

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS

LIGORIO DE JESUS XIMENES

Fingerprint molecular para a identificação de cultivares de teca
para proteção legal

CÁCERES
MATO GROSSO - BRASIL
OUTUBRO-2025

LIGORIO DE JESUS XIMENES

***Fingerprint* molecular para a identificação de cultivares de teca
para proteção legal**

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Prof^a Dr^a Leonarda Grillo Neves

Coorientadores:

Prof^a Dr^a Maria do Socorro Bezerra de Araújo

Prof. Dr. Antonio Marcos Chimello

Prof. Dr. Antonio André da Silva Alencar

CÁCERES

MATO GROSSO - BRASIL

OUTUBRO-2025

Ficha catalográfica elaborada pela Supervisão de Bibliotecas da UNEMATCatalogação de Publicação na Fonte.
UNEMAT - Unidade padrão

X6f Ximenes, Ligório de Jesus.

Fingerprint molecular para a identificação de cultivares de teca para proteção legal / Ligório de Jesus Ximenes. - Cáceres, 2025.

70f.: il.

Universidade do Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes Maldonado", Genética e Melhoramento de Plantas/CAC-PGMP - Alta Floresta - Mestrado Academico, Campus Universitário De Cáceres "Jane Vanini".

Orientador: Leonarda Grillo Neves.

Coorientador: Maria do Socorro Bezerra de Araújo.

Coorientador: Antonio Marcos Chimello.

Coorientador: Antonio André da Silva Alencar.

1. Tectona grandis. 2. marcadores microssatélites. 3. diversidade genética. 4. discriminação de cultivares. 5. comercialização legal. I. Neves, Leonarda Grillo. II. Araújo, Maria do Socorro Bezerra de. III. Chimello, Antonio Marcos. IV. Alencar, Antonio André da Silva. V. Título.

UNEMAT / MTSCB

CDU 630*64

***Fingerprint* molecular para a identificação de cultivares de teca para proteção legal**

LIGORIO DE JESUS XIMENES

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO como parte das exigências do Programa de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Melhoramento Vegetal, para a obtenção do título de “Mestre”.

Aprovada em 31 de outubro de 2025.

Comissão examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **LEONARDA GRILLO NEVES**
Data: 01/12/2025 15:55:25-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profª Drª Leonarda Grillo Neves

Orientadora - UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente
 **MARIA DO SOCORRO BEZERRA DE ARAUJO**
Data: 01/12/2025 12:14:14-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profª Drª Maria do Socorro Bezerra de Araújo

UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente
 **ANTONIO MARCOS CHIMELLO**
Data: 01/12/2025 16:04:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Antonio Marcos Chimello

UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente
 **ANTONIO ANDRE DA SILVA ALENCAR**
Data: 01/12/2025 15:58:13-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Antonio André da Silva Alencar

UNEMAT – Universidade do Estado de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente
 **CLAUDIA POMBO SUDRE**
Data: 03/12/2025 16:36:08-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profª Drª Cláudia Pombo Sudré

UENF - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

AGRADECIMENTOS

A jornada acadêmica que culminou nesta dissertação só foi possível graças ao apoio, incentivo e dedicação de muitas instituições e pessoas, às quais expresso minha mais profunda e sincera gratidão.

Quero agradecer, primeiramente, a Deus, pelo dom da vida.

À minha família, que, mesmo distante, sempre me apoiou em especial à minha esposa, Francisca do Rosário, e às minhas filhas: Alicia Terezinha Lou de Jesus Ximenes, Novita Ximenes, Deonizia Terezinha Ximenes e Epifania Imaculada do Rosário Ximenes. Ao meu pai, Geraldo Ximenes, e à minha mãe, Terezinha Sequeira (falecida), e a todos os irmãos e irmãs que têm me apoiado e a toda a minha família em Timor-Leste.

Ao Governo da República Democrática de Timor-Leste, pelo seu compromisso com a valorização da educação e da formação dos cidadãos timorenses, e ao Fundo de Desenvolvimento do Capital Humano (FDCH), pelo essencial apoio financeiro que me proporcionou as condições para a continuação dos meus estudos de pós-graduação no Brasil.

Ao Instituto do Café de Timor-Leste (ICT), minha instituição de origem, expresso meu profundo apreço e gratidão pelo incentivo institucional, pela confiança depositada em minha capacidade e por seu contínuo comprometimento com o desenvolvimento técnico e científico de seus colaboradores.

À Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), minha instituição anfitriã no Brasil, agradeço pela excelente formação acadêmica, pelo ambiente de aprendizagem motivador e pelo corpo docente qualificado, que muito contribuiu para minha preparação profissional e científica.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP) da unemat e ao Laboratório de Melhoramento de Genética Vegetal (LMGV), agradeço pela oportunidade de aprofundar meus conhecimentos científicos e práticos, tão importantes para o desenvolvimento da agricultura sustentável em Timor-Leste.

Ao TRC – *Teak Resource Company*, expresso meu comprometimento com o apoio institucional e o acompanhamento, que foram importantes durante o processo de treinamento.

Agradecimentos especiais à minha orientadora, Professora Dr^a Leonarda Grillo Neves; à coorientadora, Professora Dr^a Maria do Socorro Bezerra de Araújo; ao Professor Dr. Antonio Marcos Chimello e ao Professor Dr. Antonio André da Silva Alencar. Reconheço a orientação, a paciência e a dedicação à minha pesquisa. Sua orientação é uma luz em um caminho difícil.

A todos os professores, como a Professora Sabrina Cassaro, Gilcianny Pignata Cavalcante e Kaliane Zaira Camacho Maximiano Cruz, que muito têm me ajudado no laboratório.

A todos os colegas do LMGV: Carla Cristina Padilha Cassanica Cordeiro, Yasmin Fernanda Nunes Viana, Millaany Felisberta de Souza, Jacqueline da Silva Soares, Cristine da Costa Diniz, Brenda Paesano Grellmann, Wallace Felipe Clemente de Jesus e Myllena Ramos Baca.

Aos meus colegas e amigos de Timor-Leste e do Brasil, que compartilharam comigo experiências, me apoiaram em momentos importantes e me motivaram a continuar, expresso minha profunda gratidão pela amizade e colaboração.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para esta etapa da minha vida, deixo aqui o meu muito obrigado.

BIOGRAFIA

Ligorio de Jesus Ximenes nasceu em Manusae, na Aldeia de Manusae, Posto Administrativo de Hatolia, Município de Ermera, Timor-Leste, em 04 de junho de 1987. É o filho mais velho de Geraldo Ximenes e Terezinha Siqueira (falecida), sendo o primogênito em uma família de oito irmãos. Em 2012, casou-se com Francisca do Rosário, com quem tem quatro filhas: Alicia Terezinha Lou de Jesus Ximenes, Novita Ximenes, Deonizia Terezinha Ximenes e Epifania Imaculada do Rosário Ximenes.

A carreira educacional teve início em 1994, na Escola Beaçu, na Vila de Hatolia, onde foi concluído o ensino fundamental em 2001. Posteriormente, cursou a educação pré-secundária na Escola 20 de Setembro, em Hatolia, de 2001 a 2004, e concluiu o ensino médio na Escola Nino Conis Santana Gleno-Ermera, entre 2004 e 2007.

Em 2007, ingressou no ensino superior, obtendo o Diploma III em Agronomia em 2012. No ano seguinte, iniciou o curso de Graduação (Licenciatura) em Agronomia, concluído em 2017. Em 2024, iniciou o Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), no Brasil, com defesa realizada no dia 31 de outubro de 2025.

A experiência profissional iniciou-se em 2010, como Secretário de Estado da Formação Profissional e Emprego (SEFPOFE), como coordenador de atividades no Posto Administrativo de Hatolia, cargo assumido novamente em 2012. Posteriormente, atuou como instrutor de educação eleitoral no Secretariado Técnico de Administração Eleitoral (STAE) do Município de Ermera, durante um semestre. Entre 2013 e 2014, atuou como bibliotecário no Instituto do Café de Timor-Leste (ICTL), sendo promovido em 2014 ao cargo de Chefe da Biblioteca, posição exercida até 2015. De 2016 a 4 de agosto de 2018, integrou a equipe de Administração Acadêmica e Estudantil (AAE) do Instituto de Café de Timor-Leste. Posteriormente, foi Diretor da AAE e também professor no Departamento de Agronomia, no período de 5 de agosto de 2018 a 31 de dezembro de 2021, tendo sido reconduzido para um segundo mandato de 1º de janeiro de 2022 a dezembro de 2023. Em maio de 2023, foi nomeado para o cargo de Vice-Reitor de Assuntos Acadêmicos (Pró-Reitor I), posição exercida até dezembro de 2023, quando ocorreu a licença para dar continuidade aos estudos de mestrado no Brasil.

Ao longo da trajetória, houve demonstração constante de compromisso com a melhoria acadêmica e o desenvolvimento do setor educacional em Timor-Leste. A dedicação à educação e à formação de recursos humanos qualificados refletem a convicção de que o conhecimento científico e tecnológico constitui elemento central para o progresso social e econômico. Esses valores e motivações estão presentes em suas atividades acadêmicas e profissionais, destacando-o como agente ativo na promoção do desenvolvimento local e nacional.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	ix
LISTAS DE QUADROS	xi
RESUMO.....	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	3
2.1. Objetivo geral	3
2.2. Objetivos específicos	3
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
3.1. Cultura da teca.....	4
3.1.1. Origem e diversidade.....	4
3.1.2. Descrição botânica e morfológica da teca	5
3.1.3. Cultivo comercial da teca (<i>Tectona grandis</i>) no mundo.....	6
3.1.4. Importância da cultura da teca no Brasil.....	7
3.2. Melhoramento genético da teca	7
3.2.1. Cultivares comerciais de teca no Brasil	9
3.3. Legislação brasileira para registro e proteção de cultivares.....	10
3.3.1. Registro Nacional de Cultivares (RNC)	10
3.3.2. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC)	11
3.3.3. Descritores morfológicos e moleculares para proteção de teca	13
3.4. <i>Fingerprint</i> molecular.....	14
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1. Material vegetal	16
4.2. Fenotipagem	16
4.2.1. Delineamento experimental	17
4.2.2. Características avaliadas.....	21
4.3. Genotipagem.....	21
4.3.1. Primeira etapa: experimento em viveiro	21

4.3.2. Segunda etapa: ensaios moleculares.....	22
4.4. Análises Genético-Estatísticas.....	25
4.4.1. Dados fenotípicos.....	25
4.4.2. Dados genotípicos.....	27
5. RESULTADOS	28
5.1. Fenotipagem do primeiro ensaio.....	28
5.2. Fenotipagem do segundo ensaio.....	31
5.3. Diversidade genética baseada em descritores dendrométricos	35
5.4. Diversidade genética baseada em marcadores microssatélites.....	42
6. DISCUSSÃO.....	45
7. CONCLUSÕES.....	49
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	50

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Descrição das adubações realizadas no experimento de condução das cultivares para ensaios de genotipagem	22
Tabela 2. Parâmetros genéticos e estatísticos estimados por meio do modelo REML/BLUP para as características diâmetro na altura do peito (DAP), altura média (ALT) e volume de madeira por hectare (VOL) 13 avaliados em 13 genótipos de teca experimento 1.....	28
Tabela 3. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para diâmetro à altura do peito (DAP) no experimento 1	29
Tabela 4. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para altura total (ALT) no experimento 1	30
Tabela 5. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para volume de madeira por hectare (VOL) no experimento 1	30
Tabela 6. Parâmetros genéticos e estatísticos estimados por meio do modelo REML/BLUP para as características diâmetro na altura do peito (DAP), altura média (ALT) e volume de madeira por hectare (VOL) em nove genótipos de teca no experimento 2.....	32
Tabela 7. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para diâmetro à altura do peito (DAP) no experimento 2	34
Tabela 8. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para altura total (ALT) no experimento 2	34
Tabela 9. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para volume de madeira por hectare (VOL) no experimento 2	34
Tabela 10. Matriz de Distâncias Genéticas de Mahalanobis entre os 13 clones de <i>Tectona grandis</i> L.f. avaliados no experimento 1, considerando os valores genéticos preditos (BLUPs) obtidos para diâmetro à altura do peito, altura de árvores e volume de madeira	38
Tabela 11. Matriz de Distâncias Genéticas de Mahalanobis entre os nove clones de <i>Tectona grandis</i> L.f. avaliados no experimento 2, considerando os valores genéticos preditos (BLUPs) para diâmetro à altura do peito (DAP), altura média e volume ($m^3 \cdot ha^{-1}$)	41

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Infográfico ilustrando todas as etapas de pesquisa.....16

Figura 2. Agrupamento via UPGMA, mostrando a relação entre 26 clones de 23 cultivares de teca (*Tectona grandis*), com base nas distâncias genéticas obtidas por análise de dissimilaridade com complemento do índice $(1 - c)$ e índice ponderado para dados categorizados de 14 marcadores. 43

LISTAS DE QUADROS

Quadro 1. Dados de pasaporte de cultivares de teca (<i>Tectona grandis</i> L.f.) avaliadas no Experimento 1, conduzido em Pau D'Arco, Pará, Brasil	19
Quadro 2. Dados de pasaporte de cultivares de teca (<i>Tectona grandis</i> L.f.) avaliadas no Experimento 2, conduzido em Pau D'Arco, Pará, Brasil	20
Quadro 3. Descrição dos 15 marcadores microssatélites recomendados como descritores moleculares para a determinação de perfis genéticos de <i>Tectona grandis</i> L.f. com as respectivas faixas de tamanho de alelos em pares de bases, sequências de iniciadores e autor de cada marcadores SSR	24
Quadro 4. Estimadores dos parâmetros genéticos e estatísticos aplicados nos Experimentos 1 e 2	26
Quadro 5. Agrupamento pelo método de Tocher para as cultivares avaliadas no experimento 1.....	39
Quadro 6. Agrupamento pelo método de Tocher para as cultivares avaliadas no experimento 2.....	42

RESUMO

XIMENES, Ligorio de Jesus; M. Sc.; UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO; outubro, 2025. ***Fingerprint molecular para a identificação de cultivares de teca para proteção legal***; Orientadora: Prof^a Dr^a Leonarda Grillo Neves; Coorientadores: Prof^a Dr^a Maria do Socorro Bezerra de Araújo, Prof. Dr. Antonio Marcos Chimello e Prof. Dr. Antonio André da Silva Alencar.

A teca (*Tectona grandis* L.f.) é uma espécie florestal altamente valorizada, com introdução e expansão comercial efetiva no Brasil datada de 1971, pela empresa Cáceres Florestal S.A., na região de Cáceres, no estado de Mato Grosso. Apesar do crescimento do setor, em 2024 apenas três cultivares estavam registradas pelo Ministério da Agricultura e Pecuária (Mapa). A caracterização genética vegetal pode garantir a autenticidade, a rastreabilidade e a proteção legal das cultivares. O *fingerprint* molecular por microssatélites tem se mostrado eficaz na discriminação de genótipos e na avaliação da diversidade genética, aumentando a segurança e a inovação no setor agroflorestal. Este estudo teve como objetivo aplicar a metodologia de DNA *fingerprint* utilizando microssatélites, com vistas à identificação e à caracterização genética de cultivares de teca, visando fortalecer a proteção de materiais já registrados. A pesquisa foi dividida em duas etapas: fenotipagem de campo e genotipagem laboratorial. Nas Fazendas *Teak Resources Company - TRC* em Pau D'Arco (PA), foram avaliadas 19 cultivares obtidas pela Universidade do Estado de Mato Grosso e pela TRC (Unemat-TRC) e clones testemunhas, em dois experimentos com delineamentos em blocos ao acaso. No Experimento 1, adotou-se DBC, com 10 repetições, 12 cultivares e uma testemunha, em parcelas de uma árvore e espaçamento de 5 × 5 m. No Experimento 2, em DBC, foram avaliadas sete cultivares e duas testemunhas, com três repetições, parcelas com cinco árvores e espaçamento de 4 × 3 m. Em ambos os experimentos foram mensurados diâmetro à altura do peito, altura total e volume de madeira. Os dados foram analisados pelo SELEGEN-REML/BLUP, utilizando os modelos 96 e 94 para estimativa dos componentes de variância, valores genéticos e modelo 104 para agrupamentos por Mahalanobis e Tocher. Para a genotipagem, plantas de dezenove cultivares Unemat-TRC e três cultivares comerciais (TG1, TG3 e BR2), cultivadas em viveiro, tiveram o DNA extraído pelo método de brometo de cetiltrimetilamônio (CTAB) e amplificado por reações em cadeia da polimerase (PCR), com quinze marcadores microssatélites recomendados para descritores moleculares de teca pelo Mapa. Os produtos das PCR foram separados em gel de agarose a 2% e analisados no *GelAnalyzer*. Os dados foram codificados para multicategóricos (marcas multialélicas) e com transformação do índice Complemento (1-c) e índice ponderado gerou-se a matriz de dissimilaridade, seguida por agrupamento pelo método UPGMA no GENES. A análise fenotípica dos genótipos de teca revelou variabilidade genética entre as cultivares avaliadas. No Experimento 1, a análise via REML/BLUP indicou variabilidade genética para DAP, ALT e VOL, com médias de 19,08 cm, 11,02 m e 58,65 m³ ha⁻¹, herdabilidades médias elevadas ($h^2_{mc} \geq 0,77$) e acurácia seletiva superior a 0,87. As cultivares UNMTRC4, UNMTRC2 e UNMTRC6 apresentaram os maiores ganhos genéticos simultâneos em DAP, ALT e VOL. No Experimento 2, observou-se incremento médio em altura e volume (15,81 m e 163,80 m³ ha⁻¹), com herdabilidades na média de clones acima de 0,69 e razão CVg/CVe superior a 2,5 para volume, destacando UNMTRC14 e UNMTRC16 como cultivares de maior

desempenho. As distâncias de Mahalanobis e o agrupamento de Tocher evidenciaram divergência consistente entre grupos, com UNEMAT0191, e UNMTRC19 e UNMTRC14 figurando como materiais altamente promissores e geneticamente contrastantes. Na etapa molecular, 19 cultivares Unemat-TRC e três cultivares comerciais (TG1, TG3 e BR2) foram genotipadas com microssatélites recomendados pelo Mapa. Na análise molecular, o UPGMA formou cinco grupos distintos, revelando ampla diversidade entre as cultivares. O clone TG1TRC agrupou-se isoladamente, demonstrando divergência substancial da cultivar comercial TG1, e evidenciando identidade genética própria com implicações diretas para registro e proteção. A metodologia de *fingerprint* genético demonstrou alta eficiência na discriminação precisa entre cultivares de teca, permitindo identificação inequívoca, caracterização genética robusta e suporte técnico-científico ao processo de proteção de cultivares. Os microssatélites empregados atenderam plenamente aos objetivos propostos, evidenciando sua aplicabilidade na certificação e comercialização legal de materiais clonais.

Palavras-chave: *Tectona grandis*, marcadores microssatélites, diversidade genética, discriminação de cultivares, comercialização legal.

ABSTRACT

XIMENES, Ligorio de Jesus; M.Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; October 2025. **Molecular fingerprinting for the identification of teak cultivars for legal protection**; Advisor: Prof. Dr. Leonarda Grillo Neves; Co-advisors: Prof. Dr. Maria do Socorro Bezerra de Araújo, Prof. Dr. Antonio Marcos Chimello, and Prof. Dr. Antonio André da Silva Alencar.

Teak (*Tectona grandis* L.f.) is a highly valued forest species whose commercial introduction and expansion in Brazil began in 1971 by Cáceres Florestal S.A. in the municipality of Cáceres, Mato Grosso. Despite sector growth, by 2024 only three cultivars were officially registered with the Brazilian Ministry of Agriculture and Livestock (MAPA). Accurate genetic characterization is essential to ensure cultivar authenticity, traceability, and legal protection. Simple Sequence Repeat (SSR)-based molecular fingerprinting has proven effective for genotype discrimination and genetic diversity assessment, enhancing reliability and innovation in the agroforestry sector. This study aimed to apply an SSR-based DNA fingerprinting methodology to identify and genetically characterize teak cultivars, strengthening the legal protection of registered materials. The research comprised two stages: field phenotyping and laboratory genotyping. Nineteen Unemat-TRC cultivars and check clones were evaluated in two randomized block experiments at the Teak Resources Company (TRC) in Pau D'Arco (PA). Experiment 1 included 12 cultivars and one check in single-tree plots (5 × 5 m) with 10 replicates. Experiment 2 evaluated seven cultivars and two checks in plots of five trees (4 × 3 m) with three replicates. Diameter at breast height (DBH), total height, and wood volume were measured. Data were analyzed using SELEGEM-REML/BLUP, employing models 96 and 94 for variance components and genetic values, and model 104 for clustering based on Mahalanobis distance and Tocher optimization. For genotyping, leaf samples from 19 Unemat-TRC cultivars and three commercial cultivars (TG1, TG3, and BR2) were extracted using the CTAB method and amplified by PCR with 15 microsatellite markers recommended by MAPA as official molecular descriptors for teak. PCR products were separated on 2% agarose gels and analyzed using GelAnalyzer. Multiallelic bands were coded as multicategorical variables and converted using Complement (1–c) and weighted indices to generate a dissimilarity matrix, followed by UPGMA clustering in GENES. Phenotypic analyses revealed substantial genetic variability among cultivars. In Experiment 1, REML/BLUP analysis indicated variability for DBH, height, and volume, with mean values of 19.08 cm, 11.02 m, and 58.65 m³ ha⁻¹, respectively, along with high mean heritabilities ($h^2_{mc} \geq 0.77$) and selective accuracy above 0.87. Cultivars UNMTRC4, UNMTRC2, and UNMTRC6 exhibited the greatest simultaneous genetic gains. In Experiment 2, increases in height and volume (15.81 m and 163.80 m³ ha⁻¹) were observed, with heritabilities above 0.69 and CVg/CVe ratios > 2.5 for volume, highlighting UNMTRC14 and UNMTRC16 as superior cultivars. Mahalanobis distances and Tocher clustering confirmed strong genetic divergence, with UNEMAT0191, UNMTRC19, and UNMTRC14 standing out as highly contrasting and promising genotypes. Molecular analysis via UPGMA revealed five distinct genetic groups, confirming broad diversity among cultivars. The clone TG1TRC formed an isolated group, showing marked divergence from the commercial cultivar TG1 and demonstrating a unique genetic identity with direct implications for cultivar registration and legal protection. The DNA fingerprinting methodology proved

highly effective for precise discrimination among teak cultivars, enabling unambiguous identification, robust genetic characterization, and strong technical–scientific support for cultivar protection. The SSR markers successfully met the study’s objectives, demonstrating their applicability in the certification and legal commercialization of clonal materials.

Keywords: *Tectona grandis*; SSR markers; genetic diversity; cultivar discrimination; legal protection.

1. INTRODUÇÃO

A teca (*Tectona grandis* L.f.) é uma espécie florestal de origem asiática, valorizada mundialmente pela qualidade excepcional de sua madeira, que apresenta elevada durabilidade natural, resistência a pragas e beleza estética singular (Pandey *et al.*, 2000). Desde a sua introdução no Brasil, no início do século XX, a teca tem sido objeto de crescente interesse por parte de produtores florestais e pesquisadores, consolidando-se como uma alternativa promissora para a produção de madeira nobre em regiões tropicais (Larson; Hobley, 2022). Esse contexto favorável impulsiona a expansão de plantios comerciais e o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, buscando clones com desempenho superior em produtividade, adaptação ambiental e qualidade da madeira.

Os programas de melhoramento genético da teca têm avançado significativamente nas últimas décadas, resultando na seleção de clones superiores para plantios comerciais. No entanto, a crescente adoção de materiais clonais e a demanda por certificação de origem e qualidade exigem ferramentas confiáveis para a identificação inequívoca dos genótipos utilizados. A identificação correta de clones não apenas assegura a rastreabilidade e a autenticidade dos materiais, mas também é fundamental para atender às exigências legais e para a proteção de cultivares, conforme estabelecido pela Lei de Proteção de Cultivares (Lei nº 9.456/1997; Ruella, 2015).

As técnicas tradicionais de caracterização, com base em descritores morfológicos e agronômicos, apresentam limitações significativas, especialmente em espécies florestais como a teca, cujas características podem ser influenciadas por fatores ambientais e pela idade das árvores (Giustina *et al.*, 2017). Nesse sentido, os marcadores moleculares têm se destacado como ferramentas poderosas para a identificação de genótipos, independentemente de condições ambientais e do estágio de desenvolvimento das plantas. A técnica de *fingerprint* molecular, que utiliza marcadores polimórficos para gerar perfis genéticos específicos, tem sido amplamente empregada em diversas espécies vegetais, incluindo a teca, para distinguir clones e populações com alta precisão (Chaudhari *et al.*, 2018).

Dentre os marcadores moleculares disponíveis, os microssatélites ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) têm sido amplamente utilizados devido à sua alta reprodutibilidade, co-dominância e elevado poder de discriminação (Thwe-Thwe-

Win, 2015). Além disso, marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) também têm mostrado resultados promissores na caracterização de genótipos de teca, sendo aplicados em estudos de diversidade genética e na identificação de clones (Bahadur *et al.*, 2023). Esses marcadores permitem a obtenção de perfis moleculares únicos para cada clone, viabilizando a certificação de identidade e a proteção legal dos materiais genéticos.

A caracterização molecular dos clones de teca por meio de *fingerprinting* contribui diretamente para o fortalecimento dos programas de melhoramento e para a consolidação de sistemas de produção florestal mais eficientes e sustentáveis. Além disso, os dados obtidos podem ser utilizados como evidências técnicas nos processos de proteção de cultivares, conferindo segurança jurídica e fomentando a inovação tecnológica no setor florestal (Jördens *et al.*, 2005). (Oda *et al.*, 2007), a utilização de marcadores moleculares na teca tem potencial para otimizar a seleção de materiais superiores e reduzir o risco de erros de identificação, aspectos essenciais em um mercado cada vez mais exigente quanto à rastreabilidade e à qualidade dos produtos florestais.

Dessa forma, considerando a importância estratégica da teca para o setor florestal e as exigências legais e mercadológicas para a certificação e proteção de cultivares, o presente trabalho tem como objetivo aplicar a metodologia de DNA *fingerprint* para identificar e caracterizar clones elite de teca (*Tectona grandis*), visando a proteção de cultivares já registradas. Isso inclui a criação de um banco de dados genéticos que assegure a originalidade e a distinção das cultivares, promovendo a certificação e proteção legal das cultivares desenvolvidas.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Aplicar a metodologia de DNA *fingerprint* para identificar e caracterizar cultivares de teca (*Tectona grandis* L.f.), visando a proteção de cultivares já registradas. Isso inclui a criação de um banco de dados genéticos que assegure a originalidade e a distinção das cultivares, promovendo a certificação e proteção legal das cultivares desenvolvidas.

2.2. Objetivos específicos

- Estimar os parâmetros genéticos das cultivares de teca quanto às características fenotípicas de produção;
- Fornecer dados moleculares complementares aos descritores morfológicos para discriminar as cultivares;
- Estabelecer um banco de dados que armazene informações genéticas e fenotípicas das cultivares de teca, acessível para fins de proteção no Mapa;
- Analisar a diversidade genética entre as cultivares de teca, identificando marcadores microssatélites para a diferenciação de cada clone;
- Promover a sustentabilidade e a competitividade da produção de teca, assegurando a qualidade e a originalidade das cultivares desenvolvidas.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Cultura da teca

3.1.1. Origem e diversidade

A teca (*T. grandis*) é uma árvore nativa do sul e sudeste da Ásia, especialmente de países como Índia, Mianmar (antiga Birmânia), Tailândia e Laos (Kaosa-Ard., 1977). Esses países abrigam as populações naturais da espécie e são considerados as áreas de maior variabilidade genética da teca (Fofana *et al.*, 2009; Mohammad *et al.*, 2022). O centro de origem da cultura não é totalmente conhecido, porém, existem quatro centros de diversidade genética: dois na Índia, um na Tailândia e Laos, e um no Laos Central, sendo os clusters indianos considerados os principais centros de diversidade genética da teca (Fofana *et al.*, 2009).

A madeira de teca é valorizada há séculos devido à sua durabilidade e à resistência a pragas e à água, sendo tradicionalmente usada na construção naval, fabricação de móveis e construção civil (Pandy *et al.*, 2000). Na Índia e em Mianmar, o uso da teca data de milênios. Registros históricos indicam que, desde o século VII, a madeira era utilizada na construção de estruturas religiosas e palácios. Sua reputação como madeira resistente à água fez com que fosse amplamente empregada na construção de embarcações. Durante o período colonial, no século XIX, os britânicos iniciaram, em larga escala, o plantio da teca em suas colônias asiáticas, visando garantir o fornecimento dessa madeira para seus navios e obras de infraestrutura. Esse processo de cultivo se expandiu para outras regiões tropicais, como a África e a América Central, onde a teca é plantada comercialmente (Kwashirai, 2007).

A análise da estrutura populacional de uma coleção de germoplasma de teca no Brasil, que inclui clones introduzidos de Honduras, Malásia, Tailândia, Indonésia, Índia e Mianmar e de origem desconhecida e genótipos de origem seminal, obtidos no Brasil, a partir dos clones introduzidos, apresentou quatro clusters principais (subpopulações), com um forte sinal de diversidade genética entre e dentro das subpopulações. Os genótipos brasileiros se distribuíram entre todos os clusters, indicando uma origem variável e uma significativa introgressão genética (Anjos *et al.*, 2023). O germoplasma brasileiro estudado representa a maioria das regiões naturais

da teca (Kaosa-Ard, 1977; Verhaegen *et al.*, 2010), com quatro subpopulações correspondendo aos principais centros de variabilidade genética. A maior parte da variação genética da teca ocorre dentro da população (Hansen *et al.*, 2017; Queiroz *et al.*, 2021; Wanders *et al.*, 2021). Os genótipos do Brasil estão em todos os grupos propostos, indicando alta variabilidade em suas origens e relações genéticas fortes com materiais da Tailândia e Indonésia (Anjos *et al.*, 2023).

3.1.2. Descrição botânica e morfológica da teca

A teca pertence à família *Lamiaceae* (antigamente verificada como *Verbenaceae*), gênero *Tectona* e possui nome específico *Tectona grandis* Linn. f. (Kaosa-Ard, 1977). Possui um conjunto de número de cromossomos de $2n = 2x = 36$ (Yasodha *et al.*, 2018).

A teca é uma planta alógama que pode ser propagada de forma sexuada (sementes) e assexuada (propagação vegetativa). No Brasil, os plantios comerciais são estabelecidos majoritariamente por clones. A clonagem por estaquia garante a uniformidade genética e mantém as características desejáveis da planta mãe (De Andrade *et al.*, 2024). A propagação sexuada da teca envolve a coleta e o plantio de sementes provenientes de árvores matrizes selecionadas, que possuem características desejáveis, como boa produtividade e resistência a pragas. Dessa forma, ocorre maior variabilidade genética, o que resulta em grandes variações nas características das plantas (Ashton *et al.*, 2014), sendo este método vantajoso para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, mas desvantajoso para cultivos comerciais.

Esta espécie é uma árvore perene, de grande porte, que pode atingir de 20 a 30 metros de altura, com algumas variedades chegando até 40 metros. O diâmetro do tronco pode variar de 60 a 100 cm, podendo ser maior em árvores muito maduras. As folhas são grandes, opostas e de formato ovado a elíptico e podem medir de 20 a 40 cm de comprimento e 10 a 25 cm de largura e suas margens podem apresentar bordas inteiras ou ligeiramente onduladas, com a textura da superfície superior rugosa e áspera, enquanto a inferior é coberta por uma fina pilosidade.

As flores da teca são agrupadas em inflorescências terminais, do tipo panícula. As flores são pequenas, em forma de tubo, e apresentam cor que varia do

branco ao lilás, com tamanhos com cerca de 1 a 1,5 cm de comprimento. Os frutos são do tipo cápsula lenhosa, que se divide em quatro partes. Têm formas subcircular a elipsoidal, com tamanho, geralmente, de 2 a 3 cm de comprimento. As sementes são pequenas e aladas, o que facilita a dispersão pelo vento. O caule possui casca externa que, geralmente, varia de cinza-esverdeada a marrom-claro, com textura rugosa e fibrosa, que pode se desprender em placas. A cor da madeira é inicialmente clara, com tons que variam do dourado ao marrom escuro com o tempo. O grão é geralmente reto, mas pode ser ligeiramente ondulado. O sistema radicular da teca é profundo e bem desenvolvido, o que ajuda a estabilizar a árvore e a acessar água em profundidades maiores (Reategui-Betancourt *et al.*, 2021).

3.1.3. Cultivo comercial da teca (*Tectona grandis*) no mundo

A teca é uma das madeiras mais valiosas e amplamente cultivada em plantações em países como Indonésia, Mianmar e até mesmo no Brasil. A demanda por essa madeira continua elevada devido às suas qualidades únicas, especialmente para a fabricação de móveis de exterior e design de luxo. Plantações modernas utilizam técnicas sustentáveis, assegurando um equilíbrio entre a produção comercial e a preservação ambiental (Hansen *et al.*, 2017).

A teca cresce melhor em climas tropicais e subtropicais. É sensível a geadas e necessita de uma estação seca bem definida para um bom desenvolvimento. Esta espécie é adaptável a diferentes regimes de precipitação, mas um fornecimento constante de água promove um crescimento superior. O solo deve ser profundo para acomodar o seu sistema radicular. Necessita de luz solar plena para um desenvolvimento ótimo. A sombra excessiva pode inibir o crescimento e a qualidade da madeira.

Países produtores como Índia, Myanmar (Birmânia), Tailândia, Indonésia e Malásia exportam grandes quantidades de madeira de teca para mercados em todo o mundo, incluindo Estados Unidos, Europa e Japão (Kenzo *et al.*, 2020).

A teca é frequentemente utilizada em projetos de reflorestamento e recuperação de áreas degradadas, pois cresce bem em uma variedade de condições e ajuda a restaurar a cobertura florestal. Muitos países e empresas estão adotando práticas de cultivo sustentável para garantir que as plantações de teca

sejam geridas de maneira ambientalmente responsável, promovendo a conservação dos recursos naturais e o manejo florestal sustentável (Huy *et al.*, 2022).

Além do uso comercial, a teca tem importância cultural e histórica em várias regiões, sendo tradicionalmente utilizada em construções e artefatos locais. A teca continua a ser uma das madeiras mais procuradas e valiosas no mercado global, com um papel significativo na economia florestal e no desenvolvimento sustentável em países produtores (Prasetyo *et al.*, 2020).

3.1.4. Importância da cultura da teca no Brasil

No Brasil, a teca é cultivada principalmente nas regiões Centro-Oeste e Norte. A madeira é amplamente utilizada na fabricação de móveis, pisos, revestimentos e em projetos de construção civil, sendo valorizada por sua aparência estética, durabilidade e resistência às intempéries e a insetos. O país destaca-se entre os principais exportadores mundiais de teca, ao lado de Mianmar, Equador, Gana e Panamá. Aproveitando o aumento da demanda internacional por madeira de alta qualidade, o Brasil apresenta potencial significativo para ampliar sua participação no mercado global. A teca brasileira tem conquistado gradualmente espaço no exterior, impulsionada pela produção sustentável e crescente reconhecimento de sua qualidade (Teaknet, 2025).

A indústria de cultivo e processamento de teca cria empregos em áreas rurais, promovendo o desenvolvimento econômico local e oferecendo oportunidades de trabalho na silvicultura e no processamento de madeira. A teca também tem valor cultural em algumas regiões, sendo utilizada em construções tradicionais e artesanato. A teca representa uma importante oportunidade para o setor florestal no Brasil, com potencial para crescimento econômico e ambiental, desde que cultivada e manejada de forma sustentável (Prasetyo *et al.*, 2020).

3.2. Melhoramento genético da teca

O melhoramento genético da teca é um campo importante, devido ao seu valor econômico e ambiental. Desafios relevantes para a cultura da teca incluem pesquisas que visem a seleção de genótipos com crescimento rápido, madeira de

alta qualidade, com resistência a pragas e doenças e adaptação a diferentes condições climáticas e tipos de solo (Venkatesh *et al.*, 2023).

Vários países têm programas robustos de conservação da diversidade genética da teca, especialmente aqueles que são centro de diversidade, como a Índia (Fofana *et al.*, 2009; Mohammad *et al.*, 2022). Programas de melhoramento genético da teca, focados na seleção e desenvolvimento de cultivares superiores são realizados pelas instituições *Institute of Wood Science and Technology – IWST* (<https://iwst.icfre.gov.in/agroforestry.html>) e *Kerala Forest Research Institute – KFRI* (<https://www.kfri.res.in/teaknet.asp>) (Índia), *Teak Improvement Centre* na Tailândia (Wellendorf; Kaosa-Ard, 1988), *Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza - CATIE* na Costa Rica (Dávila *et al.*, 2008), *Forest Tree Seed Technology Research and Development Center - FTSTRDC* na Indonésia (Desmiwati *et al.*, 2021), *Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias - INIFAP* no México (Salcedo-Pérez *et al.*, 2019).

No Brasil, há algumas instituições de pesquisa envolvidas no melhoramento genético da teca, sendo as principais: a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais – IPEF, localizado em Piracicaba – SP (IPEF, 2006), a Universidade Federal do Paraná – UFPR e a Universidade do Estado de Mato Grosso – Unemat.

A teca está incluída nos programas de melhoramento genético conduzidos pela Embrapa Florestas e instituições parceiras. Esses programas envolvem tanto espécies nativas quanto exóticas, como a teca (Embrapa Florestas, 2003). A UFPR tem se destacado em programas de melhoramento genético da teca e outras variedades florestais. A universidade tem trabalhado no desenvolvimento de variedades de teca que apresentam características superiores, como maior taxa de crescimento, melhor qualidade da madeira e maior resistência a pragas e doenças (Pinto Júnior *et al.*, 2013).

No Brasil, o melhoramento genético da teca tem se destacado devido à crescente demanda por madeira de alta qualidade e ao seu potencial econômico. As principais estratégias incluem a identificação e propagação de clones superiores que apresentam características desejáveis, como crescimento rápido e boa formação de tronco. Além disso, cruzamentos entre diferentes populações de teca são realizados para obter descendentes com características aprimoradas (Da Costa *et al.*, 2012).

Um estudo de diversidade genética da teca realizado na Unemat (Giustina, 2014) incluiu a análise molecular de 72 genótipos utilizando marcadores ISSR e SSR. Os resultados indicaram baixa diversidade genética, com uma estrutura fragmentada e variabilidade limitada entre os genótipos. As análises fenotípicas destacaram a formação de catana como a característica que mais contribuiu para a diversidade observada. A autora recomendou que produtores e pesquisadores ampliassem a variabilidade genética nos plantios, incorporando árvores de diferentes regiões, o que permitiria uma seleção mais eficaz de genótipos adequados para a produção de mudas e promoveria a sustentabilidade e qualidade das plantações de teca em Mato Grosso e outras regiões brasileiras. Além disso, enfatizou a importância de integrar análises moleculares e fenotípicas para aprimorar a seleção dos genótipos (Giustina, 2014).

O programa de melhoramento genético da UNEMAT, em parceria com a *Teak Resources Company* - TRC, tem focado na seleção de clones superiores de teca adaptados às condições do Mato Grosso. A UNEMAT se destaca na pesquisa e desenvolvimento no setor florestal, especialmente no melhoramento genético da teca para a resistência a doenças. Estudos iniciais identificaram genótipos promissores, com características como crescimento rápido, alta qualidade de madeira e resistência à murcha de *Ceratocystis* (*Ceratocystis fimbriata*), auxiliando na formação de um banco de germoplasma e promovendo o avanço no cultivo de teca no estado (Oliveira *et al.*, 2023).

3.2.1. Cultivares comerciais de teca no Brasil

Em consulta realizada no Sistema de Registro Nacional de Cultivares (RNC) do Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (Mapa) contam três cultivares de teca registradas, da empresa Flora Sinop Ltda, sendo as cultivares TG1, TG3 e BR2 e 19 cultivares resultante do programa de melhoramento genético da teca da TRC Agroflorestal Ltda e UNEMAT (BRASIL, 2024a). No sistema de Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) não há nenhuma cultivar de teca protegida (BRASIL, 2024b).

3.3. Legislação brasileira para registro e proteção de cultivares

3.3.1. Registro Nacional de Cultivares (RNC)

O MAPA estabeleceu diretrizes para a organização e supervisão da produção e comercialização de sementes e mudas no Brasil por meio da Portaria nº 527, de 30 de dezembro de 1997, que instituiu o Registro Nacional de Cultivares (RNC). O RNC é regulamentado pela Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003, que define as normas para o registro de cultivares, e pelo Decreto nº 10.586, de 18 de dezembro de 2020, que detalha os critérios para o registro e proteção dessas cultivares. Adicionalmente, a Portaria MAPA nº 502, de 19 de outubro de 2022, complementa as diretrizes e procedimentos relativos ao RNC, assegurando que o sistema de registro esteja sempre atualizado e funcione de maneira eficiente (BRASIL, 2024e). Essas normativas têm como objetivo garantir a qualidade e segurança das sementes e mudas disponíveis no mercado brasileiro, fomentando a inovação no setor agrícola e resguardando os direitos dos obtentores.

A Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003, estabelece diretrizes para os Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) no Brasil, especialmente relevantes para espécies florestais de importância econômica, como a teca. Os ensaios de VCU visam avaliar o desempenho agrônômico de novas cultivares, considerando aspectos como produtividade, resistência a pragas e adaptação ambiental. Esses testes são obrigatórios para o registro de cultivares no Registro Nacional de Cultivares (RNC), garantindo que apenas variedades comprovadamente adaptadas e de qualidade sejam comercializadas. A lei, portanto, promove a segurança genética e ambiental dos recursos florestais e apoia o desenvolvimento de cultivares superiores e sustentáveis no setor florestal brasileiro (BRASIL, 2024e).

Espécies florestais, como a teca, são fundamentais para garantir que novas cultivares ou clones florestais apresentem características desejáveis para o plantio comercial. Esses ensaios são conduzidos para avaliar o desempenho das plantas em condições ambientais específicas, focando em atributos de produtividade, resistência a pragas e doenças, adaptabilidade a diferentes solos e climas, e qualidade da madeira (Sales *et al.*, 2018).

Para inscrição de cultivares no RNC são exigidas informações detalhadas sobre diversos aspectos da cultivar, começando pela sua identificação, incluindo o

nome científico, o nome comum e a denominação específica da cultivar, que deve ser única e em conformidade com as normas do registro. A origem da cultivar deve ser descrita, incluindo entre outras informações, a genealogia, cruzamentos realizados e local de obtenção, além de dados técnicos que comprovem sua adaptação e desempenho, como locais de avaliação, produtividade, resistência a pragas e doenças e condições ambientais específicas. Outras informações adicionais incluem características morfológicas e fisiológicas que a tornam identificável, bem como dados que justifiquem sua relevância para o mercado nacional ou internacional, acompanhados de relatórios técnicos e documentações complementares (BRASIL, 2024e).

Os ensaios de VCU devem ser realizados sob um delineamento experimental adequado, garantindo rigor científico e confiabilidade nos resultados. Os delineamentos comuns incluem blocos ao acaso, parcelas subdivididas ou outros, dependendo dos objetivos e das condições locais (Grisi Macedo *et al.*, 2005). Porém para a teca e outras espécies, cujo ciclo de cultivo é longo, não há pré-requisitos ou obrigatoriedade de ensaios de VCU para solicitações de registro de cultivares.

3.3.2. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC)

A legislação brasileira referente à proteção de cultivares foi estabelecida pela Lei nº 9.456, sancionada em 25 de abril de 1997, e regulamentada pelo Decreto nº 2.366, de 5 de novembro do mesmo ano. Essa normativa fortalece e padroniza os direitos de propriedade intelectual no Brasil, reconhecendo as cultivares como bens móveis para todos os efeitos legais (BRASIL, 2024d).

A proteção dos direitos de propriedade intelectual no contexto das cultivares é efetivada por meio da concessão do Certificado de Proteção de Cultivar. Este certificado é a única forma de assegurar a proteção das cultivares e estabelece restrições à utilização indiscriminada de plantas, bem como de suas partes de reprodução ou multiplicação vegetativa no país (BRASIL, 2024d).

Essa legislação estabelece direitos de propriedade intelectual para os obtentores de novas variedades de plantas, garantindo-lhes exclusividade na utilização e comercialização dessas variedades. Esta legislação visa promover a inovação e o desenvolvimento no setor agrícola e florestal, assegurando que as

cultivares protegidas sejam distintas, homogêneas e estáveis. O obtentor, seja uma pessoa física ou jurídica, possui direitos exclusivos sobre a produção, reprodução, comercialização, importação e exportação do material de propagação da cultivar protegida (BRASIL, 2024d).

Essa legislação é fundamental para incentivar o registro de cultivares com valor estratégico e econômico, como a teca, que é altamente valorizada pela produção de madeira de alta qualidade. Assim, protege-se os direitos dos melhoristas, promovendo a expansão do cultivo de espécies de grande relevância econômica para o país (Nunes; Abud, 2022).

Uma cultivar é uma variedade de qualquer gênero ou espécie vegetal que se possa identificar claramente como distinta de outras cultivares conhecidas, com base em um conjunto mínimo de descritores. Essa variedade deve ter uma denominação específica e apresentar características homogêneas e estáveis ao longo de gerações sucessivas. Além de ser nova, deve ser de uma espécie que pode ser utilizada dentro do complexo agroflorestral e estar documentada em publicações especializadas, incluindo sua linhagem como parte de híbridos (BRASIL, 2024d).

Uma nova cultivar refere-se a uma cultivar que não tenha sido disponibilizada para venda no Brasil nos 12 meses anteriores à data do pedido de proteção. Além disso, levando em conta o prazo de comercialização no Brasil, essa cultivar não deve ter sido oferecida à venda em outros países com o consentimento do obtentor por um período superior a seis anos para espécies de árvores e videiras, e mais de quatro anos para as demais espécies (BRASIL, 2024d).

De acordo com a Lei de Proteção de Cultivares, *i*) os direitos de propriedade intelectual dos obtentores de cultivares, incluindo as "cultivares essencialmente derivadas", estarão protegidos, desde que sejam novas e cumpram os critérios de distinção, homogeneidade e estabilidade, além de atender à exigência de novidade; *ii*) a proteção será restrita ao material utilizado para reprodução ou multiplicação vegetativa da planta como um todo; e *iii*) o período de proteção é de 15 anos a partir da concessão do direito, exceto para espécies perenes (como ornamentais e florestais, além dos respectivos porta-enxertos), que têm um prazo de proteção de 18 anos. Logo, para árvores como a teca, a proteção é concedida por um período de 18 anos a partir da data de emissão do certificado (BRASIL, 2024d).

O teste de Distinguíbilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DHE) é um procedimento técnico que visa comprovar que uma nova cultivar ou uma cultivar essencialmente derivada é distinta de outras cujas características são conhecidas. Esse teste avalia três aspectos principais: *i*) distinguibilidade, *ii*) homogeneidade e *iii*) estabilidade. No primeiro, a cultivar deve ser facilmente identificável e diferenciável de outras já existentes. No segundo, as características da cultivar devem ser consistentes em cada ciclo reprodutivo, apresentando uniformidade entre os indivíduos. E no terceiro, as mesmas características devem ser mantidas de forma consistente ao longo de gerações sucessivas. Esse conjunto de critérios é essencial para garantir a proteção adequada das cultivares no âmbito da propriedade intelectual (BRASIL, 2024d).

3.3.3. Descritores morfológicos e moleculares para proteção de teca

A proteção das cultivares de teca pode ser significativamente reforçada por meio da utilização de descritores morfológicos e moleculares nos testes de DHE (BRASIL, 2024c). Esses descritores são características específicas empregadas na identificação e diferenciação de variedades ou clones, sendo fundamentais para o registro e a proteção legal de novas cultivares, garantindo que as variedades cultivares melhoradas recebam o reconhecimento e a proteção necessários.

Os descritores morfológicos para a proteção de cultivares de teca em mudas (Reategui-Betancourt *et al.*, 2021) e em árvores (Reategui-Betancourt *et al.*, 2020) disponíveis no MAPA são baseados nas características físicas observáveis das plantas, o que inclui a mensuração de características vegetativas e reprodutivas para distinção precisa entre genótipos, essencial no registro e proteção de novas cultivares, como:

- Folhas: parâmetros como venação, brilho, intensidade de cor, formato e dimensões são avaliados em estágios específicos da planta (mudas e árvores adultas);
- Tronco: textura da casca, coloração, pubescência, diâmetro, forma e ângulo de inserção dos ramos;
- Planta: Densidade da copa, altura, e padrão de ramificação.

Os descritores moleculares são fundamentados em análises de DNA, oferecendo uma identificação mais precisa das variações genéticas entre as

cultivares. Para as avaliações de DHE a caracterização genética da espécie é opcional. Contudo, para teca há descritores complementares baseados em marcadores moleculares sugeridos pelo MAPA (BRASIL, 2024c). A descrição molecular inclui o perfil genético por análise de 15 locos microssatélites, identificados a partir de estudos prévios na literatura científica, permitindo discriminar clones e variedades (Mahesh *et al.*, 2016; Verhaegen *et al.*, 2005; Yasodha *et al.*, 2018). Os marcadores são avaliados por PCR, utilizando *primers* fluorescentes para detecção em sequenciadores automáticos, garantindo precisão na identificação de alelos e genótipos. Além disso, a extração e quantificação do DNA com protocolos padronizados é recomendável para garantir a reprodutibilidade entre laboratórios. Esses descritores podem ser utilizados como critérios adicionais na análise de proteção de cultivares, permitindo comparações estatísticas baseadas em princípios de genética de populações. A padronização visa aumentar a confiabilidade e a uniformidade na identificação genética de cultivares de teca no Brasil. Esses descritores, tanto morfológicos quanto moleculares, são essenciais para garantir a eficácia na proteção das cultivares de teca, contribuindo para a melhoria contínua e a sustentabilidade no setor agrícola.

3.4. *Fingerprint* molecular

O *fingerprint* genético é uma ferramenta essencial na genética molecular, utilizada para criar padrões específicos e únicos de identificação genética, permitindo diferenciar indivíduos, espécies ou variedades com alta precisão. Esses padrões são gerados por marcadores moleculares, como os microssatélites, que possuem alta variabilidade e são amplamente utilizados devido à sua confiabilidade e reprodutibilidade (Gupta e Varshney, 2000). *Fingerprint* genético utiliza marcadores moleculares como ferramentas para gerar padrões únicos, semelhantes a "impressões digitais", para indivíduos, espécies ou variedades. Esses marcadores podem incluir técnicas baseadas em DNA, como microssatélites (*Simple Sequence Repeats* - SSR), Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso (*Random Amplified Polymorphic DNA* - RAPD), Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos Amplificados (*Amplified Fragment Length Polymorphism* - AFLP), Polimorfismos de Nucleotídeo Único (*Single Nucleotide Polymorphisms* - SNPs) e Repetições Simples

Intercaladas Amplificadas (*Inter Simple Sequence Repeats - ISSR*) (Mondini *et al.*, 2009).

A caracterização molecular por meio de impressão digital genética (*fingerprint* genético) é uma ferramenta estratégica para assegurar a identidade, a rastreabilidade e a proteção legal de cultivares. A aplicação de marcadores moleculares possibilita a distinção precisa entre cultivares, viabilizando o registro e a proteção de cultivares conforme a Lei de Proteção de Cultivares no Brasil (Lei nº 9.456/1997).

Essa abordagem fortalece os direitos de propriedade intelectual dos obtentores, prevenindo a utilização não autorizada por terceiros e promovendo segurança jurídica no setor florestal. Além disso, o *fingerprint* genético garante autenticidade na multiplicação de materiais vegetais, minimizando erros em processos de propagação, comercialização e condução de programas de melhoramento genético.

A identificação de perfis genéticos distintos também favorece a rastreabilidade e o controle de qualidade, assegurando que o material plantado seja genuíno e oriundo de fontes certificadas. O conhecimento da composição genética das pré-cultivares contribuem significativamente para o avanço dos programas de melhoramento, ao permitir a seleção de genótipos superiores e o delineamento de cruzamentos estratégicos com vistas ao desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas e resistentes a estresses bióticos e abióticos.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material vegetal

Nesta pesquisa, foram realizados dois experimentos para a fenotipagem de características produtivas no campo e um ensaio para a caracterização molecular de 19 cultivares de teca, obtidas pelo programa de melhoramento de teca da Universidade do Estado de Mato Grosso – Unemat e *Teak Resource Company* – TRC.

4.2. Fenotipagem

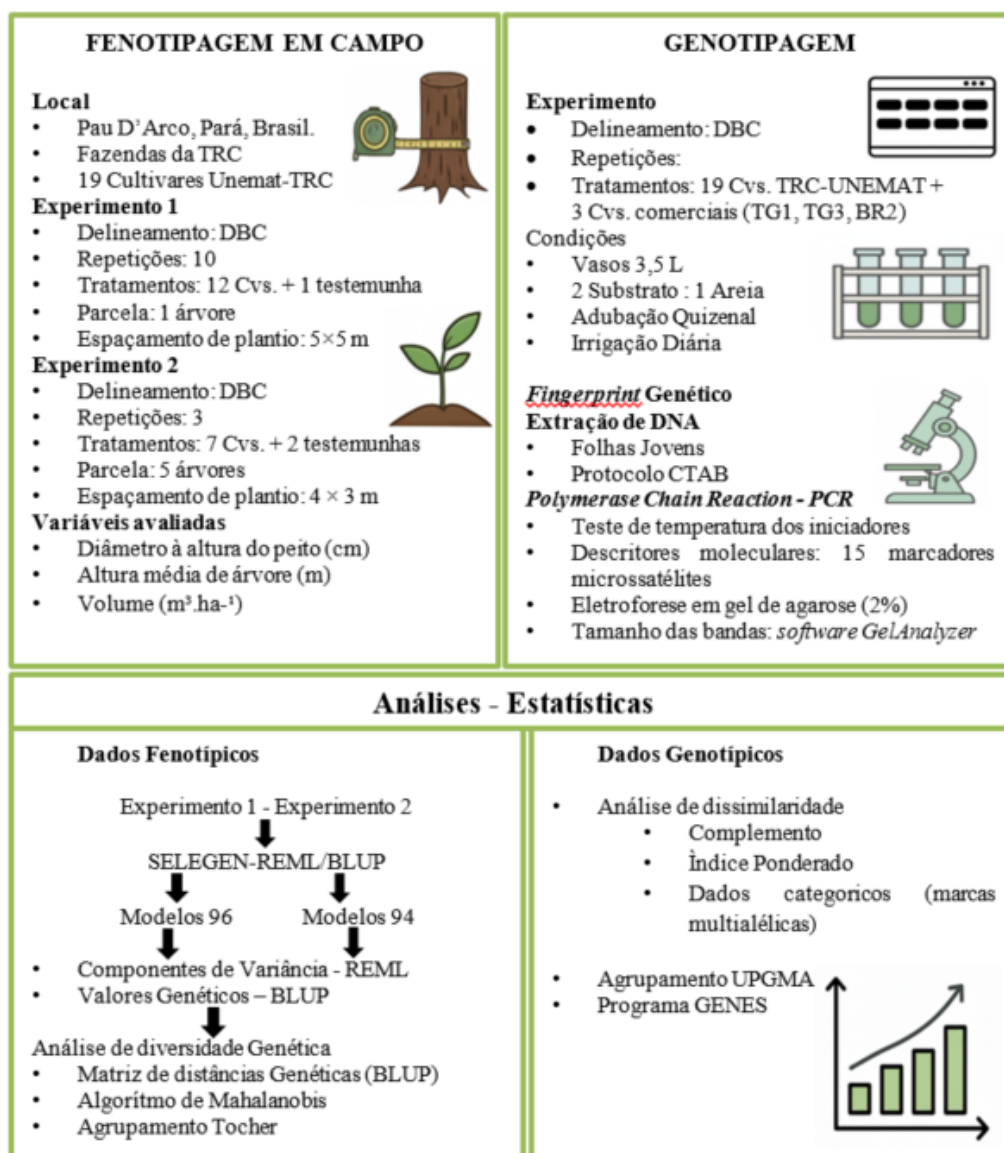


Figura 1. Infográfico ilustrando todas as etapas de pesquisa.

4.2.1. Delineamento experimental

Dois experimentos foram instalados em janeiro de 2019, em fazendas da TRC na cidade de Pau D'Arco, Pará, Brasil. O primeiro experimento foi implantado sob o espaçamento de 5 x 5 m, resultando em uma área de 25 m² por árvore. Para este experimento utilizou-se o DBC, com 13 tratamentos (Quadro 1) e 10 repetições, sendo cada repetição composta por uma árvore. Para compor a bordadura do experimento foram utilizadas 296 árvores de diferentes genótipos. No segundo experimento utilizou-se o espaçamento de plantio de 4 x 3 m, resultando em uma área de 12 m² por árvore. Para este experimento utilizou-se o delineamento em blocos acaso - DBC, com três repetições e nove tratamentos (Quadro 2), sendo cada repetição composta por cinco árvores. Para evitar efeitos de bordadura, foram utilizadas 192 árvores de outros materiais genéticos.

Quadro 1. Dados de pasaporte de cultivares de teca (*Tectona grandis* L.f.) avaliadas no Experimento 1, conduzido em Pau D'Arco, Pará, Brasil

Cultivar	Origem	Método de obtenção	Histórico de obtenção	Informações complementares
UNMTRC1	Brasil	Resgate vegetativo de árvore <i>Plus</i>	2010 – Rosário Oeste-MT	Árvore plus em povoamento comercial
UNMTRC2	Brasil	Resgate vegetativo de árvore <i>Plus</i>	2009 – Aracruz-ES	Seleção em teste de procedências
UNMTRC3	Brasil	Resgate vegetativo de árvore <i>Plus</i>	2009 – Aracruz-ES	Seleção em teste de procedências
UNMTRC4	Malásia	Introdução de germoplasma	2004 – Plant Biotechnology Laboratory (Innoprise Corp.)	Banco clonal introduzido
UNMTRC5	Brasil	Mutação espontânea em material clonal	2017 – Identificação em banco clonal nacional	Triploide derivado de material comercial
UNMTRC6	Brasil	Resgate vegetativo de árvore <i>Plus</i>	2010 – Rosário Oeste-MT	Árvore plus em povoamento comercial
UNMTRC7	Brasil	Resgate vegetativo de árvore <i>Plus</i>	2005 – Rosário Oeste-MT	Árvore plus em povoamento comercial
UNMTRC8	Malásia	Introdução de germoplasma	2004 – Plant Biotechnology Laboratory (Innoprise Corp.)	Banco clonal introduzido
UNMTRC9	Índia	Introdução de germoplasma	2007 – Gandra Nursery	Banco clonal introduzido
UNMTRC10	Malásia	Introdução de germoplasma	2004 – Plant Biotechnology Laboratory (Innoprise Corp.)	Banco clonal introduzido
UNMTRC11	Desconhecido	Introdução de germoplasma	2006 – Origem não registrada	Sem informações adicionais
UNMTRC12	Desconhecido	Introdução de germoplasma	2006 – Origem não registrada	Sem informações adicionais
UNEMAT0191 (Testemunha)				Acesso do Banco ativo de germoplasma teca mantido <i>in vivo on farm</i> pela TRC

Quadro 2. Dados de pasaporte de cultivares de teca (*Tectona grandis* L.f.) avaliadas no Experimento 2, conduzido em Pau D'Arco, Pará, Brasil

Cultivar	Origem parental	Método de obtenção	Histórico de obtenção	Informações complementares
UNMTRC13	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Costa do Marfim/Índia)
UNMTRC14	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Costa do Marfim – Masale Valley)
UNMTRC15	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Costa do Marfim – Purunakote)
UNMTRC16	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Ilhas Salomão)
UNMTRC17	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Índia – Sakrebail Karnataka)
UNMTRC18	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Costa do Marfim – Masale Valley)
UNMTRC19	Malásia	Introdução de germoplasma	2017 – YSG Biotech Sdn Bhd	Banco clonal introduzido (Tanzânia)
UNEMAT0227 (Testemunha)				Acesso do Banco ativo de germoplasma teca mantido <i>in vivo on farm</i> pela TRC
UNEMAT0191 (Testemunha)				Acesso do Banco ativo de germoplasma teca mantido <i>in vivo on farm</i> pela TRC

4.2.2. Características avaliadas

Em ambos os experimentos, foram avaliadas características quantitativas:

- a) Diâmetro na altura do peito (DAP): medido a uma altura padrão de 1,3 m acima do solo, expresso em centímetros (cm);
- b) Altura média da árvore (ALT): medida desde o nível do solo até o ponto mais alto da copa, utilizando um clinômetro, expressa em metros (m);
- c) Rendimento volumétrico de madeira (VOL): estimado com base nas medições de DAP e ALT. O resultado foi expresso em metros cúbicos por hectare ($m^3.ha^{-1}$), considerando a densidade de plantio utilizado em cada experimento, conforme equações:

$$VOL_{arv} (m^3) = 8,56 \times 10^{-5} \cdot DAP^{1,79} \cdot ALT^{0,88} \quad (1)$$

$$VOL (m^3.ha^{-1}) = N_{arv} \times VOL_{arv} \quad (2)$$

Onde:

VOL é o rendimento volumétrico de madeira por hectare;

N_{arv} é o número de árvores por hectare.

4.3. Genotipagem

4.3.1. Primeira etapa: experimento em viveiro

O experimento foi conduzido em DBC, com três repetições e 20 tratamentos, incluindo as 19 cultivares da TRC-Unemat e a testemunha UNEMAT0227. Cada unidade experimental consistiu em duas plantas, cultivadas individualmente em vasos.

Mudas clonais das cultivares UNMTRC1, UNMTRC2, UNMTRC3, UNMTRC4, UNMTRC5, UNMTRC6, UNMTRC7, UNMTRC8, UNMTRC9, UNMTRC10, UNMTRC11, UNMTRC12, UNMTRC13, UNMTRC14, UNMTRC15, UNMTRC16, UNMTRC17, UNMTRC18, UNMTRC19 e UNEMAT0227 foram fornecidas pela TRC. Paralelamente ao experimento, foram cultivadas mudas clonais das cultivares comerciais TG1, TG3 e BR2, obtidas da empresa Flora Sinop

Ltda. e mudas clonais TG1, TG3 e BR2 fornecidas pela TRC. As mudas foram produzidas em tubetes e recebidas com aproximadamente 10 centímetros de altura. Após a aclimação, as mudas foram transplantadas para vasos de 3,5 litros, preenchidos com uma mistura de substrato e areia na proporção 2:1, além de pedra brita para garantir o escoamento adequado da água.

As mudas foram irrigadas diariamente, pela manhã e ao final da tarde. As adubações granular e foliar foram realizadas quinzenalmente.

Tabela 1. Descrição das adubações realizadas no experimento de condução das cultivares para ensaios de genotipagem

Tipo de adubo	Pré-plantio	Pós-plantio
Superfosfato simples (g vaso ⁻¹)	1,25	1,25
Ureia (g vaso ⁻¹)	0,38	0,38
FTE (micronutrientes) (g vaso ⁻¹)	0,50	1,00
Cloreto de potássio (g vaso ⁻¹)	0,17	0,34
Sulfato de magnésio (g vaso ⁻¹)	1,40	—
Gesso agrícola (g vaso ⁻¹)	4,30	4,30

4.3.2. Segunda etapa: ensaios moleculares

4.3.2.1. Extração de DNA

Folhas jovens e completamente expandidas foram coletadas de plantas com 120 dias após o transplante, para as extrações de DNA dos 20 tratamentos conduzidos sob DBC. Também foram incluídas nos ensaios moleculares, as cultivares comerciais TG1, TG3 e BR2 fornecidas da Flora Sinop Ltda e mudas clonais TG1, TG3 e BR2 fornecidas pela TRC. Duas folhas jovens de cada tratamento foram coletadas, armazenadas em sacos plásticos e mantidas em caixas térmicas durante a coleta, para garantir a integridade do DNA. Foram seguidos procedimentos rigorosos de coleta asséptica e armazenamento em condições de baixa temperatura (-80°C) para preservar as amostras.

O procedimento de extração seguiu o protocolo com o uso do tampão *Cetyl trimethyl ammonium bromide* - CTAB. Cerca de 200-300 mg de amostras de folhas foram pesados em tubos de 2 mL, aos quais foram adicionados 800 µL de tampão

CTAB a 4% e 24 µL de PVP a 3%. As amostras foram então agitadas no vortex por aproximadamente 1 minuto e incubadas no banho-maria a 65°C por 40 minutos.

Após a incubação, foram adicionados 500 µL de uma mistura de clorofórmio/álcool isoamílico (24:1), seguidos de homogeneização no vortex. As amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 14.000 RPM, e o sobrenadante foi transferido para novos microtubos de 1,5 mL. Em seguida, foram adicionados 500 µL de CTAB a 4%, homogeneizando novamente no vortex. As amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 14.000 RPM, e a fase superior aquosa foi transferida para novos microtubos de 1,5 mL. Adicionaram-se então 500 µL de isopropanol gelado, e as amostras foram incubadas a -20 °C por 3 horas. Após esse período, as amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 14.000 RPM, o sobrenadante foi descartado, e o *pellet* foi lavado com 350 µL de etanol a 95% e duas vezes com etanol 70% gelado. Finalmente, o *pellet* foi seco à temperatura ambiente e reconstituído em 40 µL de TE e 3 µL de RNase. As amostras foram incubadas em banho-maria a 37°C por 40 minutos e, posteriormente, armazenadas a 4°C na geladeira por 12 horas. Após este período foram armazenadas em freezer a -20°C.

A qualidade do DNA foi realizada em gel de agarose 1 %, imerso em cuba horizontal com TBE1X e feita em eletroforese a 100 V por 110 minutos com o marcador molecular 1kb Ladder RTU (Kasvi), sendo 10 µL distribuído em 3 µL de DNA e 7 µL 6X *Loading buffer* (Gel Red + Blue Juice). O resultado da eletroforese foi revelado em luz UV no fotodocumentador em sistema digital *L-PIX Image* (Loccus Biotecnologia) e quantificado pelo aparelho Fluorímetro *Qubit 4.0* (Invitrogen).

4.3.2.2. Reação em cadeia de polimerase (PCR)

As reações de amplificação para os testes de temperatura dos iniciadores, foram realizadas no termociclador *GeneExplorer* (Bioer technology) para PCR convencional, com volume final de 20 µL, onde em cada amostra foi utilizada 4 µL de DNA (5 ng/ µL), 2 µL de tampão de PCR 10x, 1 µL de MgCl₂ a 50mM, 0,4 µL de dNTPs a 20 mM, 0,5 U de Taq polimerase, 1,25 µL F (*Foward*) e 1,25 µL R (*Reverse*) de cada iniciador (Quadro 3) e 9,6 µl H₂O ultrapura q.s.p. O programa de amplificação foi de um passo de desnaturação inicial a 94 °C por 2 minutos, seguido por 40 ciclos a 94 °C durante 45 segundos, 56 °C - 58 °C (dependendo do iniciador)

por 60 segundos, e 72 °C por 1 minuto, e um ciclo de extensão final por 72 °C durante 10 minutos.

O tamanho esperado do amplicon foi verificado através do produto de PCR (10 µL distribuído em 3 µL de reação e 7 µL 6X Loading buffer – (Gel Red + Blue Juice) em gel de agarose a 2 % imerso em cuba horizontal com TBE1X e feita eletroforese a 100 V por 115 minutos, comparando com marcador molecular de DNA de 100 pb (LGC Biotecnologia). O resultado da eletroforese foi revelado em luz UV no fotodocumentador em sistema digital *L-PIX Image* (Loccus Biotecnologia).

Os géis registrados por meio de fotodocumentador, foram analisados pelo *software GelAnalyzer 19. 1.*, medindo-se tamanho das bandas com base no marcador de DNA de 100 pb.

Quadro 3. Descrição dos 15 marcadores microsatélites recomendados como descritores moleculares para a determinação de perfis genéticos de *Tectona grandis* L.f. com as respectivas faixas de tamanho de alelos em pares de bases, sequências de iniciadores e autor de cada marcadores SSR

Loco	Faixa de tamanho de alelos (pares de bases)	Sequências 5´-3´ do iniciador direto	Sequências 5´-3´ do iniciador reverso	Autor
Tg-9	478-577	caactggaaatccacaattt	ggcctatatttcttcctcc	(Mahesh <i>et al.</i> , 2016)
Tg-12	687-760	gctatcaaatttgctgcttt	actgattgctataaaggcca	
Tg-11	797-849	tcatgcacacatgtaacaca	accgcaaataatcataatgg	
Tg-16	520-596	aaccatgacagaaacgaatc	gacattcagcctgctacttc	
CIRAD3TeakB02	216-252	atgaagacaagcctggtagcc	ggaagactggggaataaacacg	(Verhaegen <i>et al.</i> , 2005)
CIRAD1TeakH10	225-273	cgatacctgcatgcaagc	cgttgaataccgatggaga	
CIRAD3TeakF01	198-234	gctctccaccaacctaatacaa	aaaacgtctcaccttctact	
CIRAD1TeakA06	191-229	caaaacaaaaccaatagccagac	tttcatcatcatcatcaacatcc	
CIRAD2TeakB07	129-157	gggtgctgatgatttgagtt	ctaaggagtgaaggagtttt	
CIRAD1TeakB03	236-266	aacaaccctctctcttacta	cactaccactcatcatcaacaca	
CIRAD2TeakC03	269-313	aggtgggatgtggttagaagc	aatgggtcatcagtgtcagaa	
CIRAD4TeakDa12	129-171	cgacaccagtagcagtagcc	gccggaaaaagaaaaacaaa	
CIRAD3TeakA11	263-291	aaaccatgacagaaacgaatc	ttgggaatgggaggagaagt	
IFT14	265-278	tgtggtattggaccatctgaaa	ggtaaccaccaacaaatatgc	(Yasodha <i>et al.</i> , 2018)
IFT777	312-343	tactaaccggaagagggaacc	tgtcgctatggacagttcatct	

Fonte: BRASIL, 2024c.

4.4. Análises Genético-Estatísticas

4.4.1. Dados fenotípicos

Os dados das variáveis fenotípicas DAP, ALT e VOL foram analisados por modelos lineares mistos utilizando o programa SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007). Os dados do experimento 1 foram analisados pelo modelo 96 (equação 3), modelo indicado para experimentos com teste de clones não aparentados, várias plantas por parcela, em DBC. Os dados do experimento 2 foram analisados pelo modelo 94 (equação 4), modelo indicado para teste de clones não aparentados, com avaliações de uma planta por parcela, em DBC. Abaixo segue a equação de cada modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wp + e \quad (\text{equação 3})$$

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 parcela;

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas (X, Z e W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

$$y = Xr + Zg + Wp + e \quad (\text{equação 4})$$

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 parcela, e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para ambos os experimentos foram estimados os parâmetros genéticos via REML (Quadro 4), e a predição dos valores genéticos individuais (BLUP).

Quadro 4. Estimadores dos parâmetros genéticos e estatísticos aplicados nos Experimentos 1 e 2

Parâmetros	Experimento 1	Experimento 2
Variância genotípica (V_g)	$V_g = \sigma_g^2$	$V_g = \sigma_g^2$
Variância ambiental entre parcelas (V_{parc})	$V_{parc} = \sigma_{parc}^2$	$V_{parc} = \sigma_{parc}^2$
Variância residual (V_e)	$V_e = \sigma_e^2 = \frac{SQ_e}{GL_e}$	$V_e = \sigma_e^2 = \frac{SQ_e}{GL_e}$
Variância fenotípica individual (V_f)	$V_f = V_g + V_{parc} + V_e$	$V_f = V_g + V_{parc} + V_e$
Herdabilidade individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais ($h_g^2 = h^2$)	$h_g^2 = \frac{V_g}{V_g + V_{parc} + V_e}$	$h_g^2 = \frac{V_g}{V_g + V_{parc} + V_e}$
Herdabilidade individual no sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcela (h_{aj}^2)	$h_{aj}^2 = \frac{V_g}{V_g + V_e}$	$h_{aj}^2 = \frac{V_g}{V_g + V_e}$
Coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ($c_{parc}^2 = c^2$)	$C_{parc}^2 = \frac{V_{parc}}{V_f}$	$C_{parc}^2 = \frac{V_{parc}}{V_f}$
Herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas (h_{mc}^2)	$h_{mc}^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{parc}}{r} + \frac{V_e}{r}}$	$h_{mc}^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{V_{parc}}{r} + \frac{V_e}{r}}$
Acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas (Ac_{clon})	$Ac_{clon} = \sqrt{h_{mc}^2}$	$Ac_{clon} = \sqrt{h_{mc}^2}$
Coeficiente de variação genotípica ($cv_{gi}\%$)	$CV_{gi}(\%) = \left(\frac{\sqrt{V_g}}{X} \right) \times 100$	$CV_{gi}(\%) = \left(\frac{\sqrt{V_g}}{X} \right) \times 100$
Coeficiente de variação residual ($cv_e\%$)	$CV_e(\%) = \left(\frac{\sqrt{V_e}}{X} \right) \times 100$	$CV_e(\%) = \left(\frac{\sqrt{V_e}}{X} \right) \times 100$
Coeficiente de variação relativa (cv_r)	$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$	$CV_r = \frac{CV_g}{CV_e}$
Variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa (PEV)	$PEV = Var(g - \hat{g})$	NA
Desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa (SEP)	$SEP = \sqrt{V_g \cdot (1 - h_{mc}^2)}$	NA
Correlações genéticas entre blocos (r_{g-bloc})	NA	$(r_{g-bloc} = \frac{Cov(g_i, g_j)}{\sqrt{\sigma_{gi}^2 \cdot \sigma_{gj}^2}})$
Entre grupos de dados (r_{g-gd})	NA	$(r_{g-gd} = \frac{Cov(g_m, g_n)}{\sqrt{\sigma_{gm}^2 \cdot \sigma_{gn}^2}})$
Média fenotípica observada no experimento (Média geral = $\bar{Y}$)	$\bar{Y} = \frac{\sum_{i=1}^n Y_i}{n}$	$\bar{Y} = \frac{\sum_{i=1}^n Y_i}{n}$

Na sequência foi realizada análise multivariada de cada experimento, com base nos valores genéticos preditos (BLUP) utilizando o modelo 104 a análise multivariada foi conduzida individualmente para cada experimento, utilizando os valores genéticos preditos pelo método de Melhor Preditor Linear Não Viesado

(BLUP). A matriz de distâncias genéticas entre os genótipos foi estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), conforme o Modelo 104, considerando simultaneamente as variáveis avaliadas. Essa medida permite ponderar as diferenças entre genótipos em função da variabilidade conjunta dos caracteres, tornando-se adequada para estudos de diversidade genética.

Com base na matriz de distâncias, procedeu-se ao agrupamento pelo método de otimização de Tocher, que aloca os genótipos em grupos de similaridade genética de modo a maximizar a homogeneidade intragrupos e a heterogeneidade intergrupos. Essa técnica foi escolhida por sua eficiência em estudos de diversidade, não impondo número prévio de grupos e permitindo identificar padrões de relacionamento entre os genótipos avaliados.

4.4.2. Dados genotípicos

Os valores de pares de bases obtidas por mensuração dos amplicons/bandas através do *Gel analyzer* para 15 marcadores SSR foram convertidos em dados categóricos. A partir da matriz de dissimilaridade, foi construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), com o auxílio do software GENES (Cruz, 2013).

5. RESULTADOS

5.1. Fenotipagem do primeiro ensaio

A análise dos parâmetros genéticos obtidos via REML revelou variabilidade entre as cultivares para todas as características dendrométricas avaliadas (Tabela 2). A variância genotípica (V_g) foi mais elevada para o rendimento ($VOL = 169,76$), indicando contribuição genética significativa para essa variável.

Tabela 2. Parâmetros genéticos e estatísticos estimados por meio do modelo REML/BLUP para as características diâmetro na altura do peito (DAP), altura média (ALT) e volume de madeira por hectare (VOL) 13 avaliados em 13 genótipos de teca experimento 1

Parâmetros	DAP	ALT	VOL/ m ³ .ha ⁻¹
V_g	4,020	0,574	169,759
V_e	7,753	1,716	336,831
V_f	11,773	2,2892	506,590
h^2_g	0,342 ± 0,155	0,250 ± 0,133	0,335 ± 0,153
h^2_{mc}	0,838	0,769	0,834
Ac_{clon}	0,916	0,877	0,913
$CV_{gi\%}$	10,509	6,875	22,214
$CV_{e\%}$	14,595	11,891	31,290
CV_r	0,720	0,578	0,709
PEV	0,649	0,132	28,106
SEP	0,806	0,363	5,301
Média geral	19,078	11,016	58,653

¹ V_g : variância genotípica; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; h^2_g : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (efeitos genotípicos totais); h^2_{mc} : herdabilidade da média de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas; Ac_{clon} : acurácia da seleção clonal, assumindo ausência de perda de parcelas; $CV_{gi\%}$: coeficiente de variação genotípica; $CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e); PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas; Média geral: média fenotípica observada no experimento.

O diâmetro à altura do peito (DAP) apresentou maior equilíbrio entre os componentes genético ($V_g = 4,02$) e ambiental ($V_e = 7,75$), refletindo em herdabilidade individual moderada ($h^2_g = 0,34$) e herdabilidade da média clonal elevada ($h^2_{mc} = 0,83$). Essa última também foi alta para ALT (0,77) e VOL (0,83), reforçando a confiabilidade das médias genotípicas como critério de seleção.

A acurácia seletiva (Ac_{clon}) foi superior a 0,87 para todas as características, indicando alta precisão experimental. O coeficiente de variação genotípica ($CV_{gi\%}$) foi mais expressivo para VOL (22,21%), o que denota maior variabilidade genética relativa. O coeficiente de variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$) foi superior a 0,70 em todas as variáveis, sugerindo moderada capacidade de expressão da variabilidade genética, mesmo sob influência ambiental. Os valores da variância do erro de predição (PEV) e do erro padrão da predição (SEP) foram baixos para DAP e ALT, reforçando a robustez das estimativas.

Neste estudo, foram estimados os valores genéticos aditivos (g), as médias genotípicas ($u + g$), os ganhos genéticos esperados com a seleção e as novas médias populacionais para as características DAP (Tabela 3), ALT (Tabela 4) e VOL (Tabela 5).

Tabela 3. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas ($u + g$), ganho genético e nova média para diâmetro à altura do peito (DAP) no experimento 1

Ordem	Clones	g	$u + g$	Ganho	Nova Média
1	UNMTRC4	2,538	21,615	2,538	21,615
2	UNMTRC2	2,089	21,167	2,314	21,391
3	UNMTRC6	2,031	21,109	2,219	21,297
4	UNEMAT0191	1,142	20,219	1,950	21,028
5	UNMTRC3	0,868	19,945	1,734	20,811
6	UNMTRC5	0,728	19,806	1,566	20,644
7	UNMTRC8	0,231	19,308	1,375	20,453
8	UNMTRC10	0,228	19,306	1,232	20,309
9	UNMTRC12	-1,209	17,868	0,961	20,038
10	UNMTRC11	-1,691	17,397	0,697	19,774
11	UNMTRC9	-1,783	17,295	0,471	19,549
12	UNMTRC1	-1,923	17,154	0,272	19,349
13	UNMTRC7	-3,261	15,817	0,000	19,078

Tabela 4. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para altura total (ALT) no experimento 1

Ordem	Clones	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	UNMTRC4	1,308	12,325	1,308	12,325
2	UNMTRC2	1,057	12,074	1,183	12,199
3	UNMTRC6	0,336	11,352	0,901	11,917
4	UNEMAT0191	0,311	11,328	0,753	11,769
5	UNMTRC3	0,256	11,272	0,654	11,670
6	UNMTRC5	-0,051	10,966	0,536	11,553
7	UNMTRC8	-0,136	10,880	0,440	11,457
8	UNMTRC10	-0,213	10,804	0,359	11,375
9	UNMTRC12	-0,344	10,673	0,281	11,297
10	UNMTRC11	-0,379	10,637	0,215	11,231
11	UNMTRC9	-0,524	10,492	0,147	11,164
12	UNMTRC1	-0,601	10,415	0,085	11,101
13	UNMTRC7	-1,021	9,996	0,000	11,016

Tabela 5. Ranqueamento das cultivares de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para volume de madeira por hectare (VOL) no experimento 1

Ordem	Clones	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	UNMTRC4	22,614	81,268	22,614	81,268
2	UNMTRC2	16,105	74,758	19,359	78,013
3	UNMTRC6	10,255	68,908	16,325	74,978
4	UNEMAT0191	5,673	64,326	13,662	72,315
5	UNMTRC3	3,337	61,991	11,597	70,250
6	UNMTRC5	2,971	61,625	10,159	68,813
7	UNMTRC8	0,766	59,420	8,817	67,471
8	UNMTRC10	-4,627	54,027	7,137	65,791
9	UNMTRC12	-8,458	50,196	5,404	64,058
10	UNMTRC11	-8,679	49,975	3,996	62,649
11	UNMTRC9	-10,626	48,028	2,666	61,320
12	UNMTRC1	-11,845	46,809	1,457	60,111
13	UNMTRC7	-17,486	41,168	0,000	58,654

A cultivar UNMTRC4 apresentou o maior valor genético aditivo para DAP (g = 2,538), refletindo sua superioridade genética para essa característica. Sua média genotípica foi de 21,615 cm, a mais elevada entre as cultivares avaliadas. O ganho genético estimado com a recomendação dessa cultivar para povoamentos comerciais elevaria a média populacional inicial para 21,615 cm. As cultivares UNMTRC2 e UNMTRC6 também se destacaram, com ganhos genéticos de 2,314

cm e 2,219 cm, respectivamente, sendo opções promissoras para incremento em diâmetro.

Para a característica ALT, a cultivar UNMTRC4 novamente apresentou o melhor desempenho ($g = 1,308$ m), com média genotípica de 12,325 m. Esse resultado evidencia seu potencial superior não apenas em diâmetro, mas também em crescimento em altura. A cultivar UNMTRC2 apresentou o segundo maior ganho genético (1,183 m), seguida pela cultivar UNMTRC6 (0,901 m).

O volume de madeira por hectare é uma variável-chave por refletir diretamente na produtividade da floresta. O clone UNMTRC4 destacou-se novamente com o maior valor genético aditivo ($g = 22,614$ m³.ha⁻¹) e média genotípica de 81,268 m³.ha⁻¹, o que indica seu alto potencial para incremento volumétrico. A seleção desse clone resultaria em um ganho genético superior a 22 m³.ha⁻¹. Os clones UNMTRC2 e UNMTRC6 também apresentaram ganhos expressivos, com médias genotípicas de 74,758 m³.ha⁻¹ e 68,908 m³.ha⁻¹, respectivamente, sendo excelentes alternativas para formação de jardins clonais.

Os elevados ganhos genéticos observados nas três características evidenciam a existência de variabilidade genética entre os clones avaliados, aspecto essencial para o sucesso dos programas de melhoramento. A recorrência dos mesmos clones entre os melhores para diferentes características — especialmente UNMTRC4, UNMTRC2 e UNMTRC6 — reforça o potencial para seleção simultânea com base em índices multivariados, visando à maximização do ganho genético em múltiplas características de interesse.

5.2. Fenotipagem do segundo ensaio

A Tabela 6 apresenta os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados para as características diâmetro à altura do peito (DAP), altura total (ALT) e volume de madeira (VOL/m³.ha⁻¹). Os resultados foram obtidos a partir da análise de modelos mistos via método da máxima verossimilhança restrita (REML/BLUP), contemplando a decomposição da variância em seus componentes genético, de parcela e residual, bem como a estimativa de parâmetros de herdabilidade, acurácia seletiva e coeficientes de variação.

Tabela 6. Parâmetros genéticos e estatísticos estimados por meio do modelo REML/BLUP para as características diâmetro na altura do peito (DAP), altura média (ALT) e volume de madeira por hectare (VOL) em nove genótipos de teca no experimento 2

Parâmetros	DAP	ALT	VOL/ m ³ .ha ⁻¹
V _g	9,286	0,577	2468,905
V _{parc}	0,565	0,645	79,642
V _e	4,325	0,622	1138,778
V _f	14,176	1,844	3687,326
h ² _g	0,655 ± 0,204	0,313 ± 0,141	0,670 ± 0,206
h ² _{aj}	0,682	0,481	0,684
c ² _{parc}	0,039	0,349	0,022
h ² _{mc}	0,951	0,692	0,960
Ac _{clon}	0,975	0,832	0,979
CV _{gi%}	16,067	4,804	30,335
CV _{e%}	6,304	5,549	10,704
CV _r	2,548	0,866	2,834
rg _{bloc}	0,943	0,472	0,969
rg _{gd}	0,980	0,729	0,989
Média geral	18,966	15,806	163,796

¹ V_g: variância genotípica; V_{parc}: variância de parcela/bloco; V_e: variância residual; V_f: variância fenotípica individual; h²_g: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (efeitos genotípicos totais); h²_{aj}: herdabilidade individual sentido amplo, ajustada para os efeitos de parcela; c²_{parc}: destaca-se o elevado efeito de parcela; h²_{mc}: herdabilidade da média de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas; Ac_{clon}: acurácia da seleção clonal, assumindo ausência de perda de parcelas; CV_{gi%}: coeficiente de variação genotípica; CV_{e%}: coeficiente de variação residual; CV_r: coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e); rg_{bloc}: correlações genéticas entre blocos; rg_{gd}: entre grupos de dados; Média geral: média fenotípica observada no experimento.

Na variável diâmetro à altura do peito (DAP), observou-se variância genética expressiva (V_g = 9,29) e herdabilidade no sentido amplo de 0,655 ± 0,204, indicando controle genético moderado a alto sobre a expressão do caráter. O coeficiente de variação genético (CV_{g%} = 16,07) foi consideravelmente superior ao coeficiente de variação ambiental (CV_{e%} = 6,30), resultando em uma razão CV_g/CV_e de 2,55, o que confirma a predominância da variação genética sobre a ambiental. O efeito de parcela foi baixo (c²_{parc} = 0,04), sugerindo que o delineamento experimental minimizou diferenças sistemáticas entre parcelas. A herdabilidade na média de clones (h²_{mc} = 0,951) e a acurácia seletiva (Ac_{clon} = 0,975) foram elevadas, evidenciando alta confiabilidade das médias para seleção clonal. Esses resultados indicam que DAP é um caráter promissor para ganhos genéticos consistentes, podendo ser usado como critério principal de seleção.

Quanto à altura média (ALT), a variância genética estimada foi baixa ($V_g = 0,576$) em relação à média geral (15,81 m), refletida no baixo coeficiente de variação genético ($CV_{g\%} = 4,80$). A herdabilidade no sentido amplo foi de $0,313 \pm 0,141$, caracterizando controle genético baixo a moderado e menor eficiência na seleção direta de indivíduos (Mahesh *et al.*, 2016). Destaca-se o elevado efeito de parcela ($c^2_{\text{parc}} = 0,35$), que representa 35% da variação fenotípica, sugerindo influência marcante de condições específicas das parcelas no crescimento em altura. A herdabilidade na média de clones foi moderada ($h^2_{mc} = 0,692$) e a acurácia seletiva ($Ac_{\text{clon}} = 0,832$) indica confiabilidade aceitável para seleção a partir de médias ajustadas. As correlações genéticas entre blocos ($rg_{\text{bloc}} = 0,472$) e entre grupos de dados ($rg_{gd} = 0,728$) foram mais baixas em relação aos demais caracteres, indicando maior interação genótipo e ambiente para altura.

O volume de madeira por hectare (VOL), obteve elevada variância genética ($V_g = 2468,91$) e alto coeficiente de variação genético ($CV_{g\%} = 30,34$), confirmando ampla variabilidade entre genótipos. A herdabilidade no sentido amplo foi alta ($0,670 \pm 0,206$), e o efeito de parcela praticamente desprezível ($c^2_{\text{parc}} = 0,02$). A herdabilidade na média de clones ($h^2_{mc} = 0,960$) e a acurácia seletiva ($Ac_{\text{clon}} = 0,980$) foram muito elevadas, reforçando a robustez da seleção clonal para esse caráter. Além disso, as correlações genéticas entre blocos ($rg_{\text{bloc}} = 0,969$) e entre grupos de dados ($rg_{gd} = 0,989$) indicam elevada estabilidade genética e ausência significativa de interação genótipo e ambiente. Esses resultados colocam o volume como a característica mais eficiente e, combinado com o DAP, podem com a seleção simultânea de poucos clones superiores gerar ganhos substanciais em crescimento e produtividade de madeira por hectare em ciclos curtos de melhoramento clonal.

Os resultados apresentados nas Tabelas 7, 8 e 9 demonstram o desempenho relativo dos nove clones de teca avaliados no segundo experimento, considerando valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas ($u + g$), ganho genético acumulado e nova média populacional para as três características silviculturais estudadas (DAP, ALT e VOL).

Tabela 7. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para diâmetro à altura do peito (DAP) no experimento 2

Ordem	Clones	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	UNMTRC14	4,505	23,471	4,505	23,471
2	UNMTRC16	2,391	21,357	3,448	22,414
3	UNEMAT0191	1,816	20,782	2,904	21,870
4	UNMTRC13	1,291	20,257	2,501	21,467
5	UNEMAT0227	1,015	19,981	2,204	21,169
6	UNMTRC17	-1,711	17,256	1,551	20,517
7	UNMTRC18	-1,740	17,226	1,081	20,047
8	UNMTRC15	-2,385	16,581	0,648	19,614
9	UNMTRC19	-5,181	13,785	0,000	18,966

Tabela 8. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para altura total (ALT) no experimento 2

Ordem	Clones	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	UNEMAT0227	0,729	16,536	0,729	16,536
2	UNMTRC16	0,633	16,439	0,681	16,487
3	UNMTRC14	0,583	16,389	0,648	16,454
4	UNMTRC15	0,342	16,148	0,572	16,378
5	UNEMAT0191	0,206	16,013	0,499	16,305
6	UNMTRC18	-0,267	15,539	0,371	16,177
7	UNMTRC19	-0,625	15,181	0,229	16,035
8	UNMTRC13	-0,747	15,059	0,107	15,913
9	UNMTRC17	-0,853	14,953	0,000	15,806

Tabela 9. Ranqueamento dos clones de teca com base nos valores genéticos aditivos (g), médias genotípicas (u + g), ganho genético e nova média para volume de madeira por hectare (VOL) no experimento 2

Ordem	Clones	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	UNMTRC14	79,660	243,456	79,660	243,456
2	UNMTRC16	43,389	207,185	61,525	225,321
3	UNEMAT0191	27,883	191,679	50,311	214,107
4	UNEMAT0227	22,218	186,013	43,288	207,083
5	UNMTRC13	5,010	168,806	35,632	199,428
6	UNMTRC18	-30,695	133,101	24,578	188,373
7	UNMTRC17	-34,989	128,806	16,068	179,864
8	UNMTRC15	-34,997	128,798	9,685	173,481
9	UNMTRC19	-77,479	86,317	0,000	163,796

Em relação ao DAP (Tabela 7), o ranqueamento indica que a cultivar UNMTRC14 apresentou o maior valor genético aditivo ($g = 4,505$) e, conseqüentemente, a maior média genotípica ($u + g = 23,47$ cm). Isso sugere elevada superioridade genética para incremento da característica. Em sequência, as cultivares UNMTRC16, superior à testemunha UNEMAT0191, e UNMTRC13, superior à UNEMAT0227, também apresentaram valores genéticos positivos, sendo promissoras para aumentar o DAP. Já as cultivares UNMTRC17, UNMTRC18, UNMTRC15 e UNMTRC19 apresentaram valores genéticos negativos, indicando predição negativa à média populacional para esta característica. O ganho genético acumulado, ao considerar os cinco primeiros ranqueados, resultaria em um incremento esperado de aproximadamente 2,20 cm no DAP, elevando a nova média para cerca de 21,17 cm.

Quanto à altura total (ALT) (Tabela 8), observou-se menor amplitude de variação entre as cultivares, com valores genéticos aditivos variando de 0,729 (UNEMAT0227, testemunha) a -0,853 (UNMTRC17). A testemunha UNEMAT0227 liderou o ranqueamento, seguida pelas cultivares UNMTRC16 e UNMTRC14, todas com médias genotípicas superiores a 16,38 m. Essa proximidade nos valores sugere que, para ALT, o ganho por seleção será mais limitado em relação ao DAP e ao volume, devido à menor variabilidade genética.

Quanto ao volume de madeira (VOL) (Tabela 9), o ranqueamento evidencia diferenças marcantes entre as cultivares, com valores genéticos aditivos variando de 79,66 (UNMTRC14) a -77,47 (UNMTRC19). A cultivar UNMTRC14 destacou-se amplamente, seguida por UNMTRC16, superiores à testemunha UNEMAT0191, confirmando que a superioridade em DAP geralmente está associada ao maior volume por hectare. A seleção clonal dos cinco primeiros ranqueados resultaria em um ganho genético acumulado de aproximadamente $35,63 \text{ m}^3.\text{ha}^{-1}$, elevando a nova média populacional para $199,43 \text{ m}^3.\text{ha}^{-1}$.

5.3. Diversidade genética baseada em descritores dendrométricos

A matriz de distâncias genéticas de Mahalanobis - D^2 (Tabela 10), obtida com base nos valores genéticos preditos (BLUPs) para cada variável analisada, expressa a magnitude da divergência genética entre as cultivares de teca avaliadas. Os valores na diagonal principal são iguais a zero, indicando ausência de distância

de um genótipo consigo mesmo, enquanto os demais elementos representam a distância entre pares de genótipos. Valores mais baixos indicam maior similaridade genética, ao passo que valores mais altos sugerem maior divergência entre os indivíduos.

Observaram-se distâncias relativamente baixas entre alguns pares de cultivares (Tabela 10), como UNMTRC3 e UNMTRC5 ($D^2 = 0,819$), UNMTRC9 e UNMTRC11 ($D^2 = 0,632$) e UNMTRC10 e UNMTRC5 ($D^2 = 0,145$), evidenciando forte proximidade genética entre esses materiais. Fenotipicamente, UNMTRC10 apresentou DAP médio de 19,306 cm, altura total de 20,309 m e volume individual de 1,232 m³, enquanto UNMTRC5 apresentou DAP de 19,806 cm, altura de 20,644 m e volume de 1,566 m³ (Tabela 2). Em contrapartida, distâncias elevadas foram registradas entre UNMTRC7 e UNMTRC8 ($D^2 = 11,501$) e entre UNMTRC4 e UNMTRC8 ($D^2 = 17,319$), refletindo maior divergência genética, o que os torna potenciais candidatos para cruzamentos visando maximizar a variabilidade genética.

O agrupamento das cultivares pelo método de Tocher resultou na formação de cinco grupos distintos (Quadro 5). O Grupo 1 reuniu a maioria das cultivares (UNMTRC3, UNMTRC5, UNMTRC9, UNMTRC10 UNMTRC11 e UNMTRC12), caracterizados por elevada similaridade genética, corroborada pela matriz de distâncias genéticas (Tabela 9). Considerando o ranqueamento baseado nas características fenotípicas, tais genótipos obtiveram valores intermediários e semelhantes para DAP, ALT e VOL.

Tabela 10. Matriz de Distâncias Genéticas de Mahalanobis entre os 13 clones de *Tectona grandis* L.f. avaliados no experimento 1, considerando os valores genéticos preditos (BLUPs) obtidos para diâmetro à altura do peito, altura de árvores e volume de madeira

GENÓTIPO	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	0,000	1,189	11,911	2,088	9,147	8,729	2,178	3,582	7,020	3,884	4,929	6,061	4,976
2		0,000	9,661	1,963	4,699	9,990	4,832	0,819	2,804	1,647	3,763	5,130	1,464
3			0,000	11,501	4,480	11,846	8,259	11,143	5,402	3,648	11,289	1,235	10,547
4				0,000	9,854	17,319	4,223	4,838	6,233	3,299	10,645	5,504	5,973
5					0,000	10,129	11,592	3,209	0,632	2,018	4,618	4,679	2,316
6						0,000	8,296	10,498	12,634	10,402	2,890	10,444	11,126
7							0,000	8,997	10,167	5,041	8,528	3,597	10,502
8								0,000	1,923	2,505	2,845	7,507	0,145
9									0,000	0,986	5,517	4,209	1,324
10										0,000	5,404	1,507	2,504
11											0,000	8,849	3,127
12												0,000	7,632
13													0,000

Genótipo¹: 1 = UNMTRC2; 2 = UNMTRC3; 3 = UNMTRC7; 4 = UNMTRC8; 5 = UNMTRC9; 6 = UNMTRC4; 7 = UNEMAT0191; 8 = UNMTRC5; 9 = UNMTRC11; 10 = UNMTRC12; 11 = UNMTRC6; 12 = UNMTRC1; 13 = UNMTRC10.

Quadro 5. Agrupamento pelo método de Tocher para as cultivares avaliadas no experimento 1

Grupo	Genótipos
1	UNMTRC3, UNMTRC5, UNMTRC10, UNMTRC9, UNMTRC11, UNMTRC12
2	UNMTRC2, UNMTRC8
3	UNMTRC7, UNMTRC1
4	UNMTRC4, UNMTRC6
5	UNEMAT0191

O Grupo 2, composto por UNMTRC2 e UNMTRC8, apresentou distância pequena ($D^2 = 0,819$), sugerindo que compartilham alelos em comum, porém, mantendo diferenças suficientes para serem usados em cruzamentos com grupos mais divergentes, contribuindo para o aumento da variabilidade genética. Quanto as características fenotípicas (Tabela 3), UNMTRC2 obteve as maiores médias preditas para DAP (21,167 cm) e volume individual superior (21,391 m³), enquanto UNMTRC8 apresentou maior altura total média predita (19,306 m), evidenciando que, apesar da proximidade genética, existem diferenças para as características dendrométricas que podem ser exploradas em programas de melhoramento clonal.

O Grupo 3 incluiu UNMTRC7 e UNMTRC1, cultivares próximas entre si ($D^2 = 2,178$), contudo, com exceção da similaridade entre UNMTRC1 e UNMTRC12 ($D^2 = 6,061$), ambos os genótipos apresentaram dissimilaridade considerável com os demais. O Grupo 4, com UNMTRC4 e UNMTRC6 ($D^2 = 17,318$), destacou-se pela dissimilaridade em relação aos outros genótipos de grupos distintos, configurando materiais de interesse para aumentar a recombinação gênica.

Finalmente, o Grupo 5, formado exclusivamente pela testemunha UNEMAT0191, demonstrou ser altamente divergente, confirmando o potencial desse clone como fonte de variabilidade genética e como candidato estratégico para cruzamentos dirigidos. O clone UNEMAT0191 apresentou DAP médio predito de 21,028 cm, altura total de 20,219 m e volume individual de 1,950 m³ (Tabela 3), valores superiores aos observados na maioria dos demais genótipos avaliados, o que evidencia seu vigor e desempenho produtivo destacado. Essa combinação de alta divergência genética e desempenho fenotípico superior reforça sua importância nos programas de melhoramento da teca, tanto para ampliação da base genética quanto para a obtenção de progêies com maior potencial de crescimento e produtividade volumétrica.

Quanto às distâncias genéticas referentes ao segundo ensaio (Tabela 11), o menor valor de distância foi observado entre UNEMAT0191 e UNMTRC16 ($D^2 = 0,694$), indicando elevada similaridade genética entre esses genótipos. Ambos os genótipos UNEMAT0191 e UNMTRC16, obtiveram os maiores valores de DAP médio predito (21,870 e 20,782 cm, respectivamente), altura total predita de 20,782 e 21,357 m, respectivamente, e volume individual predito de 2,904 m³ e 3,448 m³, respectivamente (Tabela 7).

Por outro lado, a maior distância genética foi registrada entre UNMTRC14 e UNMTRC15 ($D^2 = 14,093$), sendo ratificado pelo agrupamento de Tocher (Quadro 6), que agrupou esses materiais em grupos distintos. Diferenças fenotípicas consideráveis foram observadas entre estes genótipos, como por exemplo, diferença de aproximadamente quatro cm para DAP, sete metros para altura e quatro m³ para volume (Tabela 7).

Foram formados quatro grupos pelo agrupamento de Tocher (Quadro 6). O grupo 1 composto pelos genótipos UNEMAT0191, UNEMAT016, UNEMAT0227 e UNMTRC18, apresentou as menores distâncias genéticas entre si, ou seja, maior similaridade. O grupo 2 (UNMTRC13, UNMTRC15, UNMTRC17) obteve similaridade moderada a elevada entre genótipos. O grupo 3 formado apenas pelo UNMTRC 19 e o grupo 4 com o genótipo UNMTRC 14, foram os mais dissimilares em todas as comparações dois a dois, sendo considerados os mais distantes geneticamente nesse conjunto.

Tabela 11. Matriz de Distâncias Genéticas de Mahalanobis entre os nove clones de *Tectona grandis* L.f. avaliados no experimento 2, considerando os valores genéticos preditos (BLUPs) para diâmetro à altura do peito (DAP), altura média e volume (m³.ha⁻¹)

Genótipo	UNEMAT0191	UNMTRC13	UNMTRC14	UNMTRC15	UNMTRC16	UNMTRC17	UNMTRC18	UNEMAT0227	UNMTRC19
UNEMAT0191	0,000	3,614	4,519	4,215	0,694	3,180	1,461	1,549	9,085
UNMTRC13		0,000	11,745	10,469	7,419	2,993	4,179	9,011	14,945
UNMTRC14			0,000	14,093	3,109	8,023	8,702	6,896	10,650
UNMTRC15				0,000	4,381	7,947	2,250	1,727	9,456
UNMTRC16					0,000	5,565	2,839	0,804	9,032
UNMTRC17						0,000	1,764	7,182	4,781
UNMTRC18							0,000	2,501	5,430
UNEMAT0227								0,000	9,786
UNMTRC19									0,000

Quadro 6. Agrupamento pelo método de Tocher para as cultivares avaliadas no experimento 2

Grupo	Genótipos
1	UNEMAT0191, UNEMAT016, UNEMAT0227, UNMTRC18
2	UNMTRC13, UNMTRC17, UNMTRC15
3	UNMTRC19
4	UNMTRC14

5.4. Diversidade genética baseada em marcadores microssatélites

A análise de agrupamento hierárquico com base em marcadores moleculares, utilizando o método de agrupamento UPGMA, permitiu visualizar a similaridade genética entre as cultivares de teca avaliados (Figura 2). A matriz de dissimilaridade derivada dos perfis moleculares, forneceu a base para a construção do dendrograma, representando graficamente os níveis de similaridade genética entre os indivíduos.

A partir do ponto de corte estabelecido (linha pontilhada), observou-se a formação de cinco grupos (G1 a G5), entre os 26 genótipos de teca avaliados. O critério de corte adotado foi nível de dissimilaridade $\approx 0,99$ (99% de dissimilaridade), representado no dendrograma pela linha tracejada.

O Grupo I foi composto pelos genótipos BR2TRC, TG1FLORA, TG3FLORA e BR2FLORA, caracterizando-se por apresentar alta similaridade genética, evidenciada pelos baixos valores de distância observados (valores não apresentados). O Grupo II, constituído por dez genótipos (UNMTRC13, UNMTRC16, UNMTRC18, UNMTRC2, UNMTRC14, UNMTRC19, UNMTRC9, UNMTRC10, UNMTRC17 e UNMTRC15), apresentou variabilidade genética intermediária, indicando um agrupamento heterogêneo, provavelmente formado por cultivares com origens parentais parcialmente relacionadas, mas sujeitos a processos de seleção distintos. O Grupo III, composto por UNMTRC3, UNMTRC4, UNMTRC5 e UNMTRC6, apresentou também alta similaridade interna, o que pode estar associado à adoção de cultivares com constituição genética semelhante.

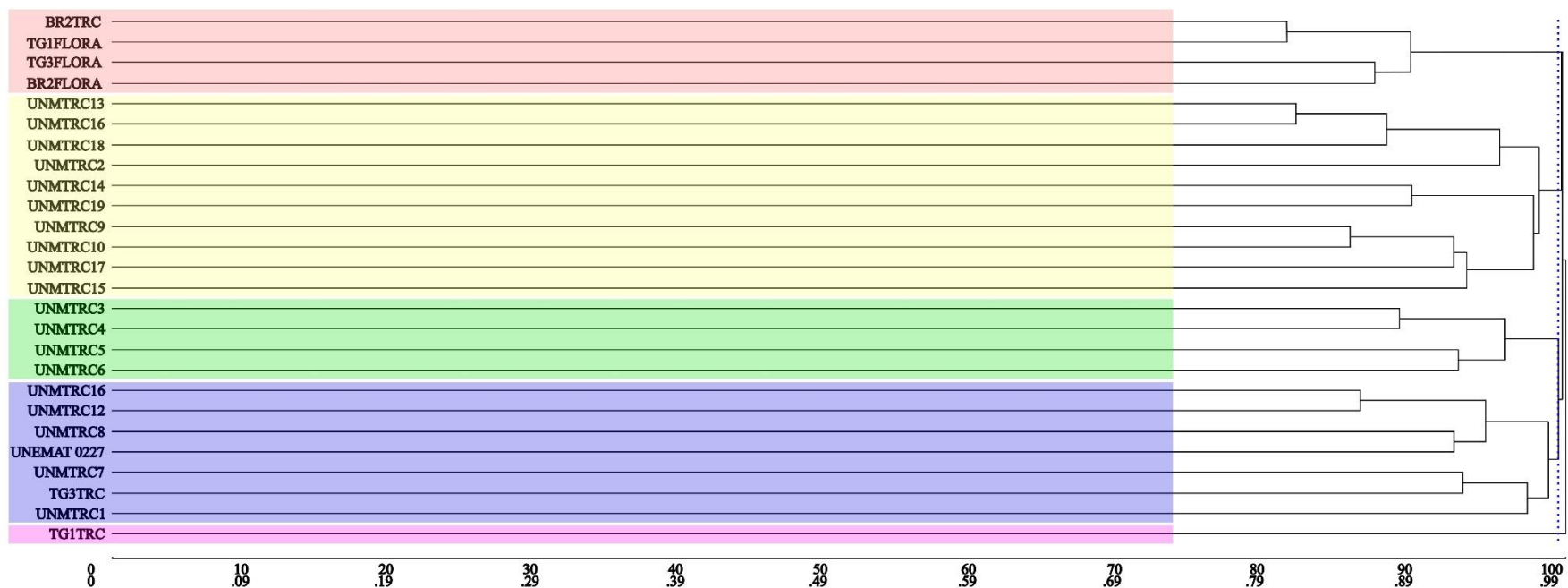


Figura 2. Agrupamento via UPGMA, mostrando a relação entre 26 clones de 23 cultivares de teca (*Tectona grandis*), com base nas distâncias genéticas obtidas por análise de dissimilaridade com complemento do índice $(1 - c)$ e índice ponderado para dados categorizados de 14 marcadores.

Os genótipos UNMTRC11, UNMTRC12, UNMTRC8, UNEMAT0227, UNMTRC7, TG3TRC e UNMTRC1, agrupados no Grupo IV, apresentaram dissimilaridade intermediária em relação aos demais grupos. Estes genótipos apresentaram valores médios de DAP e altura total (ALT), com variação moderada dentro do grupo. Em termos de volume individual por árvore (VOL), os indivíduos do grupo IV, demonstraram valores intermediários a baixos, coerentes com o porte médio da árvore. Por fim, o Grupo V, composto unicamente pelo genótipo TG1TRC, mostrou-se geneticamente mais divergente, destacando-se pela elevada distância genética em relação aos demais grupos.

6. DISCUSSÃO

Os resultados obtidos nos dois ensaios de avaliação fenotípica, evidenciam elevados valores de coeficientes de variação genética (CVg) e amplitudes significativas de distância genética, confirmando a existência de variabilidade genética entre os clones de teca testados. Estes resultados sugerem que o conjunto estudado constitui uma base genética adequada para programas de melhoramento de *T. grandis*, permitindo a seleção de clones superiores e a recomendação de cruzamentos dirigidos para maximizar a recombinação gênica e a diversidade em populações segregantes.

No primeiro ensaio, as herdabilidades no sentido amplo foram moderadas para DAP ($h^2_g = 0,34$), ALT ($h^2_g = 0,25$) e VOL ($h^2_g = 0,33$), indicando que a seleção pode gerar ganhos relevantes, especialmente quando baseada em médias clonais, cujas herdabilidades superaram 0,76. Valores semelhantes foram observados no segundo ensaio, com DAP ($h^2_g = 0,655$), ALT ($h^2_g = 0,313$) e VOL ($h^2_g = 0,670$), reforçando a consistência genética para caracteres de crescimento. Goh *et al.* (2013), avaliaram os parâmetros genéticos em árvores de teca, quanto à altura e o DAP. Os autores observaram valores de herdabilidade com base na média de clones variando de 0,318 a 0,634 para altura, e de 0,297 a 0,383 para DAP. Narayanan *et al.* (2009), estimaram a herdabilidade com base em média de clones para altura em árvores de teca e observaram valores de 0,27. Estes resultados indicam que as estimativas de herdabilidade para estas características, normalmente variam entre baixos a moderados.

A acurácia seletiva elevada em ambos os ensaios ($Ac_{clon} > 0,87$ no primeiro e $> 0,97$ no segundo) confirma a confiabilidade das estimativas genéticas, permitindo discriminação precisa de clones superiores e minimizando riscos de erro de seleção, fator crítico em espécies perenes de ciclo longo como a teca (Resende e Duarte, 2007).

O volume de madeira por hectare destacou-se como a característica de maior potencial para ganho genético, apresentando alto coeficiente de variação genética (CVg para DAP = 10,509, ALT = 6,875 e VOL = 22,214) no primeiro ensaio e no segundo ensaio, o CVg foi de 16,067 para DAP, 4,804 para altura e 30,335 para volume. A altura total apresentou menor variabilidade genética e maior sensibilidade

a efeitos de parcela e gradientes ambientais, devendo ser utilizada como caráter complementar na seleção.

Os ganhos genéticos estimados a partir da seleção dos cinco melhores clones (incremento médio de 2,20 cm em DAP, 0,65 m em ALT e 35,63 m³.ha⁻¹ em VOL) demonstram impacto prático significativo sobre a produtividade dos povoamentos, e corroboram os valores observados por (Tonini *et al.*, 2009).

Os valores de distância genética observados neste estudo estão em consonância com os relatados na literatura para teca (NAYAK *et al.*, 2025). Estudos anteriores indicam que a diversidade entre clones de *T. grandis*, quando estimadas por características dendrométricas, apresenta distâncias genéticas intermediárias a elevadas, com resultados similares aos obtidos em nosso agrupamento.

O menor valor de distância foi observado entre os genótipos UNMTRC10 e UNMTRC5 ($D^2 = 0,145$), evidenciando elevada similaridade genética entre esses genótipos, possivelmente associada à origem comum ou à seleção genotípica derivada de populações geneticamente próximas. Situações como essa são comuns em espécies florestais exóticas cultivadas no Brasil, nas quais a introdução inicial de germoplasmas foi limitada, restringindo a base genética disponível (Costa *et al.*, 2007).

Por outro lado, distâncias elevadas, como as verificadas entre UNMTRC4 e UNMTRC8 ($D^2 = 17,319$), indicam maior divergência genética entre os respectivos genótipos. Tais diferenças sugerem dissimilaridade no conjunto de alelos que compõem esses genótipos, tornando-os potenciais candidatos a cruzamentos dirigidos com vistas a maximizar a recombinação gênica e ampliar a variabilidade em populações segregantes (Costa *et al.*, 2007).

Esses achados corroboram observações anteriores de estudos com teca conduzidos no Brasil e em países tropicais, nos quais a diversidade genética detectada entre materiais introduzidos tem se mostrado fundamental para o avanço sustentável dos programas de melhoramento e para a formação de bancos de germoplasma mais amplos (Anjos *et al.*, 2023).

Neste estudo, os 26 genótipos de *T. grandis* foram genotipados de forma precisa, considerando os perfis microssatélites de cada um, porém, recorrendo à característica multilocus dos marcadores SSR. Por outro lado, Huang *et al.* (2016), avaliaram 26 clones de teca oriundos da Índia, Myanmar e Nigéria, e conseguiram

distinção entre clones apenas com análise unilocus, utilizando os loci CIRAD1TeakA06 e CIRAD3TeakA11, que estão incluídos nesse trabalho. Os autores relatam que o fato da discriminação ser possível por loci únicos, contribui significativamente no registro e proteção de cultivares, pois facilita o desenvolvimento da identidade genotípica, além de aumentar o controle sobre as matrizes utilizadas na propagação vegetativa.

A análise do dendrograma obtido pelo método UPGMA, demonstrou alta correspondência com a origem de cada genótipo (Quadros 1 e 2), o que pode ser observado no grupo II (Figura 2), no qual a maioria dos genótipos é proveniente da Malásia. No entanto, alguns clones avaliados não foram agrupados quanto à origem, o que pode sugerir uma base genética comum ou atuação antropogênica entre as populações que originaram estes clones. Nesse tipo de situação, desenvolver estratégias de seleção intragrupo com foco na fixação de características desejáveis, como uniformidade fenotípica e estabilidade produtiva, pode ser uma boa decisão (Alcântara *et al.*, 2013).

O grupo I demonstrado no dendrograma (Figura 2), apresenta características específicas entre os demais genótipos. Os genótipos BR2TRC, TG1FLORA, TG3FLORA e BR2FLORA têm em comum a origem clonal associada a materiais melhorados de alta performance, caracterizados por crescimento rápido, retidão de fuste e boa adaptação às condições edafoclimáticas locais. Esses atributos reforçam o potencial desses clones para uso em programas de melhoramento genético de teca.

O grupo V, composto unicamente pelo genótipo TG1TRC, demonstra considerável distância genética em relação aos demais grupos, apresentando potencial para uso em cruzamentos visando ampliar a base genética e gerar descendentes de alto desempenho produtivo. Essa estrutura de agrupamento reforça a existência de ampla diversidade genética entre os genótipos avaliados, sendo recomendável priorizar cruzamentos entre grupos distantes (como Grupo V e Grupo I ou III) para maximizar o ganho genético com a heterose, enquanto a seleção intragrupo pode ser direcionada para uniformização de características adaptativas específicas.

Deste modo, o *fingerprint* molecular aumenta a confiabilidade e fortalece o compromisso do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UNEMAT, no

desenvolvimento de novas cultivares com excelente qualidade, bem como, o fornecimento de informações para a sociedade acadêmica e produtora de teca. Os resultados alcançados neste estudo, aliados a testes robustos de clones, são importantes para a identificação de genótipos superiores e contribuem positivamente na gestão dos recursos genéticos de *T. grandis*.

7. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos evidenciaram variabilidade genética expressiva entre os clones avaliados, tanto nas características fenotípicas quanto no perfil molecular gerado por marcadores microssatélites. Essa variabilidade foi corroborada pelos parâmetros genéticos estimados, como herdabilidade e coeficiente de variação genotípica.

A aplicação da metodologia de *fingerprint* genético mostrou-se essencial para a discriminação precisa entre as cultivares de teca, permitindo sua identificação inequívoca, a caracterização genética detalhada e o suporte técnico-científico necessário ao processo de proteção das cultivares. Os microssatélites empregados revelaram-se eficientes para distinguir os genótipos, atendendo plenamente aos objetivos propostos na pesquisa.

A consolidação de um banco de dados genéticos seguro e bem estruturado, representa um avanço significativo para o registro de cultivares junto aos órgãos reguladores, contribuindo para a rastreabilidade a originalidade e a integridade das cultivares de teca, materiais propagados vegetativamente em escala comercial. Além disso, os dados moleculares gerados complementam os descritores morfológicos, fortalecendo os critérios científicos exigidos nos processos de proteção de cultivares.

Os resultados deste estudo contribuem para o desenvolvimento sustentável do setor florestal, ampliando a competitividade da cadeia produtiva da teca no Brasil e promovendo benefícios econômicos, ambientais e sociais de longo prazo.

8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALCÂNTARA, Berenice Kussumoto; VEASEY, Elizabeth Ann. Genetic diversity of teak (*Tectona grandis* L.F.) from different provenances using microsatellite markers. **Revista Árvore**, v. 37, p. 747-758, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622013000400018>.

ANJOS, Isabela Vera dos; GILIO, Thiago Alexandre Santana; AMORIN, Ana Flávia S.; JESUS, Jeferson Gonçalves de; CHIMELLO, Antonio Marcos; TAKIZAWA, Fausto H.; ARAUJO, Kelly Lana; NEVES, Leonarda Grillo. Reassessing the genetic variability of *Tectona grandis* through high-throughput genotyping: Insights on its narrow genetic base. **Plos one**, v. 18, n. 10, p. e0285518, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0285518>.

ASHTON, M. S.; GUNATILLEKE, I.A.U.N.; GUNATILLEKE, C.V.S.; TENNAKOON, K.U.; ASHTON, P.S. Use and cultivation of plants that yield products other than timber from South Asian tropical forests, and their potential in forest restoration. **Forest Ecology and Management**, v. 329, p. 360-374, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2014.02.030>.

BAHADUR, Amar; DUTTA, Pranab. **Diseases of commercial crops and their integrated management**. CRC Press, 2023.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **CultivarWeb. Registro Nacional de Cultivares - RNC**. 2024. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acesso em: 27 set. 2024a.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **CultivarWeb. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares - SNPC**. 2024. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_protegidas.php. Acesso em: 27 set. 2024b.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Departamento de Sanidade Vegetal e Insumos Agrícolas. Coordenação do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. **Ato nº 9, de 3 de agosto de 2020**. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 04 ago. 2020. Seção 1, p. 1. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/florestais>. Acesso em: 02 dez. 2024c.

BRASIL. Presidência da República. Casa Civil. Subchefia para Assuntos Jurídicos. **Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997**. Institui a Lei de Proteção de Cultivares e dá outras providências. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 28 abr. 1997. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/l9456.htm. Acesso em: 18 out. 2024d.

BRASIL. Presidência da República. Casa Civil. Subchefia para Assuntos Jurídicos. **Lei nº 10.711, de 5 de agosto de 2003**. Dispõe sobre o Sistema Nacional de Sementes e Mudanças e dá outras providências. Diário Oficial da União, Brasília, DF, 6 ago. 2003. Disponível em: https://www.planalto.gov.br/ccivil_03/leis/2003/l10711.htm. Acesso em: 18 out. 2024e.

CHAUDHARI, Chintankumar; JHA, Suman; DHAKA, Ravindra; PATEL, Vipulkumar; SANKANUR, Mahantappa; PRAJAPAT, Pravin; THAKUR, Shikha. Genetic diversity analysis of teak in South Gujarat. **International Journal of Chemical Studies**, v. 6, n. 6, p. 260-267, 2018.

COSTA, Reginaldo Brito da; RESENDE, Marcos Deon Vilela de; SILVA, Versides Sebastião de Moraes e. Experimentação e seleção no melhoramento genético de TECA (*Tectona grandis* L.f.). **Floresta e Ambiente**, v. 14, n. 1, p. 76-92, 2007.

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.

DA COSTA, Reginaldo Brito; CHICHORRO, José Franklim; DA SILVA, Adriana Zanirato Contini. **Melhoramento genético de teca como alternativa de desenvolvimento rural**. Multitemas, 2012.

DÁVILA, Manuel Enrique Serrano; ARCE, Jose Joaquin Campos; VILLALOBOS, Róger; GALLOWAY, Glenn; HERRERA, Bernal. Evaluación y planificación del manejo forestal sostenible a escala de paisaje en Hojanca, Costa Rica. **Colección manejo diversificado de bosques naturales**, 2008.

DE ANDRADE, Jaily Kerller Batista; PAES, Juarez Benigno; BATISTA, Djeison Cesar; MEDEIROS, Jaqueline Rocha de; TRIANOSKI, Rosilani. Resistance to weathering and color stability of thermally modified eucalypts wood for deck. **Journal of Building Engineering**, v. 82, p. 108143, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jobbe.2023.108143>.

FLORESTAS, Embrapa. **Embrapa Florestas: dedicação à pesquisa florestal**. 2003.

FOFANA, Inza Jesus; OFORI, Daniel A.; POITEL, Mireille; VERHAEGEN, Daniel. Diversity and genetic structure of teak (*Tectona grandis* L.f.) in its natural range using DNA microsatellite markers. **Novas florestas**, v. 37, p. 175-195, 2009.

GIUSTINA, L. D.; ROSSI, A. A. B.; VIEIRA, F. S.; TARDIN, F. D.; NEVES, L. G.; PEREIRA, T. N. S. Variabilidade genética em genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn. F.) baseada em marcadores moleculares ISSR e caracteres morfológicos. **Ciência Florestal**, [S. l.], v. 27, n. 4, p. 1311–1324, 2017. DOI: 10.5902/1980509829894.

GIUSTINA, Luana Della. **Avaliação da variabilidade genética de genótipos de teca (*Tectona grandis* Linn.F.) por meio de marcadores moleculares**. 2014. 57 f.

GOH, Darrion; JAPARUDIN, Yani; ALWI, Agustan; LAPAMMU, M.; FLORI, A.; MONTEUUIS, O. (2013). Growth differences and genetic parameter estimates of 15 teak (*Tectona grandis* L.f.) genotypes of various ages clonally propagated by microcuttings and planted under humid tropical conditions. **Silvae Genetica**. 62. 196-206. 10.1515/sg-2013-0024.

GUPTA, P. K; VARSHNEY, R. K. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. **Euphytica**, v. 113, n. 3, p. 163-185, 2000.

HANSEN, Ole K., CHANGTRAGOON, Suchitra, PONOY, BUNDIT; Ponoy; LOPEZ, Juan; RICHARD, John; KJAER, Erik D. Worldwide translocation of teak—origin of landraces and present genetic base. **Tree Genetics & Genomes**, v. 13, p. 1-16, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1170-8>.

HUANG, G.; LIANG, K.; ZHOU, Z.; MA, H. SSR genotyping – genetic diversity and fingerprinting of teak (*Tectona grandis*) clones. **Journal of Tropical Forest Science**. v. 28(1), p. 48-58, 2016.

HUY, Bao; TRUONG, Nguyen Quy; KHIEM, Nguyen Quy; POUDEL, Krishna P.; TEMESGEN, Hailemariam. Stand growth modeling system for planted teak (*Tectona grandis* L.f.) in tropical highlands. **Trees, Forests and People**, v. 9, p. 100308, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.tfp.2022.100308>.

IPEF – Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais. **Melhoramento genético florestal**. Piracicaba: IPEF, 2006. 32 p. (Série Técnica IPEF, n. 24).

JÖRDENS, Rolf. Progress of plant variety protection based on the International Convention for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV Convention). **World Patent Information**, v. 27, n. 3, p. 232-243, 2005.

KAOSA-ARD, Apichart. **Physiological Studies of Sprouting of Teak (*Tectona Grandis* Linn. F.) Planting Stumps**. Australia: Australian National University, 1977. DOI 10.25911/5d67b364a2bca.

KENZO, Tanaka; HIMMAPAN, Woraphun; YONEDA, Reiji; TEDSORN, Narin; VACHARANGKURA, Tosporn; HITSUMA, Gaku; NODA, Iwao. General estimation models for above-and below-ground biomass of teak (*Tectona grandis*) plantations in Thailand. **Forest Ecology and Management**, v. 457, p. 117701, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.117701>.

KWASHIRAI, Vimbai Chaumba. Indigenous management of teak woodland in Zimbabwe, 1850–1900. **Journal of Historical Geography**, v. 33, n. 4, p. 816-832, 2007.

LARSON, Anne M.; HOBLEY, Mary. **Routledge Handbook of Community Forestry**. 2022

GRISI MACEDO, Renato Luiz; ESTEVES GOMES, Josébio; VENTURIN, Nelson; GRANDI SALGADO, Bruno. Desenvolvimento inicial de *Tectona grandis* L.f. (teca) em diferentes espaçamentos no município de Paracatu, MG. **Cerne**, v. 11, n. 1, p. 61-69, 2005.

MAHESH, T. R.; SHARMA, R.; NAIR, C. N.; SHUKLA, S. R. Genetic variability and heritability studies in teak (*Tectona grandis* L. f.) clones. **Journal of Tree Sciences**, v. 35, n. 2, p. 29–36, 2016.

MOHAMMAD, Naseer; DAHAYAT, Ankur; PARDHI, Yogesh; RAJKUMAR, Muthu; ANSARI, Shamim Akthar; SHIRIN, Fatima. Inferring genetic diversity and population structure of India's National Teak (*Tectona grandis* L.f.) Germplasm Bank. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 69, n. 4, p. 1695-1705, 2022. DOI:10.1007/s10722-021-01335-w.

MONDINI, Linda; NOORANI, Arshiya; PAGNOTTA, Mario A. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. **Diversity**, v. 1, n. 1, p. 19-35, 2009.

NARAYANAN, C.; CHAWHAAN, P. H.; MANDAL, A. K. Inheritance pattern of growth and wood traits in teak (*Tectona grandis* Lf). **Silvae Genetica**, v. 58, n. 3, p. 97, 2009.

NAYAK, Hiranmayee; SINHA, Animesh; BHOL, Nirakar. Genetic Diversity Assessment of Teak (*Tectona grandis* Linn.F.) in a Clonal Seed Orchard. **Journal of Sustainable Forestry**, p. 1-15, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1080/10549811.2025.2516823>.

NUNES, Leila Moura Soares; ABUD, Ana Karla de Souza. (2022). Propriedade intelectual de cultivares frutícolas e olerícolas no Brasil. **Research, Society and Development**, 11 (2), e59011226162-e59011226162.

ODA, Shinitiro *et al.* **Forest improvement. Forest biotechnology**. Viçosa: UFV, p. 51-71, 2007.

OLIVEIRA, Andréa; DE ALMEIDA, Tanismare Tatiana; REIS, Rodrigo de Góes Esperon. Morfologia interna e externa de diásporos de *Tectona grandis* L. e sua relação com a qualidade de sementes. **Ciência Florestal**, v. 33, n. 3, p. e71755-e71755, 2023.

PANDEY, Devendra, BROWN, C. Teak: a global overview. **Unasylva**, v. 51, n. 201, 2000, p. 3-12.

PINTO JUNIOR, J. E.; SANTOS, P. E. T. dos; AGUIAR, A. V. de; KALIL FILHO, A. N.; PALUDZYSZYN FILHO, E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de; SOUSA, V. A. de. **Melhoramento genético de espécies arbóreas na Embrapa Florestas: uma visão histórica**. 2013.

PRASETYO, Eko; WIDIYATNO, Widiyatno; INDRIOKO, Sapto; NA'ITEM, Mohammad; MATSUI, Tetsuya; MATSUO, Ayumi; SUYAMA, Yoshihisa; TSUMURA, Yoshihiko. Genetic diversity and the origin of commercial plantation of Indonesian teak on Java Island. **Tree Genetics & Genomes**, v. 16, n. 2, p. 34, 2020. DOI:10.1007/s11295-020-1427-5.

QUEIROZ, Mariana; CALDEIRA, Sidney; SEBBENN, Alexandre; ARRIEL, Daniele. Genetic diversity of improved genotypes of *Tectona grandis* in the state of Mato Grosso, Brazil. **Southern Forests: a Journal of Forest Science**, v. 83, n. 2, p. 120-127, 2021. DOI:10.2989/20702620.2021.1877094.

REATEGUI-BETANCOURT, J. L.; ARRIEL, D. A. A.; CALDEIRA, S. F.; HIGA, A. R.; MARQUES, R. M.; GONÇALVES, I. dos S.; MARTINEZ, D. T. Descritores morfológicos para a caracterização de mudas clonais de teca (*Tectona grandis* L.f). **Revista Árvore**, [S. l.], v. 45, n. 1, p., 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/1806-908820210000022>.

REATEGUI-BETANCOURT, J. L.; ARRIEL, D. A. A.; CALDEIA, S. F.; HIGA, A. R.; FLÔRES JÚNIOR, P. C.; ARAUJO, S.P.; MENEZES MARQUES, R.; CORRÊA, B.M.B.; MARTINEZ, D.T. Morphological descriptors for the characterization of teak clones (*Tectona grandis* L.f.) in plantations. **Forest systems**, v. 29, n. 2, p. eRC02-eRC02, 2020.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>.

RESENDE, M. D. V. de. Software **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RUELLA, Teresa Cristina Martinez. **A propriedade intelectual no âmbito da proteção de cultivares**. [sn], 2015.

SALCEDO-PÉREZ, Eduardo; RUIZ BLANDON, Bayron Alexander; HERNÁNDEZ ÁLVAREZ, Efrén; GONZÁLEZ CRUZ, Ricardo; BERNABÉ-ANTONIO, Antonio; OROZCO-GUAREÑO, Eulogio; RAMÍREZ-LÓPEZ, César Bonifacio; ANZALDO HERNÁNDEZ, José; DELGADO-FORNUÉ, Ezequiel. Soil properties and nitrogen as indicators of growth in teak commercial stands. **Revista Mexicana de ciencias forestales**, v. 10, n. 52, p. 33-54, 2019. DOI: <https://doi.org/10.29298/rmcf.v10i52.398>.

SALES, Nathana Izabela Silva; LEÃO, Evelyne Urzêdo; GIOGO, Marcos; SANTOS, Gil Rodrigues dos. Patogenicidade e transmissão de fungos associados às sementes de *Tectona grandis* L.f. **Ciência Florestal**, v. 28, p. 970-978, 2018. DOI: <https://doi.org/10.5902/1980509833369>.

TEAKNET (2025) **Summary report of the 5th World Teak Conference 2025**. (2025, October). Teaknet Bulletin, 18(4), 1-11. <https://www.teaknet.org/bulletin/oct2025>.

THWE-, THWE- WIN. **Geographic variation and genetic structure of teak (*Tectona grandis*) in Myanmar revealed by cpSNP and nrSSR markers**. 2015. Tese de Doutorado. The University of Tokyo.

TONINI, Helio; COSTA, Mirian Cristina Gomes; SCWENGBER, Luiz Augusto Mello. Crescimento da teca (*Tectona grandis*) em reflorestamento na Amazônia Setentrional. **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 59, p. 05, 2009.

VENKATESH, Y.N.; MUSHINENI, Ashajyothi; UMA, G.S. ; RAJARAJAN, Kunasekaran; HANDA, A.K.; ARUNACHALAM, Ayyanadar. Diseases and insect pests challenge to meet wood production demand of *Tectona grandis* (L.), a high-value tropical tree species. **Journal of Plant Diseases and Protection**, v. 130, n. 5, p. 929-945, 2023. DOI: 10.1007/s41348-023-00758-0.

VERHAEGEN, Daniel; OFORI, Daniel; FOFANA, Inza; POITEL, Mireille; VAILLANT, Alexandre. Development and characterization of microsatellite markers in *Tectona grandis* (Linn. f). **Molecular Ecology Notes**, v. 5, n. 4, p. 945-947, 2005. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01124.x.

VERHAEGEN, Daniel; FOFANA, Inza; LOGOSSA, Zénor; OFORI, Daniel. What is the genetic origin of teak (*Tectona grandis* L.) introduced in Africa and in Indonesia?. **Tree genetics & genomes**, v. 6, p. 717-733, 2010. DOI: 10.1007/s11295-010-0286-x.

WANDERS, T. H. V.; OFORI, J. N.; AMOAKO, A.; POSTUMA, M.; WAGEMAKER, C. A. M.; VEENENDAAL, E.; VERGEER, P. Teak genetic diversity in Ghana shows a narrow base for further breeding and a need for improved international collaboration for provenance exchange. **Genetic Resources Journal**, v. 2, n. 4, p. 44-54, 2021. DOI: <https://doi.org/10.46265/genresj.UGUD8568>.

WELLENDORF, Hubert; KAOSA-ARD, Apichart. **Teak improvement strategy in Thailand**. 1988.

YASODHA, R.; VASUDEVA, R.; BALAKRISHNAN, S.; SAKTHI, A.R.; ABEL, N.; BINAI, N.; RAJASHEKAR, B.; BACHPAI, V.K.W.; PILLAI, C.; DEV, S.A. Draft genome of a high value tropical timber tree, Teak (*Tectona grandis* L. f): insights into SSR diversity, phylogeny and conservation. **DNA Research**, v. 25, n. 4, p. 409-419, 2018. DOI: 10.1093/dnares/dsy013.