética em progênes de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. **Revista Árvore**, v. 39, n. 6, p. 1047–1054, 2015.
- MOURA, N. F.; CHAVES, L. J.; NAVES, R. V. Caracterização física de frutos de pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) do cerrado. **Revista Arvore**, v. 37, n. 5, p. 905–912, 2013.
- MULATO, B. M. et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 276–283, 2010.
- MUNNS, R. et al. **Avenues for increasing salt tolerance of crops, and the role of physiologically based selection traits** *Plant and Soil* Springer, , nov. 2002. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1023/A:1021119414799>>. Acesso em: 30 nov. 2020.
- NASR, S. M. H. et al. Effect of salt stress on germination and seedling growth of *Prosopis juliflora* (Sw.). **New Forests**, v. 43, n. 1, p. 45–55, 27 jan. 2012.
- NOBRE, D. A. C. et al. Qualidade das sementes de girassol de diferentes genótipos. **Ciência Rural**, v. 45, n. 10, p. 1729–1735, 19 jun. 2015.
- NOBRE, R. G. et al. Emergência, crescimento e produção da mamoneira sob estresse salino e adubação nitrogenada. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 44, n. 1, p. 76–85, 2013.
- NOGUEIRA, N. W. et al. Salt stress and temperatures on the germination and initial growth of jurema-de-embira (*Mimosa ophthalmocentra*) seedlings. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 4, p. 273–278, 2018.
- NORONHA, B. G.; MEDEIROS, A. D.; PEREIRA, M. D. Incremento de área em sementes

- de moringa durante a embebição por meio da análise de imagens. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 1, p. 221–232, 1 jan. 2019.
- ORRÛ, M. et al. Morphological characterisation of *Vitis vinifera* L. seeds by image analysis and comparison with archaeological remains. **Vegetation History and Archaeobotany**, v. 22, n. 3, p. 231–242, 5 maio 2013.
- PEDROSO, D. C. et al. Qualidade fisiológica e sanitária de sementes de *Zinnia elegans* Jacq. colhidas em diferentes épocas. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 3, p. 164–171, 2008.
- PEREIRA, F. E. C. B. et al. Saline stress and temperatures on germination and vigor of *piptadenia moniliformis* benth. Seeds. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 20, n. 7, p. 649–653, 1 jul. 2016.
- PEREIRA, M. D. et al. Digital processing of plant images in evaluating the vigor of moringa oleifera lam. Seeds. **Ciencia Florestal**, v. 30, n. 2, p. 291–306, 2020.
- PINTO, M. S. et al. Diversity between *jatropha curcas* L. Accessions based on oil traits and X-ray digital images analysis from it seeds. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 292–300, 2018.
- PUPIN, S. et al. Variação genética para compostos bioquímicos em sementes de aroeira procedente de uma população antropizada. **Nativa**, v. 5, n. 5, p. 349–354, 2017.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V. DE. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.
- RESENDE, M. D. V. DE. **Genética Quantitativa e de Populações**. 1. ed. Viçosa: Suprema, 2015.
- RESENDE, M. D. . **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. Software SENElegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330–339, 2016.
- RIBASKI, J. et al. **Sabiá (*Mimosa caesalpiniiifolia*) árvore de múltiplo uso no Brasil**. Colombo: Embrapa Florestas (Circular Técnica, 104), 2003.
- RIX, K. D. et al. Genetic control of *Eucalyptus globulus* seed germination. **Annals of Forest**

- Science**, v. 72, n. 4, p. 457–467, 1 jun. 2015.
- ROCHA, M. C. et al. Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cerêja. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 664–670, 2009.
- RODRIGUES, B. U. **Reconhecimento do tipo de cachaça utilizando visão computacional e reconhecimento de padrões**. [s.l.] Universidade Federal de Goiás, 2015.
- ROELIS, B. V. et al. Divergência genética de Castanheira-do-Brasil por meio de caracteres biométricos de frutos e sementes. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 9, n. 8, p. 249–259, 2019.
- ROSCHER, R. et al. Automated image analysis framework for high-throughput determination of grapevine berry sizes using conditional random fields. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 100, p. 148–158, 2014.
- ROTILI, E. A. et al. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 3, p. 516–521, 2012.
- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de *Ceiba speciosa* St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017a.
- ROVERI NETO, A.; PAULA, R. C. Variabilidade entre árvores matrizes de *Ceiba speciosa* St. Hil para características de frutos e sementes. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 48, n. 2, p. 318–327, 2017b.
- RUEDEN, C. T. et al. ImageJ2: ImageJ for the next generation of scientific image data. **BMC Bioinformatics**, v. 18, n. 1, p. 529, 29 nov. 2017.
- SALISBURY, F. B.; ROSS, C. . **Plant physiology**. 4. ed. Wadsworth: Belmont, 1991.
- SANTOS, C. A. DOS et al. Germinação de duas espécies da caatinga sob déficit hídrico e salinidade. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 36, n. 87, p. 219, 30 set. 2016.
- SANTOS, E. R. et al. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileirade Ciencias Agrarias**, v. 7, n. 2, p. 247–254, 2012.
- SAU, S. et al. Potential use of seed morpho-colourimetric analysis for Sardinian apple cultivar characterisation. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 162, n. April, p. 373–379, 2019.
- SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, n. 3, p. 507–512, 1974.
- SEMAGN, K.; BJØRNSTAD, A.; NDJIONDJOP, M. N. Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. **African Journal of Biotechnology**, v. 5, n. 25, p.

2569–2587, 2006.

SILVA, D. C. et al. Estresse salino e diferentes temperaturas alteram a fisiologia em sementes de *Clitoria fairchildiana* Howard Saline. **Ciencia Florestal**, v. 29, n. 3, p. 1129–1141, 2019.

SILVA, L. G. C. DA et al. Evaluation of carnauba progenies and estimates of genetic parameters in the juvenile phase. **Revista Caatinga**, v. 31, n. 4, p. 917–925, 18 out. 2018a.

SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. ex Tul. provenientes do semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 1 set. 2017.

SILVA, R. M. DA et al. Aspectos biométricos de frutos e sementes de *Caesalpinia ferrea* Mart. Ex Tul. provenientes do Semiárido baiano. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 3, p. 85–91, 2018b.

SILVA, K. D. S. et al. Influência do tamanho da semente na germinação e vigor de mudas de jaqueira (*Artocarpus heterophyllus* Lam.). **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 4, p. 217–221, 2 set. 2010.

SILVA, R. L. DE O. **Avaliação de genótipos diplóides AA de Musa spp. submetidos a estresse salino**. [s.l.] Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2008.

SILVA, R. T. et al. Physiological quality of sesame seeds produced from plants subjected to water stress. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 47, n. 4, p. 643–648, 2016.

SILVA, V. N. et al. Avaliação da morfologia interna de sementes de *Acca sellowiana* O. Berg por meio de análise de imagens. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 4, p. 1158–1169, 2013.

SILVEIRA, L. C. I. DA et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, v. 42, n. 4, p. 2012, 2012.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, v. 41, p. 237–245, 1981.

SINGH, S. et al. Assessment of Multiple Tolerance Indices for Salinity Stress in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Agricultural Science**, v. 7, n. 3, p. 49–57, 2015.

SOUSA, E. C. et al. Physiological changes in *Mimosa caesalpiniiifolia* Benth. seeds from different sources and submitted to abiotic stresses. **Revista Brasileira de Engenharia Agricola e Ambiental**, v. 22, n. 6, p. 383–389, 2018.

SOUZA NETA, M. L. et al. Efeito residual do tratamento de sementes de maxixe com bioestimulante sob estresse salino. **Journal of Seed Science**, v. 38, n. 3, p. 219–226, 1 jul. 2016.

- SREENIVASULU, N.; SOPORY, S. K.; KAVI KISHOR, P. B. **Deciphering the regulatory mechanisms of abiotic stress tolerance in plants by genomic approaches** *Gene*, 15 fev. 2007. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17134853/>>. Acesso em: 4 fev. 2021.
- SYVERTSEN, J. P.; GARCIA-SANCHEZ, F. Multiple abiotic stresses occurring with salinity stress in citrus. **Environmental and Experimental Botany**, v. 103, p. 128–137, 1 jul. 2014.
- TAIZ, L. et al. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. [s.l.] Ed. Artmed, 2017.
- TANABATA, T. et al. SmartGrain: High-throughput phenotyping software for measuring seed shape through image analysis. **Plant Physiology**, v. 160, n. 4, p. 1871–1880, 2012.
- TEAM, R. C. **R: A language and environment for statistical computing** Vienna R Foundation for Statistical Computing, , 2020. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>.
- TELLO, J. et al. A new image-based tool for the high throughput phenotyping of pollen viability: Evaluation of inter- and intra-cultivar diversity in grapevine. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 3, 9 jan. 2018.
- TESTER, M.; DAVENPORT, R. Na<sup>+</sup> Tolerance and Na<sup>+</sup> Transport in Higher Plants. **Annals of Botany**, v. 91, n. 5, p. 503–527, 2003.
- TORRES, M. F. O. et al. Seed Longevity of *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong. **Journal of Seed Science**, v. 42, p. 2020, 2020.
- TUTEJA, N. Mechanisms of High Salinity Tolerance in Plants. In: **Methods in Enzymology**. [s.l.] Academic Press Inc., 2007. v. 428p. 419–438.
- UCCHESU, M. et al. Predictive method for correct identification of archaeological charred grape seeds: Support for advances in knowledge of grape domestication process. **Plos One**, v. 11, n. 2, 1 fev. 2016.
- VALCACEL, R. et al. Avaliação da biomassa de raízes finas em área de empréstimo submetida a diferentes composições de espécies. **Revista Arvore**, v. 31, n. 5, p. 923–930, 2007.
- VASCONCELOS, R. R. A. DE et al. Características físicas de solos salino-sódicos do semiárido pernambucano em função de diferentes níveis de gesso. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, n. 12, p. 1318–1325, dez. 2013.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992.
- VICENTE, M. J. et al. Effect of light, temperature, and salinity and drought stresses on seed

germination of *Hypericum ericoides*, a wild plant with ornamental potential. **Scientia Horticulturae**, v. 270, p. 109433, 25 ago. 2020.

VIEIRA, F. DE A.; CARVALHO, D. Maturação e morfometria dos frutos de *Miconia albicans* (Swartz) Triana (Melastomataceae) em um remanescente de floresta estacional semidecídua montana em Lavras, MG. **Revista Arvore**, v. 33, n. 6, p. 1015–1023, 2009.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix**, 2017. Disponível em: <<https://github.com/taiyun/corrplot>>.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** New York Springer-Verlag, , 2016.

WIWART, M. et al. Variation in the morphometric parameters of seeds of spring and winter genotypes of *Camelina sativa* (L.) Crantz. **Industrial Crops and Products**, v. 139, p. 1–7, 1 nov. 2019.

WRIGHT, S. **Evolution and Genetics of Populations**. Chicago: University of Chicago, 1978.

YAMAGUCHI, T.; BLUMWALD, E. Developing salt-tolerant crop plants: challenges and opportunities. **Trends in Plant Science**, v. 10, n. 12, p. 615–620, 2005.

ZARUMA, D. U. G. et al. Variabilidade genética em procedências e progênies de *Dipteryx alata* vogel para fins de conservação genética e produção de sementes. **Scientia Forestalis**, v. 43, n. 107, p. 609–615, 2015.



## CONCLUSÕES GERAIS

Com base nos resultados obtidos com os experimentos realizados foi possível verificar que existe divergência genética entre progênes de *Mimosa caesalpinifolia* avaliados a partir dos caracteres morfométricos e na germinação de sementes, havendo possibilidade de ganhos genotípicos com a seleção e que as progênes não respondem similarmente quando expostas aos níveis e fontes de salinidade.

As variáveis morfométrica quantificadas por meio de imagens digitais são eficazes na distinção das progênes estudadas e, portanto, são importantes marcadores morfológicos que podem auxiliar na diferenciação de genótipos de *M. caesalpinifolia* e contribuem para estudos de divergência genética. Essa metodologia também possibilita a análise de sementes em larga escala com rapidez e precisão, além da avaliação de características de difícil obtenção por meio das técnicas tradicionais que se mostra de grande valia para estudos de diversidade genética.

Houve variação entre as progênes quanto a germinação e o desenvolvimento inicial a tolerância aos níveis e fontes de salinidade avaliados, onde constatou-se interação genótipos x ambiente para as variáveis de %G, IVG, CPA, CR e ANOR, indicando a existência de diferenças genéticas entre os genótipos quanto à resposta às variações aos ambientes salinos.

O método MHPRVG\*MG proporciona seleção otimizada das progênes quanto à produção, à estabilidade e à adaptabilidade e, portanto, deve fazer parte dos critérios seletivos para a avaliação e recomendação das progênes de *M. caesalpinifolia* quanto a tolerância a fontes salinas em estudos quando há efeitos da interação genótipos x ambiente.

A utilização do índice de rank médio possibilitou a seleção das melhores progênes com base nas variáveis de germinação e desenvolvimento inicial para os quatro ambientes estudados, simultaneamente. Assim, é possível realizar a seleção com base nessas características, levando em consideração a acurácia seletiva para avaliação com base em um único caractere ou aplicado índice rank médio para avaliação com base em vários caracteres.

Os programas de melhoramento florestal futuros poderão direcionar genótipos com ampla variabilidade com relação aos caracteres morfométricos de sementes, como também selecionar progênes tolerantes a diferentes níveis e fontes de salinidade simultaneamente visando o desenvolvimento principalmente em regiões áridas e semiáridas, onde essa condição é constantemente encontrada.