

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE GUAPURUVU
Schizolobium parahyba (Vell.) Blake

FERNANDA CAROLINA SILVA CHINELATO

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agronômicas da UNESP – Campus
de Botucatu, para obtenção do título de
Mestre em Ciência Florestal.

BOTUCATU-SP
Setembro -2011

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CÂMPUS DE BOTUCATU

VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE GUAPURUVU
Schizolobium parahyba (Vell.) Blake

FERNANDA CAROLINA SILVA CHINELATO

Orientador: Prof. Edson Seizo Mori

Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agronômicas da UNESP –
Campus de Botucatu, para obtenção do
título de Mestre em Ciência Florestal.

BOTUCATU-SP
Setembro -2011

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO DA INFORMAÇÃO - SERVIÇO TÉCNICO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - UNESP - FCA - LAGEADO - BOTUCATU (SP)

C539v Chinelato, Fernanda Carolina Silva, 1979-
Variabilidade genética em progênies de guapuruvu
Schizolobium parahyba (Vell.) Blake / Fernanda Carolina
Silva Chinelato. - Botucatu : [s.n.], 2012
x, 47 f., fots. color., mapa, tabs.

Dissertação (Mestrado)- Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu, 2012

Orientador: Edson Seizo Mori

Inclui bibliografia

1. Guapuruvu (Árvore) 2. Guapuruvu (Árvore) - Melhora-
mento genético. 3. Genética florestal. 4. Genética de po-
pulações. 5. *Schizolobium parahyba*. I. Mori, Edson Seizo.
II. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Fi-
lho" (Campus de Botucatu). Faculdade de Ciências Agronômi-
cas. III. Título.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRONÔMICAS
CAMPUS DE BOTUCATU

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO: "VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGENIES DE GUAPURUVU
Schizolobium parahyba (Vell.) Blake"**

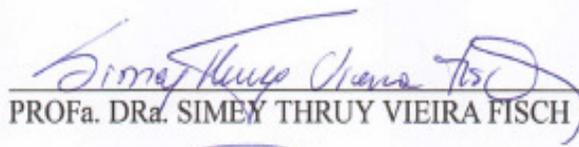
ALUNA: FERNANDA CAROLINA SILVA CHINELATO

ORIENTADOR: PROF. DR. EDSON SEIZO MORI

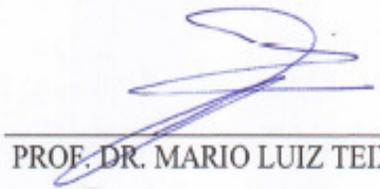
Aprovado pela Comissão Examinadora



PROF. DR. EDSON SEIZO MORI



PROFa. DRa. SIMEN THRUY VIEIRA FISCH



PROF. DR. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES

Data da Realização: 02 de setembro de 2011.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Ingrid Hartung Gottschalk pela infinita força e energia que foram compartilhadas comigo desde sempre. Agradeço pela sua LUZ, AMIZADE e AMOR que me trouxeram forças para viver e realizar conquistas a cada dia. Sem contar os banquetes gastronômicos que nos fizeram ainda mais felizes!

Obrigado pelos que me acompanharam ao longo do mestrado como Cristiano Bueno, o Guga, pela amizade e orientação ao longo de todo mestrado; a Beatriz Murbach Caes, por aguentar meus surtos e tudo mais e se manter ao meu lado me apoiando sempre; e a Ana Tereza (Tetê) e a Sheila Matagi pela amizade maravilhosa e eterna.

Agradeço a CAPES pelo auxílio, ao meu orientador Edson Seizo Mori, às Prof^a Simey Fisch, Renata Fonseca, Carmen Marcatti; a todos os professores pelo conhecimento; e a todos os amigos e parentes pelo apoio, em especial a Rita Camila, Cecília Toshie Otto, Rodrigo Angela, Jussara Santos, Cristina Filardo, Paulo Malagutte, Juliana Griesi, Roberta e Gustavo Freitas, Renata e Leandro Viecili, Renata e Marcão, Jorge e Angela Martins, Pangola, Ana Christina Novelli Silveira, Clara Tavares Lourenço, Vó Helena e Tio Saul Chinelato (in memoriam), Patrícia Helena e Antônio Israel (meus irmãos queridos), Giovanna Helena, e aos meus pais Neusa Maria e Antônio Israel, pelo amor e educação.

Agradeço a cidade de Botucatu por ser minha casa durante muitos e muitos anos, e a cidade de São Luiz do Paraitinga que me trouxe forças para seguir em frente e me mostrou a beleza e força da Serra do Mar e da Mata Atlântica.

“No mais, sigo amando livremente a tudo que me apraz.”

“O simples deve ter o mesmo valor do complexo, justamente pela sua simplicidade.” – Fernanda Carolina Silva Chinelato

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	V
LISTA DE QUADROS.....	VI
LISTA DE TABELAS.....	VII
RESUMO	1
SUMMARY	3
1- INTRODUÇÃO.....	5
2- REVISÃO DE LITERATURA	9
2.1- Guapuruvu.....	11
2.2- Melhoramento genético florestal.....	13
2.2.1 Testes de progênies	14
2.2.2- Parâmetros genéticos.....	15
3- MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1- Análise de variância individual	26
3.1.1 Modelo 93: blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, varias plantas por parcela	26
3.2 Correlações genéticas e fenotípicas	27
3.2.1 Modelo 102: correlações genéticas	27
3.2.2 Modelo 105: correlações fenotípicas.....	27
4- RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
5- CONCLUSÃO.....	34
6- REFERÊNCIAS	35

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Locais identificados como de ocorrência natural de <i>Schizolobium parahyba</i> no Brasil.	12
Figura 2- Panorama geral do viveiro de produção das mudas.	23
Figura 3- Panorama geral espaçamento no teste de progênie de <i>Schizolobium parahyba</i>	24

LISTA DE QUADROS

Quadro 1- Quantidade de progênies e suas procedências. Locais de coleta.....	25
Quadro 2 - Quantidades de indivíduos instalados no teste.	26

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Parâmetros genéticos de progênies de polinização aberta de <i>Schizolobium parahyba</i> plantadas na Fazenda Lageado, FCA/UNESP Botucatu, para os caracteres diâmetro do colo (2 e 7 meses), diâmetro à altura do peito (DAP) para (14 e 20 meses), em cm, e altura da planta (ALT), em m.....	30
Tabela 2- Parâmetros genéticos para % de sobrevivência nas progênies de guapuruvu com transformação de dados por Log (x+10).	32
Tabela 3- Correlações fenotípicas (r_f), acima da diagonal, e genéticas (r_g), abaixo da diagonal, entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP) e altura da planta (ALT), nas quatro idades de avaliação em progênies de polinização aberta de <i>Schizolobium parahyba</i> em Botucatu/SP.	33

RESUMO

O guapuruvu *Schizolobium parahyba* (Vell.) S. F. Blake é uma espécie pioneira de rápido crescimento da família Fabaceae (Leguminosae) de grande importância em projetos de restauração. Com o objetivo de verificar a variabilidade genética de progênies *Schizolobium parahyba* da região de Botucatu – SP foram estimados os parâmetros genéticos das características quantitativas de 10 locais. As mudas foram produzidas no viveiro do Departamento de Ciência Florestal – UNESP/Campus de Botucatu. O teste de progênies de polinização aberta foi instalado na Fazenda Experimental Lageado, UNESP/Campus de Botucatu e disposto no delineamento experimental em blocos casualizados com 60 progênies, três repetições, quatro plantas por parcelas lineares e em espaçamento 3 x 2 m. Os caracteres avaliados foram: diâmetro na altura do peito (DAP) e altura de plantas (H), em quatro idades: 2, 7, 14 e 20 meses, assim como a porcentagem de sobrevivência, aos 20 meses. Os dados foram analisados pelo *software* Selegen-REML-BLUP. Em média, as progênies de guapuruvu, aos 14 meses, atingiram 2,23 m de altura e 2,96 m aos 20 meses, com 6,0 e 7,5 cm de DAP, aos 14 e 20 meses, respectivamente. Os coeficientes de variação genética individual, variação genotípica entre progênies e variação relativa, mostraram uma variabilidade genética um pouco restrita e muito influenciada pelo ambiente, mesmo em condições onde os coeficientes de variação residual estão aceitáveis entre 12,8 e 21,1%, sendo um comportamento típico de caracteres altamente poligênicos, sugerindo o uso de seleção recorrente para a espécie. Os coeficientes de herdabilidade ao nível individual foram maiores para altura (0,32, 0,01, 0,25 e 0,39) em relação ao DAP (0,13, 0,01, 0,02 e 0,02)

aos 02, 07, 14 e 20 meses, respectivamente. Valores semelhantes foram encontrados para a herdabilidade aditiva dentro de parcelas. Resultados próximos foram obtidos para a herdabilidade ao nível de média de progênies, para altura (0,35, 0,01, 0,12 e 0,27) e DAP (0,14, 0,01, 0,02 e 0,03). Mesmo considerando altura, os coeficientes de herdabilidade não foram muito altos, no entanto, permitirá algum progresso na seleção se houver aumento do número de progênies e plantas dentro de progênies, permitindo um tamanho efetivo suficiente para seleções recorrentes em futuras gerações. Realizando-se uma seleção branda neste ensaio possibilitar-se-á abrir maior número de progênies na próxima geração. As correlações genótípicas no geral foram altas entre os caracteres altura de plantas e DAP, sendo que a maior correlação ocorreu aos 20 meses (0,82). A maior correlação genética entre os caracteres DAP e altura de plantas ocorreu entre as idades de 14 e 20 meses (0,93). As correlações genótípicas entre as idades de 2 e 20 meses não foram tão altas, tanto para a altura de plantas (0,56) como para DAP (0,52), mas mostram que, praticamente metade dos indivíduos mantém o mesmo desenvolvimento com o avanço da idade. As progênies estudadas, apesar de não mostrarem alta variabilidade genética, são potenciais para programas de melhoramento e conservação genética, sendo aconselhável o seu enriquecimento pela adição de novos materiais genéticos da espécie.

Palavras chave: *Schizolobium parahyba*, Teste de progênie, Parâmetros genéticos.

GENETIC VARIABILITY IN PROGENIES GUAPURUVU *Schizolobium parahyba* (Vell.) Blake. Botucatu, 2011. 45 p. Dissertation (Master Degree in Forestry Engineer / Forestry Science) – Faculty of Agronomic Science – São Paulo State University (UNESP).

Author: Fernanda Carolina Silva Chinelato

Adviser: Prof. Edson Seizo Mori

SUMMARY

Guapuruvu *Schizolobium parahyba* (Vell.) S.F. Blake is a species of rapid growth belonging to the Family Fabaceae (Leguminosae), highly important for restoration programs. Aiming to verify the genetic variability of *S. parahyba* progenies from Botucatu region, SP, Brazil, we estimate quantitative genetic parameters of 10 different provenances. Seedlings were done in nursery of Department of Forest Science (DCF) – São Paulo State University (UNESP) – Botucatu, São Paulo, Brazil. The open pollinated progeny trial was set up in Lageado Experimental Station of São Paulo State University (UNESP) - Botucatu through statistical design of randomized blocks, with 60 progenies, three replications, four plants per linear plots, and by 3 x 2 m of plant spacing. The studied traits were diameter of breast height (Dbh) and plant height (H) for four ages: 02, 07, 14, and 20 months old, and for plant survival we only studied by the 20 months old. Data were analyzed through Selegen-REML-BLUP software. In average, guapuruvu progenies by the 14 months old, reached 2.23 m of height and 2.96 m by the 20 months old, with 6.0 and 7.5 cm of Dbh, through 14 and 20 months old, respectively. Coefficients of individual genetic variation, genotypic variation among progenies, and relative variation have shown low genetic variability, and therefore, high environmental influence, even with coefficients of residual variation in acceptable levels from 12.8 to 21.1%. The presented coefficients are the typically occurrence by the polygenic traits, showing the necessity of use of recurrent selection in breeding programs. Heritability coefficients by the individual levels were higher for plant height (0.32, 0.01, 0.25, and 0.39) than Dbh (0.13, 0.01, 0.02, and 0.02) through the 02, 07, 14, and 20 months old, respectively. Similar values were found for additive heritability within progenies. Close results were obtained for heritability of average progenies for plant height (0.35, 0.01, 0.12, and 0.27) and Dbh (0.14, 0.01, 0.02, and 0.03). Even for plant height, coefficients of heritability did not presented high values,

therefore, will allow some genetic gains on selection procedure if there is a increase in the number of progenies and plants within progenies, allowing the effective number of population for recurrent selections in advanced generations. With a mild selection will be possible to open higher number of progenies by the next generation. In general, the genotypic correlations were high between plant height an Dbh traits, being that the best correlation occurred by the 20 months old (0.82). The best genetic correlation between plant height and Dbh traits occurred between 14 and 20 months old (0.93). The genotypic correlations between 2 and 20 months old were not high, even to plant height (0.56) as for Dbh (0.52), however showed that, practically half of individuals maintain the same development by the increase of ages. The studied progenies although did not show high genetic variability are potential for breeding programs and genetic conservation, being desirable to enrich the populations by the addition of new genetic material of species.

Keywords: *Schizolobium parahyba*, Progeny trial, Genetic parameters.

1- INTRODUÇÃO

A Mata Atlântica tem recebido certa atenção quanto aos estudos da estrutura genética de populações naturais de espécies arbóreas, geralmente selecionando-se essas espécies para estudos com base em suas características ecológicas (demografia, reprodução e sucessão), o que já tem possibilitado inferências sobre a comunidade de espécies arbóreas deste ecossistema. Certamente, essas informações podem ser úteis na proposição de modelos de restauração que incluam a diversidade genética nas populações das espécies (KAGEYAMA et al., 2001).

Em áreas de domínio de mata atlântica, pode-se afirmar que os pomares de sementes com finalidade de restauração ambiental e conservação genética da biodiversidade têm condições atender a necessidade do estabelecimento de florestas com maior diversidade e variabilidade, desde que bem planejados e implantados de maneira adequada.

Kageyama (2003) relata que umas das preocupações que deverá ser levada em conta é a qualidade genética das sementes, considerando o conceito de tamanho efetivo, uma vez que, o plantio de uma população a partir de uma ou de poucas árvores é o principal exemplo da redução genética causada pelo homem. O tamanho efetivo de uma população tem implicação na sua capacidade de manter a diversidade genética ao longo de mais gerações, sendo imprescindível para análise de sua viabilidade a médio e longo prazo.

A natureza genética do material introduzido pode influenciar profundamente o comportamento dos indivíduos, os quais podem afetar a dinâmica futura de toda a comunidade implantada.

No início dos estudos genético em florestas tropicais, devido à alta riqueza de espécies, a escolha daquelas prioritárias para pesquisa era completamente ao acaso, ou melhor, geralmente enfocando as espécies mais valiosas no momento. Somente com o avanço do conhecimento de aspectos básicos da biologia das espécies tropicais é que se constatou que a ecologia de populações estava intimamente associada com a genética de populações, revelando caminhos para o entendimento da estrutura genética das espécies arbóreas nativas tropicais (KAGEYAMA et al., 2003).

A organização da diversidade ou estrutura genética de populações vem de forma substancial ajudando no entendimento dos processos micro-evolutivos dentro das populações, principalmente ajudando na melhoria das estratégias de manejo, domesticação e conservação das espécies (CARTHEW, 1993).

O guapuruvu, *Schizolobium parahyba*, é uma espécie nativa considerada pioneira de crescimento rápido, e que ocorre principalmente na floresta ombrófila densa (floresta atlântica). Pertence à família Fabaceae (Leguminosae), também conhecido como: ficheira, pataqueira, guarapivu, pau-de-vintem, birosca e faveira. Distribui-se pelos estados da Bahia até Santa Catarina e o seu crescimento é favorecido em solos preferencialmente férteis, profundos e úmidos. Sua madeira é muito leve ($d=0,32\text{g/cm}^3$), com inúmeras utilidades, entre elas pode ser empregada em miolos de painéis e portas; medicina popular, pois sua casca possui propriedades terapêuticas; projetos de paisagismo e como planta apícola (LORENZI, 1992; CARVALHO, 1994). No Estado de São Paulo, tem ocorrência espontânea (NICOLINI, 1990; ORTEGA; ENGEL, 1992) e subespontânea na Floresta Estacional Semidecidual (MATTHES et al., 1998). Porém de acordo com Ramos et al. (2008) o guapuruvu é de floresta ombrófila densa, invasora em florestas estacionais.

O manejo de espécies florestais tropicais é de fundamental importância para que passemos a conhecer os processos de sustentabilidade de cada espécie (ALVES, 2002).

Em espécies arbóreas tropicais existe limitação física e isso não permite o cruzamento de todos com todos, havendo então uma maior probabilidade de

cruzamentos entre indivíduos próximos que levam ao aumento dos homozigotos inserindo a formação de grupos, estruturando a população (FUTUYMA, 1992).

Portanto, a análise da estrutura genética de populações também fornece subsídios para o entendimento da dinâmica micro-evolutiva das espécies, que tem sido úteis para conservação e melhoramento genético (HAMRICK, 1994), manejo de populações naturais de essências florestais e fragmentação florestal, visando determinar os impactos da intervenção antrópica na diversidade genética das espécies (SEBBENN et al., 2004).

Neste contexto os pomares de sementes têm, entre outras funções, a possibilidade de produzir sementes com alta variabilidade genética, ou seja, sementes de qualidade que possam compor projetos de recomposição e/ou restauração ambiental em florestas nativas e garantir, em partes, a perpetuação e reprodução destas espécies dentro dos sistemas de recuperação propostos.

A restauração de áreas degradadas deve ter o objetivo não só de resgatar uma representatividade das espécies que existia naquele ecossistema a ser reconstruído, mas também a diversidade genética dentro das populações destas espécies (KAGEYAMA; GANDARA, 2000).

Estudos em ecologia e genética em populações florestais tropicais são incipientes na literatura, em função da alta diversidade e complexidade de espécies, trazendo dificuldade desde as amostragens até as metodologias. Esse conhecimento é fundamental para entender as estruturas genéticas das populações para definir estratégias de conservação, melhoramento e manejo sustentável (KAGEYAMA, 2003).

A conservação genética *ex-situ* tem sido a primeira etapa para dar suporte a um programa de melhoramento, porém, acredita-se que a diversidade genética conservada nessas coleções esteja longe de representar verdadeiramente a existente de cada espécie (ALVES, 2002), por isso o estudo da diversidade genética de espécies como as arbóreas tropicais é de fundamental importância para o conhecimento das populações a serem submetidas a esse tipo de conservação.

A necessidade de recomposição e restauração ambiental não apenas no estado de São Paulo, assim como em todo país visando restaurar áreas florestais, comprova a necessidade de projetos como a implantação de pomares de sementes que possam atender as demandas de plantios com essências florestais nativas de qualidade principalmente para obtenção de sementes e produção de mudas florestais com qualidade e

variabilidade genética, que possam garantir sua perpetuação durante gerações. Portanto, pode-se considerar que a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos é de fundamental importância para orientar os futuros trabalhos de melhoramento, especialmente no caso de espécies arbóreas nativas.

A viabilidade genética das populações, principalmente de espécies arbóreas raras, sofre muito mais com os efeitos da fragmentação (SOUZA, 1997; KAGEYAMA et al., 1998), podendo ser consideradas referências para estudo e monitoramento genético.

O presente trabalho teve por objetivo estudar a variabilidade genética de progênies *Schizolobium parahyba* (Vell.) Blake, da região de Botucatu/SP, por meio de parâmetros genéticos quantitativos dos caracteres altura de plantas, DAP e sobrevivência em progênies de 10 locais, visando obter subsídios para programas de melhoramento e conservação genética da espécie.

2- REVISÃO DE LITERATURA

Entender as variações genéticas nas populações naturais, da infinidade de espécies da florestal tropical, é também de suma importância e exige uma estratégia para o estudo dessas espécies. Essa variação genética dentro das populações é a forma de assegurar que as espécies introduzidas na restauração tenham um mínimo de condições edafoclimáticas (KAGEYAMA et al., 2003).

A importância do conhecimento da diversidade genética entre e dentro de populações é dar suporte à conservação dos recursos genéticos. Estudos da estrutura intra-populacional de espécies arbóreas vêm demonstrando que a distribuição de alelos e genótipos não é aleatória dentro das populações, essa estrutura pode ser determinada por diversos fatores tais como, dispersão de pólen e sementes, habitat de distribuição e seleção micro-ambiental (HAMRICK, 1989). Isto porque a frequência alélica na próxima geração será efetivamente influenciada pelo número de indivíduos que trocaram alelos, principalmente em pequenas populações, e a taxa de homozigotos tenderá a crescer com a autofecundação, com os cruzamentos entre parentes, e entre indivíduos similares que ficaram eventualmente próximos em decorrência da dispersão de pólen e sementes a pequenas distâncias (ALVES, 2002). Pequenas populações isoladas de plantas e animais são mais suscetíveis ao decréscimo de variabilidade e fluxo gênico, causando uma redução da diversidade genética e aumentando as chances de extinção (KATTAN et al., 1994; CHRISTIANSEN; PITTER, 1997).

A fragmentação de um hábitat e sua conseqüente redução tem implicações para os processos ecológicos e resiliência das comunidades em se recuperar de perturbações tais como isolamento de populações, perda de diversidade genética e efeito de borda. Muitas espécies precisam de mais do que um hábitat fragmentado para obter sucesso em suas atividades vitais como reprodução, alimentação e outras. O isolamento dessas populações pode limitar a habilidade de indivíduos em colonizar novas áreas e até mesmo dificultar o processo de reprodução (GALETTI; PIZO, 1996; FONSECA, 2005).

Se referindo a Rodrigues e Gandolfi (1998), estes tratam especificamente de indicadores vegetais das áreas restauradas. Dentre os grupos citados, os principais indicadores de avaliação e monitoramento da floresta restaurada (quanto à forma e função) são: os aspectos fisionômicos (estratos, formas de vida, etc.); aspectos silvigenéticos (proporção de ecounidades, mosaico sucessional); aspectos reprodutivos de populações indicadoras (fluxo gênico, taxas de recrutamento, taxas de mortalidades, etc.) e diversidade. As pesquisas com indicadores populacionais estão apenas começando e seu uso ainda é muito restrito, apesar de estes serem os mais promissores para a avaliação e monitoramento de áreas naturais ou restauradas, pelo fato de melhor atenderem os requisitos citados anteriormente.

A investigação da prospecção genética de populações vegetais já vem sendo realizada em formações naturais, sendo assim pode-se considerar esse tipo de pesquisa muito promissora. Para áreas restauradas o que tem sido feito ainda é muito pouco para a definição de protocolos consensuais de avaliação e monitoramento das áreas implantadas, apesar da necessidade emergencial dessa definição para o aperfeiçoamento metodológico de novos investimentos na área, visando o sucesso ecológico, econômico e também social da atividade (RODRIGUES; GANDOLFI, 1996).

Se as espécies forem bem amostradas geneticamente para implantação na restauração, esse novo ecossistema construído pode servir como uma reserva genética. Esta seria uma metodologia intermediária entre a conservação *ex situ* e *in situ*. Essa forma pode ser denominada de “conservação *in situ* de restauração”. Sendo assim, essas populações implantadas podem ser uma fonte de boa qualidade genética para as ações de restauração (KAGEYAMA; GANDARA, 2000).

Dentre os parâmetros genéticos, aqueles que mais interessam ao melhorista e que são objetos de estudos em testes de progênies são: as variâncias genéticas, os coeficientes de variação, a herdabilidade no sentido amplo e restrito e o ganho genético

(ALLARD, 1971). Há poucas informações acerca do padrão de distribuição da variabilidade genética no nível das populações, ainda que existam variações genéticas nos níveis de suas estruturas espaciais e temporais (BAUR; SCHMID, 1996).

É necessário dizer que não há dificuldades em encontrar referências científicas com recomendações ideais para implantação de plantios de recomposição e recuperação florestal. Porém, o sucesso do estabelecimento e sua eficiência após alguns anos raramente é estudada se considerarmos não apenas os aspectos de sua fisionomia, mas também suas características genéticas como variabilidade, diversidade, fluxo gênico e migração.

Segundo Griffith (1987), a Conservação *in situ* de muitos recursos fitogenéticos depende da criação e da proteção adequada de reservas florestais. A conservação *in situ* e a *ex situ* são complementares e não substitutos. A precariedade mundial da conservação *in situ*, especialmente nas regiões tropicais, é caracterizada como um problema de bens públicos. Os projetos *ex situ* tem mais sucesso porque são caracterizados por produtos de bens privados ou mistos (tecnologias que envolvem pólen, sementes, plantas vivas e pomares, por exemplo).

2.1- Guapuruvu

A espécie estudada, conhecida popularmente como guapuruvu (*Schizolobium parahyba* Velloso S.F. Blake) na região sudeste, pertence à família Fabaceae (Leguminosae), a qual compreende árvores, arbustos, ervas e lianas, esta é considerada de importância econômica em diversas áreas, como silvicultura, agricultura, farmacêutica entre outras (FARIA et al., 1999). Na área agro-florestal uma característica importante das leguminosas é que essas aparecem na literatura como sendo recomendáveis para reflorestamentos destinados à recomposição de áreas degradadas, pois a presença dessas plantas favorece a conservação do solo, agregando nitrogênio e aumentando os índices de matéria orgânica qualificando-as como as principais espécies reguladoras dos solos degradados (CARVALHO, 1994). Pelo fato de possuir muito tanino, esta é bastante utilizada em curtumes. Suas flores fornecem pólen e néctar, com 29% de açúcar e mel fluído e perfumado. A espécie é indicada em reflorestamentos de recuperação ambiental e restauração de matas ciliares em locais livres de inundação, seus galhos servem de

nidificação para pássaros principalmente para o *Furnarius rufus*, conhecido popularmente como João de barro (CARVALHO, 2003).

Ainda segundo Carvalho (2005), esta espécie é descrita como semi-caducifólia, com 10 a 40 m de altura e 30 a 120 cm de DAP na idade adulta. Seu tronco é cilíndrico marcado por cicatrizes de afixação das folhas. Além de ocorrer na floresta primária, é comum na vegetação secundária, dominando as capoeiras altas e florestas secundárias, podendo formar agrupamentos densos em grandes clareiras florestais. Suas sementes são ortodoxas apresentando alto índice de germinação inicial de até 90%, estas ainda mantêm sua viabilidade integral por até 22 anos se armazenadas em câmara fria em temperatura de 3°C a 5°C e Umidade Relativa (UR) de 92%. Sua ocorrência natural no Brasil ocorre de acordo com a Figura 1.



Figura 1- Locais identificados como de ocorrência natural de *Schizolobium parahyba* no Brasil.

Fonte: Carvalho (2005).

Considerada nativa do Brasil, a espécie estudada neste trabalho também ocorre naturalmente na Bolívia, Paraguai, Venezuela, Equador, Panamá, Nicarágua, Honduras, Guatemala, El Salvador, Belize e México (MISSOURI BOTANICAL GARDEN, 2011).

2.2- Melhoramento genético florestal

Lins et al. (2001) afirmam que o melhoramento florestal centra-se na identificação e quantificação da variabilidade apresentada por caracteres de interesse, e sua utilização na manutenção da produtividade. Onde o melhoramento de uma população para uma dada característica é resultado do ganho de seleção, que depende do diferencial de seleção, que por sua vez é a diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Portanto, em processo de seleção, quanto maior for a intensidade de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, maior o progresso genético.

Dessa forma Zobel e Talbert (1984) definiram que os programas de melhoramento florestal consistem em: a) determinar as espécies ou fontes geográficas dentro de uma espécie, que possam ser usadas em uma dada área; b) determinar as causas, a quantidade e a natureza da variedade dentro de espécies; c) produzir árvores que reúnam as combinações de caracteres desejados; d) produzir maciçamente materiais melhorados para fins de reflorestamento; e e) desenvolver e manter uma população base, suficientemente adequada, para garantir progressos em gerações avançadas.

O êxito no melhoramento genético esta associado à capacidade de acerto na escolha dos melhores indivíduos que serão os genitores das próximas gerações. Sendo que uma das maneiras de identificar indivíduos portadores de genes desejáveis se faz com a avaliação genética dos candidatos a seleção. A seleção deve ser feita nos valores genéticos aditivos dos indivíduos que serão utilizados na recombinação e nos valores genotípicos dos indivíduos que serão clonados, sendo necessária a obtenção da estimativa da variância genética aditiva, para a reprodução sexuada, e também da variância não aditiva, para a reprodução assexuada (ROCHA et al., 2006).

A estratégia adotada de melhoramento no caso do *Eucalyptus grandis* baseia-se no conceito de multipopulações, que busca conciliar ganho genético e a manutenção da base genética da população, subsidiando os programas de melhoramentos nas gerações avançadas. Esses procedimentos têm apresentado ganhos de produtividade e

qualidade florestais, assim como, propiciando uma boa adaptação do germoplasma (LAVORANTI et al., 2002).

2.2.1 Testes de progênies

Segundo Kageyama (1980), a utilização dos ensaios de progênies, tanto a partir de sementes livre, quanto de cruzamentos controlados, representa um dos mais vantajosos mecanismos para o melhoramento florestal.

Segundo Weir (1977) as árvores objeto do melhoramento genético são selecionadas de acordo com sua aparência superior (possuem um fenótipo desejável). Porém, faz-se necessário saber se elas irão produzir os descendentes ou progênies desejáveis. A melhor maneira de avaliar o valor genotípico dos pais selecionados é cultivar sua progênie de forma que seja possível uma avaliação de seus valores como reprodutores (teste de progênie). Além da determinação do valor dos pais, o teste de progênie tem, em longo prazo, um uso de igual ou até mesmo de maior importância, que é seu emprego como fonte de material genético. O método para seleção consiste em separar os melhores indivíduos das melhores famílias e incluí-los nos pomares de segunda geração.

Dentre os esquemas para a geração de progênies mais utilizados em espécies florestais, Kageyama (1980) cita: testes de progênie clonal; progênies de polinização aberta; progênies obtidas por policruzamentos; delineamento I da Carolina do Norte; delineamento de testadores (delineamento II da Carolina do Norte); delineamento de cruzamentos dialélicos. O método mais utilizado em espécies florestais para se testar progênies, bem como para a obtenção de parâmetros genéticos, é o método de polinização aberta. Isso se justifica pela sua facilidade de instalação em relação aos ensaios de progênies que exigem polinização controlada. O mesmo autor ressaltou ainda que muitas vezes a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de populações é oriunda de ensaio de progênies, que tem como principal objetivo testar árvores mães para os programas de melhoramento.

Os ensaios específicos para a determinação de parâmetros genéticos têm sido pouco comuns em espécies florestais. Porém, informações básicas sobre componentes de variação genética entre e dentro de populações foram e vêm sendo conduzidas, tal como no trabalho de Shelbourne e Stonecypher (1971), no qual os autores

tomaram 280 árvores ao acaso de uma população e estudaram progênes de polinização livre, especificamente para a determinação de parâmetros genéticos.

Ditlevsen (1980) alertou para o fato de que alguns casos pode-se haver insegurança quanto à existência de parentesco entre sementes individuais. Enfatizou, ainda, que é possível também, a ocorrência de sementes autofecundadas e que, além disso, pode-se ter alguns dos descendentes que são irmãos completos.

Pelo volume de trabalhos de estimativa de parâmetros genéticos a partir de polinização aberta fica evidente que se trata da metodologia mais utilizada em espécies florestais apesar das desvantagens apresentadas.

2.2.2- Parâmetros genéticos

A obtenção de populações melhoradas que satisfaçam as exigências da produtividade florestal depende da capacidade de identificar genótipos desejados na população sob seleção. Grandes esforços vêm sendo realizados a fim de determinar parâmetros genéticos para as espécies florestais mais importantes, dada a impossibilidade de pensar no melhoramento florestal em curto prazo com a seleção recorrente sendo empregada por diversos ciclos e, também, ao desconhecimento sobre as respostas à seleção praticada para as diversas características (KAGEYAMA, 1980).

Os parâmetros genéticos que interessam ao melhorista, sendo freqüentemente visados nos estudos envolvendo progênes, se referem às variâncias genéticas em suas componentes aditivas e não-aditivas, ao coeficiente de herdabilidade tanto no sentido amplo como restrito, às interações dos efeitos genéticos e ambientais e, finalmente, às correlações genéticas entre características (ROBINSON; COCKERHAM, 1965).

Dentre os parâmetros genéticos a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes, logo, é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (FALCONER, 1981).

Dentre os parâmetros populacionais, a herdabilidade é o mais importante. Não é um parâmetro constante, pois as estimativas de herdabilidade variam em função do caráter, do método de estimação, da diversidade na população, do nível de endogamia da população, do tamanho da amostra avaliada, do número e tipo de ambientes

considerados, da unidade experimental considerada, da precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BOREM, 1998).

Moraes (2001) ao comentar sobre as variâncias coloca a herdabilidade como o quociente entre as variâncias genotípicas e fenotípicas, sendo que por meio dela pode-se medir a eficiência esperada da seleção no aproveitamento da variabilidade genética. Este coeficiente de herdabilidade pode representar um sentido amplo ou restrito, onde o sentido amplo expressa a proporção da variância genética em relação à variância fenotípica total observada; e o sentido restrito apresenta a quantidade relativa da variância genética que é utilizável no melhoramento.

Vencovsky (1969), explanando sobre as estimativas dos parâmetros genéticos, coloca que estes se prestam a obterem informações sobre o tipo de ação dos genes em caracteres quantitativos, a orientar sobre o esquema mais adequado de seleção a ser adotado e a estimar do progresso esperado na seleção.

A predição de valores genéticos exige a prévia estimação dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. De maneira genérica, a predição pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas (RESENDE, 1997a): a) Melhor Predição – BP (“Best Prediction”) - iguais quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, onde as médias e variâncias são conhecidas ou estimadas com exatidão; b) Melhor Predição Linear – BLP (“Best Linear Prediction”) - diferentes quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, com médias e variâncias conhecidas ou estimadas com precisão e c) Melhor Predição Linear Não Viciada - BLUP (“Best Linear Unbiased Prediction”)- diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, sendo a variância conhecida ou estimada com precisão e a média não conhecida.

Desta forma, o método BP utiliza os mesmos pesos (ponderadores das informações fenotípicas) para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam na utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção. Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético, por ciclo de seleção (RESENDE, 1997a; 1997b).

Para o método BLUP, a análise consiste, basicamente, na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associados às observações fenotípicas, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio de metodologia de modelos mistos. A predição de valores genéticos

usando o BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, entretanto, na prática não se conhecem os verdadeiros componentes de variância, que devem ser estimados com o procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971).

De acordo com Resende (2002a), a forma clássica de analisar dados de testes de progênie representados por modelos estatísticos, se dá através da Análise da Variância (ANOVA). Nessas análises de dados, os modelos que representam a variação nos caracteres, próprios para a estimação, podem indicar efeitos de natureza fixa (modelo I) ou aleatória (modelo II).

No caso de predição de efeitos aleatórios, como os valores genéticos aditivos dos indivíduos representando a progênie de meios-irmãos, a análise de dados pode ser feita por programas de seleção genética, como a proposta por Resende, Higa e Lavoranti (1994), que se baseia no método de índice de multi-efeitos, onde os componentes ou efeitos do modelo que explicam a variação são efeitos aleatórios, exceto para a média geral e o efeito de blocos.

Para Searle et al. (1992), embora muito úteis e eficientes no melhoramento de espécies anuais e perenes, em experimentos com dados balanceados, os modelos matemáticos tradicionais ajustados à ANOVA não são adequados à seleção genética para dados não balanceados sob qualquer delineamento com blocos, pois fornecem estimativas não exatas e tendenciosas das diferenças entre os tratamentos genéticos.

Por definição, modelos mistos, cujo método foi desenvolvido por Henderson (1973), contêm efeitos de natureza fixa e aleatória com dupla utilidade, ou seja, servem para estimar médias de blocos pelo Método dos Mínimos Quadrados Generalizados (GLS) e para predizer valores genéticos aditivos de indivíduos, nos testes de progênie de meios-irmãos. A importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML (“Restricted Maximum Likelihood”), nos modelos mistos, é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (SCHAEFFER, 1999).

Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (RESENDE, 2002a). Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, um instrumento

mais eficaz que o da avaliação, partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, segundo Kennedy e Sorensen (1988), na seleção de genitores, famílias e árvores, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE; ROSA-PEREZ, 1999).

No modelo misto, os blocos, ambientes e tempo (anos avaliados) são efeitos fixos, constantes, mas interferem na predição dos efeitos genéticos ou aleatórios, segundo Searle, Casella e McCulloch (1992), tendo a necessidade de ajuste dos efeitos fixos no modelo.

A seleção de indivíduos ou progênies de uma população pode ser fenotípica, quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos. Valores genéticos aditivos, como aqueles estimados nos testes de progênies de meios-irmãos, são efeitos aleatórios. Estes podem ser obtidos pelo procedimento BLUP, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo esta a razão da maior acuidade. Ao mesmo tempo, o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (RESENDE, 2002a).

Indiferente ao modelo de predição BLP ou BLUP, os valores genéticos aditivos, no caso de variáveis aleatórias de progênies de meios-irmãos, dependem de estimativas exatas dos componentes de variância que podem ser obtidas por meio do método dos mínimos quadrados ordinários e por meio do método da máxima verossimilhança restrita (SEARLE et al., 1992). Para isso, podem ser utilizados métodos computacionalmente de menor demanda, como o de desenvolvido por Henderson (1973), baseados no método dos mínimos quadrados. No entanto, esse difere da tradicional análise de variância, pela sua possibilidade de trabalhar com baixos níveis de dados não balanceados. Porém, nesse caso, os estimadores perdem algumas das propriedades desejáveis e são obtidos valores negativos de estimativas de componentes de variância, o que contraria a definição clássica de que variâncias são sempre positivas (SEARLE et al., 1992).

Diante disso, o uso de modelos mistos associados aos métodos iterativos, como os de máxima verossimilhança, é mais indicado (RESENDE; ROSA-PEREZ, 1999), os quais superam o aspecto negativo dos dados não balanceados.

Os métodos de máxima verossimilhança que interagem nas equações do modelo misto são o de Máxima Verossimilhança (ML) e o de Máxima Verossimilhança Restrita (REML), distintos pelos seguintes prismas: a) cronológico, do ML de Fisher para o REML de Patterson e Thompson (1971); b) do tendencioso (ML) para o não-tendencioso dos estimadores (REML) e c) da simplicidade (ML) para maiores demandas computacionais (REML).

O método REML possui propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados, para a estimação dos parâmetros genéticos com dados não balanceados (SEARLE et al., 1992). Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento florestal tem crescido expressivamente no exterior, como pode ser observado nos trabalhos de Dieters et al. (1995) e Dieters (1996); e, no Brasil, por Resende et al. (1996), Bueno Filho (1997), Resende e Rosa-Perez (1999), Resende et al. (2001), Mora (2002) e Duda (2003), dentre outros.

O Método de Máxima Verossimilhança Restrita é operacionalizado por algoritmos computacionais, sendo os mais utilizados o Livre de Derivação (DF) de Graser, Smith e Tier (1987) e o da Informação Média (AI) de Johnson e Thompson (1995).

O Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é, atualmente, o método padrão para a estimação dos componentes de variância, a partir de dados não balanceados em espécies perenes (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

Resende (2002a) fornece os estimadores para os componentes de variância associados aos modelos estatísticos para os delineamentos experimentais de blocos ao acaso, látice, linha e coluna, associadas aos vários delineamentos de cruzamentos (meios irmãos, dialélicos e outros).

Resende (2002b) reestruturou recentemente o programa computacional SELEGEN - Seleção Genética, elaborado pelo próprio autor e cooperadores (RESENDE et al. 1994), adequando-o para a análise de qualquer tipo de dado, pelo procedimento ótimo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não Viciada (BLUP), com aperfeiçoamentos contemplando cinquenta diferentes estruturas experimentais, inclusive testes de progênies e procedências em vários locais, com estudo de interação genótipo x ambiente.

A partir do surgimento dos modelos mistos ou BLUP individual, houve grande mudança na forma de estimação dos componentes de variância.

Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente com as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (RESENDE, 2002a).

O SELEGEN-REML/BLUP atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece (RESENDE, 2002b): a) valores genéticos aditivos preditos; b) valores genotípicos preditos; c) estimativas de componentes de variância; d) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; e) estimativas de ganhos genéticos; f) estimativas do tamanho efetivo populacional; g) estimativas da interação genótipo x ambiente e h) estimativas do valor genético de cruzamentos.

Outra vantagem, é que o SELEGEN-REML/BLUP abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para polinização aberta e controlada (progênies de meios irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (RESENDE, 2002b).

O programa emprega modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende et al. (1994) e Resende (1999b; 2000; 2002a), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais.

O SELEGEN-REML/BLUP tem sido utilizado com sucesso, em algumas espécies florestais, tais como acácia negra (MORA, 2002), pinus (DUDA, 2003), erva-mate (RESENDE et al., 2000), seringueira (RESENDE et al., 1996) e espécies frutíferas como a pupunheira (FARIAS NETO; RESENDE, 2001), cacau (RESENDE; DIAS, 2000), aceroleira (PAIVA et al., 2002), umbuzeiro (OLIVEIRA et al., 2004), cupuaçu (SOUZA et al., 2002), cafeeiro (RESENDE et al., 2001) e dendê.

Face às inúmeras vantagens do método REML, a estimação de parâmetros genéticos deve se basear no procedimento REML/BLUP sob modelo individual, para as espécies perenes, onde os dados são obtidos em nível de indivíduos, e para o caso de se ter informações sobre a genealogia da espécie (RESENDE, 2002a).

De acordo com Resende et al. (2000), as principais vantagens do procedimento REML/BLUP são: a) simultaneamente corrige os dados para os efeitos ambientais, estima os parâmetros genéticos e prediz os valores genéticos; b) permite comparar indivíduos através do tempo e espaço; c) produz resultados não viciados; d) maximiza a acurácia seletiva; e) maximiza o ganho genético e a eficiência dos programas de melhoramento; f) não exige balanceamento dos dados; g) permite utilizar simultaneamente um grande número de informações, gerando estimativas mais precisas; h) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes locais, diferentes gerações, diferentes idades, interação genótipos x ambientes, cruzamentos dialélicos e fatoriais, delineamentos em látice, etc) e i) permite a predição de efeitos de dominância.

Em experimento no qual foram considerados indivíduos de 245 progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* de 13 procedências do norte da Austrália e que teve como objetivo a avaliação genética de progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis*, Rocha et al.(2006) constataram a existência de variabilidade genética e possibilidade de ganhos por seleção nas características diâmetro à altura de peito (DAP), altura total (ALT) e volume individual (VOL). Os coeficientes de variação genética aditiva apresentaram valores maiores na característica volume (VOL), seguido do diâmetro à altura do peito (DAP), sendo similares nos dois procedimentos de avaliação (REML e ANOVA). Foram obtidas estimativas de herdabilidade individuais no sentido restrito na ordem de 0,22 para diâmetro à altura do peito (DAP), 0,28 altura total (ALT) e de 0,21 para volume individual (VOL), respectivamente.

A separação da variância genética da não genética (ambiental) é o principal objetivo de estudo da genética quantitativa. Dentre os parâmetros genéticos a variância genética aditiva é o componente mais importante, pois é a principal causa da semelhança entre parentes; logo é o principal indicador das propriedades genéticas observadas em uma população e sua resposta à seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

Desta maneira a implantação de pomares de sementes mostra grande potencial no desenvolvimento de estudos relacionados à conservação genética da biodiversidade. Também se pode considerar o fato de que o sucesso na implantação de pomares de espécies nativas pode trazer diversos benefícios como à conservação de algumas espécies vegetais em vias de extinção, assim como o fácil acesso a sementes com qualidade e variabilidade, consideradas adequadas aos viveiros florestais principalmente

com produção de mudas destinadas recuperação e/ou recomposição de áreas florestais degradadas.

3- MATERIAL E MÉTODOS

As mudas provenientes dos 10 locais de coleta (Quadro 1, página 25) foram produzidas no viveiro pertencente ao Departamento de Recursos Naturais/Ciências Florestais – UNESP/Campus de Botucatu (Figura 2).



Figura 2- Panorama geral do viveiro de produção das mudas.

O teste de progênies de *Schizolobium parahyba* foi implantado na Fazenda Experimental Lageado, UNESP/Campus de Botucatu e disposto no delineamento

experimental em blocos casualizados com 60 progênies, três repetições, quatro plantas por parcelas lineares e com um espaçamento 3 x 2 m (Figura 3).



Figura 3- Panorama geral espaçamento no teste de progênie de *Schizolobium parahyba*.

A implantação do teste no campo consistiu de um coveamento com as dimensões de 40 cm de largura e 60 cm de profundidade, adicionou-se esterco de coelho junto da cova (sendo uma pá de aproximadamente 1,5 L) e foram estaqueadas todas as repetições com as devidas identificações das 60 progênies. Aplicou-se o adubo NPK em cada cova e incorporou-o ao solo para assim realizar o plantio de todos os indivíduos.

O teste foi monitorado regularmente, havendo o controle de formigas cortadeiras por meio da aplicação manual de iscas formicidas. O controle de plantas daninhas foi realizado por meio de roçadeiras entre as linhas e manual nas linhas.

Os caracteres analisados foram: altura de plantas (cm), diâmetro da base do fuste (mm) e a sobrevivência das progênies, somente aos 20 meses, cujos dados foram transformados para $\log(x+10)$.

Quadro 1- Quantidade de progênies e suas procedências. Locais de coleta.

Número da Procedência	Local da Coleta	Nome da Procedência	Número de Progênies
1	Centro de Botucatu	Meneto Blasi	7
2	Rodovia Castelinho	Vila Real	10
3	Marechal Rondon Km 260 e Km 268	Chácara (loteamento) – Pasto	10
4	Lavapés e Vila Jardim	Chácara Veia	12
5	Jardim Planalto e Vila Nova	Monte Mor (loteamento)	10
6	Estrada Usina Indiana	Alto da Serra	16
7	-----	Brás de Assis	12
8	Parque Municipal - Jardim Paraíso	Chácara Marquesi e Biblioteca	17
9	Estrada de Pardinho	Also Brudin	2
10	-----	Fazenda Matão	3

O Quadro 2 apresenta a quantidade de indivíduos que foram instalados no teste de progênies e que foram analisados.

Quadro 2 - Quantidades de indivíduos instalados no teste.

Procedência	Progênie no Teste
1	2
2	9
3	2
4	9
5	9
6	15
7	5
8	6
9	2
10	1

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP), a partir dos dados dos caracteres estudados, empregando-se o programa genético-estatístico SELEGEM-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2002b). Para avaliação individual foi utilizado o modelo 93.

3.1- Análise de variância individual

3.1.1 Modelo 93: blocos ao acaso, progênie de meios-irmãos, varias plantas por parcela

A estrutura da análise de variância individual utilizada pelo programa computacional para obtenção das estimativas das variâncias, ao nível de média de parcelas, para as análises do experimento em delineamento em blocos casualizados.

Os dados foram analisados pelo software Selegen-REML-BLUP desenvolvido por Resende (2002b), utilizando o modelo: $y = Xr + Za + Wp + e$, onde y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (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. X , Z e

W são matrizes de incidência conhecidas, formadas por valores zero e um, as quais associam as incógnitas r , a e p ao vetor de dados y , respectivamente. A metodologia de modelos mistos permite estimar r pelo procedimento de quadrados mínimos generalizados e prever a e p pelo procedimento BLUP. Através de algoritmos EM realiza-se o procedimento REML ou método da máxima verossimilhança, onde as resoluções de matrizes geram estimativas de efeitos ajustados dos vetores calculados.

3.2 Correlações genéticas e fenotípicas

3.2.1 Modelo 102: correlações genéticas

Este modelo foi aplicado para obtenção das estimativas de correlações genéticas, e utilizou os arquivos de resultados já processados pelas análises individuais pelo modelo 93.

3.2.2 Modelo 105: correlações fenotípicas

Este modelo foi aplicado para obtenção das estimativas de correlações genéticas, e utilizou os arquivos de resultados já processados pelas análises individuais pelo modelo 93.

As variâncias estimadas foram:

$$\text{Variância Fenotípica } (\hat{\sigma}_f^2) = \hat{\sigma}_c^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_a^2$$

$$\text{Variância Aditiva } (\hat{\sigma}_a^2) = 4 \cdot \hat{\sigma}_p^2$$

Os coeficientes de variação estimados foram:

$$\text{Coeficiente de Variação Experimental } (CV_{\text{exp}}) = \frac{\sqrt{Q_{\text{Merro}}}}{\bar{X}} \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de Variação Genética aditiva individual } (CV_{gi}) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_f^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de Variação genotípica entre progênies } (CV_{gp}) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de Variação relativa } (CV_r) = \frac{CV_{sp}}{CV_{exp}} 100$$

A herdabilidade corresponde à proporção da variabilidade total, que é de natureza genética, indicando o grau de dificuldade para se melhorar determinado caráter através da seleção, definida como o quociente entre a variância genética e a variância total (VENCOVSKY, 1969; FALCONER, 1987).

O conhecimento genético da variabilidade fenotípica resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e de ambiente, é de grande importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para condução dos testes de rendimentos e número de repetições, e na predição de ganhos genéticos. Quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será selecionar genótipos de forma efetiva (BOREM; MIRANDA, 2005).

As herdabilidades foram estimadas através das seguintes fórmulas:

- Herdabilidade no sentido restrito (sementes): em nível de plantas $(\hat{h}^2) = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_f^2$
- Herdabilidade entre médias de famílias de meios-irmãos $(\hat{h}_m^2) = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_f^2$
- Herdabilidade dentro de famílias de meios irmãos $(\hat{h}_{ad}^2) = \frac{3}{4} \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_c^2$

4- RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas da variabilidade genética para os caracteres DAP e altura de plantas para as quatro idades do experimento estão apresentadas nas Tabelas 4.

Com base nos resultados de variação genética, as progênies foram analisadas como uma população. Em média, as progênies de guapuruvu, aos 14 meses atingiram 2,23 m de altura e 2,96 m aos 20 meses, com 6,0 e 7,5 cm de DAP, aos 14 e 20 meses, respectivamente. Os coeficientes de variação genética individual, genotípica entre progênies e variação relativa, mostraram uma variabilidade genética um pouco restrita e muito influenciada pelo ambiente, mesmo em condições onde os coeficientes de variação residual estão aceitáveis entre 12,8 e 21,1%, sendo um comportamento típico de caracteres altamente poligênicos, sugerindo o uso de seleção recorrente para a espécie.

Na Tabela 1, os coeficientes de herdabilidade ao nível individual foram maiores para altura (0,32, 0,01, 0,25 e 0,39) em relação ao DAP (0,13, 0,01, 0,02 e 0,02) aos 02, 07, 14 e 20 meses respectivamente, sendo que valores semelhantes foram encontrados para herdabilidade aditiva dentro de parcelas. Resultados próximos foram obtidos para herdabilidade ao nível de média de progênies para altura (0,35, 0,01, 0,20 e 0,27) e DAP (0,14, 0,01, 0,02 e 0,03). Mesmo para altura o coeficiente de herdabilidade não foi muito alto, mas permite certo progresso na seleção aumentando-se o número de progênies e plantas dentro de progênies, permitindo assim um tamanho efetivo suficiente para uma seleção recorrente em futuras gerações, realizando-se uma seleção branda neste ensaio possibilitando abrir maior número de progênies na próxima geração. Comparando

com os resultados de eucalipto, os coeficientes de herdabilidade para altura são baixos tanto para progênies como para indivíduos dentro de progênies e principalmente para o DAP (MORAES, 1987; PIRES, 1996; SAMPAIO et al., 2002; GARCIA; NOGUEIRA, 2005).

Tabela 1- Parâmetros genéticos de progênies de polinização aberta de *Schizolobium parahyba* plantadas na Fazenda Lageado, FCA/UNESP Botucatu, para os caracteres diâmetro do colo (2 e 7 meses), diâmetro à altura do peito (DAP) para (14 e 20 meses), em cm, e altura da planta (ALT), em m.

Idade	2 meses		7 meses		14 meses		20 meses	
	Diâmetro do colo	ALT	Diâmetro do colo	ALT	DAP	ALT	DAP	ALT
Herdabilidade individual ajustada (\hat{h}_a^2)	0,129	0,318	0,006	0,012	0,021	0,247	0,024	0,39
Herdabilidade média de progênies (\hat{h}_m^2)	0,145	0,354	0,008	0,012	0,025	0,199	0,026	0,272
Herdabilidade aditiva dentro de parcela (\hat{h}_{ad}^2)	0,1	0,26	0,005	0,009	0,016	0,198	0,018	0,324
Coefficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$)	10,09	10,97	2,02	2,26	3,13	11,72	3,04	13,81
Coefficiente de variação genotípica entre progênies ($CV_{gp}\%$)	5,05	5,48	1,01	1,13	1,57	5,86	1,52	6,9
Coefficiente de variação residual ($CV_e\%$)	21,15	12,83	19,25	18,02	16,97	20,35	16,12	19,55
Coefficiente de variação relativa (CVr)	0,24	0,43	0,05	0,06	0,09	0,29	0,09	0,35
Média geral	1,88	0,74	4,01	1,1	6	2,23	7,5	2,96

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade dentro de progênies foram de moderadas a baixas para os caracteres avaliados, variando de 0,100 a 0,005 para diâmetro do colo, de 0,016 a 0,018 para DAP e de 0,009 a 0,324 para altura de plantas entre as idades de dois a 20 meses. As estimativas de herdabilidade mostraram que em idades precoces, no caso com menos de 2 anos, o ambiente ainda tem uma influência grande no crescimento das plantas e o potencial genético ainda não está se expressando na sua totalidade. Com a competição sendo instalada no estande de plantio, as estimativas devem se estabilizar (FALCONER; MACKEY, 1996).

Todos os parâmetros genéticos variaram com as diferentes idades estudadas para o caráter DAP. O coeficiente de herdabilidade média aos 20 meses de idade foi baixo apresentando um valor de 0,03. As herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas individuais foi de 0,02 e a dentro foi de 0,02, valores muito diferentes aos apresentados por Kageyama (1980) estudando eucaliptos.

O coeficiente de variação genética ao nível de plantas foi moderado 3,04% para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP) e alto para altura (ALT) 13,81%. O coeficiente de variação experimental foi de 16,12%, mostrando para experimentos de campo, um erro dentro dos limites aceitáveis. Resultados estes que não estão de acordo com o estudo realizado por Freitas et al. (2008), onde estudando a variação genética para os caracteres quantitativos crescimento, sobrevivência e forma do fuste em progênies de *Galesia integrifolia*, procedente de Alvorada do Sul (PR), na Estação Experimental de Luiz Antônio (SP), aos 20 anos de idade, encontraram coeficientes de variação genética relativamente altos para os caracteres DAP (6,75%) e volume (7,70%), moderado para altura (3,47%) e baixo para forma do tronco (1,41%) e sobrevivência (0,54%).

A baixa herdabilidade média entre progênies observada para sobrevivência evidência um baixo controle genético dessa característica na população. Isto pode estar indicando que a espécie tem uma baixa taxa de endogamia, autofecundação ou cruzamento entre parentes e pode indicar que as árvores matrizes que deram origem às sementes utilizadas neste ensaio apresentam baixa carga genética, em termos de alelos letais (Tabela 2).

Tabela 2- Parâmetros genéticos para % de sobrevivência nas progênes de guapuruvu com transformação de dados por Log (x+10).

Parâmetro	Valor
Herdabilidade de parcelas no sentido restrito (\hat{h}_a^2)	0,01 ± 0,02
Herdabilidade da média de genótipo (\hat{h}_m^2)	0,03
Coefficiente de variação genética aditiva individual (CV _{gi} %)	0,85
Coefficiente de variação residual (CV _e %)	8,07
Coefficiente de variação relativa (CVr)	0,10
Média geral Log (x+10)	1,944692
Média geral sem transformação	88,04 %

Foram obtidas também as correlações fenotípicas e genéticas entre altura e DAP e entre as idades de medição (Tabela 3), observando-se boas correlações fenotípicas que variam de 0,47 entre DAP aos dois meses e altura aos sete meses até 0,90 entre as alturas aos 14 meses e 20 meses. As melhores correlações estão entre medidas realizadas aos 14 e 20 meses.

As correlações genéticas mostraram tendências semelhantes mostrando que valores entre 14 e 20 meses dentro do caráter DAP (0,88) e da altura (0,93) são os melhores valores sendo, enquanto que o caráter DAP está bem correlacionado com altura aos 20 meses (0,82) e um pouco menos aos 14 meses (0,79), podendo apresentar resposta correlacionada com a seleção no caráter altura, uma vez que a herdabilidade de DAP está muito baixa. A correlação entre os crescimentos primários e secundários de uma planta normalmente é alta, mostrando que genes que governam os caracteres de crescimento de uma planta, em sua grande maioria, são os mesmos.

Apesar de o ambiente influenciar muito, no crescimento, nas idades iniciais do guapuruvu, as correlações genéticas entre dois e 20 meses foram razoáveis, com correlação de 0,52 entre diâmetro do colo e DAP e 0,56 para altura de plantas. Mesmo com apenas dois meses, praticamente metade das melhores plantas continuaram com os melhores crescimentos, aos 20 meses. Os resultados são apenas iniciais, no entanto, tem mostrado que as plantas inicialmente vigorosas nos plantios têm grande probabilidade de continuarem sendo as que terão o melhor desenvolvimento no futuro. Como as espécies nativas crescem mais lentamente, este parâmetro genético pode auxiliar no desenvolvimento mais rápido de um possível programa de melhoramento genético com a espécie.

Tabela 3- Correlações fenotípicas (r_f), acima da diagonal, e genéticas (r_g), abaixo da diagonal, entre os caracteres diâmetro à altura do peito (DAP) e altura da planta (ALT), nas quatro idades de avaliação em progênies de polinização aberta de *Schizolobium parahyba* em Botucatu/SP.

Variável	2 meses		7 meses		14 meses		20 meses		
	Diâmetro do colo	Altura	Diâmetro do colo	Altura	DAP	Altura	DAP	Altura	
2 meses	DAP	-	0,77	0,59	0,47	0,64	0,54	0,59	0,47
	Altura	0,74	-	0,49	0,53	0,59	0,57	0,53	0,48
7 meses	DAP	0,64	0,5	-	0,8	0,63	0,56	0,57	0,49
	Altura	0,5	0,61	0,76	-	0,58	0,59	0,55	0,55
14 meses	DAP	0,54	0,52	0,58	0,54	-	0,85	0,9	0,75
	Altura	0,45	0,61	0,51	0,65	0,79	-	0,84	0,9
20 meses	DAP	0,52	0,52	0,6	0,6	0,88	0,79	-	0,86
	Altura	0,45	0,56	0,52	0,7	0,68	0,93	0,82	-

Correlações fenotípicas e genéticas foram obtidas por Sampaio et al. (2002) para *Pinus oocarpa* e *Araucaria angustifolia* (SEBBEN et al., 2004), e mostram que o caráter DAP tem o mesmo comportamento em diversas espécies arbóreas de diversos gêneros e os dados obtidos estão em concordância com o que é observado na literatura.

O *S. parahyba* ainda não tem sido cultivado para produção de madeira, no entanto, o paricá *S. amazonicum* (ROCHA et al., 2009) tem sido extensivamente plantado para produção de madeira para laminado na região norte do país.

O guapuruvu é importante para os programas de restauração de fragmentos florestais e um programa conservação de germoplasma bem planejado pode auxiliar para este fim. Possivelmente, a adição de novos genótipos oriundos de outras regiões possa enriquecer o banco de germoplasma que será implantado com os genótipos do teste de progênies estudado.

5- CONCLUSÃO

Os resultados permitem concluir os seguintes:

a) Existe variabilidade genética nas procedências estudadas, no entanto, os valores encontrados foram baixos, para altura de plantas, DAP e sobrevivência, mostrando que as procedências estudadas são geneticamente pouco variáveis.

b) Os coeficientes de herdabilidade, tanto para altura como para DAP, variaram com a idade. Os baixos valores de herdabilidade mostram haver grande influência ambiental nos caracteres estudados.

c) As correlações genótípicas no geral foram altas entre os caracteres altura de plantas e DAP, sendo que a maior correlação ocorreu aos 20 meses (0,82).

d) As correlações genótípicas entre as idades de 2 e 20 meses não foram tão altas, tanto para a altura de plantas (0,56) como para DAP (0,52), mas mostram que, praticamente metade dos indivíduos mantém o mesmo desenvolvimento com o avanço da idade.

6- REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético de plantas**. Rio de Janeiro: Edgard Blücher, 1971. 381 p.

ALVES, R.M. **Caracterização genética de populações de capuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Willd. Ex. Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômico**. 2002. 146 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

BAUR, B.; SCHMID, B. Spatial and temporal patterns of genetic diversity within species. In: GASTON, K.J. (Ed.). **Biodiversity: a biology of numbers and difference**. Oxford: Blackwell Science, 1996. p. 169-201.

BOREM, A. **Melhoramento de plantas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1998. 453 p.

BOREM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.

BUENO FILHO, J.S.S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

CARTHEW, S.M. Population genetic structure of *Banksia spinulosa*. **Heredity**, London, v.70, n.6, p. 566-573, 1993.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies Arbóreas Brasileiras**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica; Curitiba: EMBRAPA Florestas, 2003. 1039 p. v. 1 (Coleção Espécies Arbóreas Brasileiras).

CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: Recomendações silviculturais, potencialidades e uso da Madeira**. Brasília: EMBRAPA, 1994. 407 p.

CARVALHO, P.E.R. **Guapuruvu**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2005. 10 p. (Circular Técnica 104).

CHRISTIANSEN, M.B.; PITTER, E. Species loss in a forest bird community near Lagoa Santa in Southeastern Brazil. **Biological Conservation**, Essex, v. 80, p. 23-32, 1997.

DIETERS, M.J.J. Genetic parameters for slash pine (*Pinus elliottii*) growth in southeast Queensland, Australia: growth, stem straightness and crown defects. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 3, n.1, p. 27-36, 1996.

DIETERS, M.J.J.; WHITE, T.L.; HODGE, G.R. Genetic parameter estimates for volume from full-sib tests of slash pine (*Pinus elliottii*). **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 25, p. 1397-1408, 1995.

DITLEVSEN, B. Interpretación estadística de los resultados de ensayos. In: **Mejora genética de árboles forestales: Informe sobre el curso de capacitación sobre la mejora genética de arboles forestales**. Roma: FAO - DANIDA, 1980. p. 118-40.

DUDA, L.L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná**. 2003. 50 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2003.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV; Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Longman, 1981. 340 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Essex: Longman Group, 1996. 464p.

FARIA, S.M.; LEWIS, G.P.; SPRENT, J.I.; SUTHERLAND, J.M. Occurrence of nodulation in the leguminosae. **New Phytologist**, Oxford, v. 111, p. 607-619, 1999.

FARIAS NETO, J.T. de; RESENDE, M.D.V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FONSECA, R.C.B. **Espécies-chave em um fragmento de floresta estacional semidecidual**. 2005. 69 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2005.

FREITAS, M.L.M.; SEBBENN, A.M.; ZANATTO, A.C.S.; MORAES, E.; MOARES, M. A. Variação genética para caracteres quantitativos em população de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 165-173, 2008.

FUTUYMA, D.J. **Biologia Evolutiva**. 2. ed. Ribeirao Preto: SBG, 1992. 643 p.

GALETTI, M.; PIZO, M.A. Fruit eating by birds in forest fragment in southeastern Brazil. **Ararajuba**, São Paulo, v.2, n. 4, p.71-79, 1996.

GARCIA, C.H.; NOGUEIRA, M.C.S.N. Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n.68, p.107-112, 2005.

GRASER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B.A. A derivative free approach for estimating variance components in models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.

GRIFFITH, J.J. Economia da conservação *in situ* de recursos genéticos florestais. **Revista IPEF**, Piracicaba, n. 35, p.85-92, 1987.

HAMRICK, J.L. Isozymes and analysis of genetic structure in plants populations. In: SOLTIS, D.E.; SOLTIS, P.S. (Ed.). **Isozyme and analysis of genetic structure in plant populations**. London: Chapman and Hall, 1989. p. 335-348.

HAMRICK, J.L. Plant population genetics and evolution. **American Journal of Botany**, Columbus, v.81,n.9, p.1104-1111, 1994.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: _____. **Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of J. Lush**. Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

JOHNSON, D.L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average informatin. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 78, p. 449-456, 1995.

KAGEYAMA, P. Y. Reflexos e potenciais da resolução SMA-21 de 21/11/2001 na conservação da biodiversidade específica e genética. In: SEMINÁRIO TEMÁTICO SOBRE RECUPERAÇÃO DE ÁREAS DEGRADADAS: AVANÇOS OBTIDOS E PERSPECTIVAS FUTURAS. 2003, São Paulo. **Anais...** São Paulo, 2003. p. 7-12.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; OLIVEIRA, R.E. Biodiversidade e restauração da Floresta Tropical. In: KAGEYAMA, P.Y; OLIVEIRA, R.E; MORAES, L.F.D; ENGEL,

V.L; GANDARA, F.B. **Restauração Ecológica de Ecossistemas Naturais**. Botucatu: FEPAF, 2003. p. 29-46.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; SOUZA, L.M.I. Conseqüências genéticas da fragmentação sobre populações de espécies arbóreas. **Serie Técnica IPEF**, Piracicaba, v.12, n. 32, p.65-70, dez.1998.

KAGEYAMA, P.Y.; GANDARA, F.B.; VENCOVSKY, R. Conservação *in situ* de espécies arbóreas tropicais. In: Nass, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT. 2001. Cap. 7, p. 149-158.

KAGEYAMA, P.Y.; SEBBENN, A.M.; RIBAS, L.A.; GANDARA, F.B.; CASTELLEN, M.; PERECIM, M.B.; VENCOVSKY, R. Diversidade genética em espécies arbóreas tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v.64, p.93-107, 2003.

KAGEYAMA, P.Y; GANDARA, F.B. Revegetação de Áreas Ciliares. In: RODRIGUES, R.R.; LEITÃO FILHO, H.F. **Matas Ciliares: conservação e recuperação**. São Paulo: USP - Fapesp, 2000.

KATTAN, G.H; ALVARO-LOPEZ, H.; GIRALDO, M. Forest Fragmentation and bird extinction: San Antonio eight years later. **Conservation Biology**, Boston, v. 8, n. 1, p. 138-146, 1994.

KAWAGUICI, C.B., KAGEYAMA, P.Y. Diversidade genética de três grupos de indivíduos (adultos, jovens e plântulas) de *Calophyllum brasiliense* em uma população de mata de galeria. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n. 59, p. 131-143, 2001.

KENNEDY, B.W.; SORENSEN, D.A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and nonselected populations. In: WEIR, B. et al. (Ed.). **Second International Conference on Quantitative Genetics**. 1988, Raleigh. **Proceedings...** Raleigh: North Carolina State University, 1988. p. 47-56.

LAVORANTI, O.J.; DIAS, C.T.S.; VENCOVSKY, R. Estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de progênies de *Eucalyptus grandis* via metodologia AMMI. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 44, p. 107-124, 2002.

LINS, V.S.; MORAES, M.L.T.; SILVA, A.M. Variações e ganhos genéticos em progênies de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 180-186, 2001.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras**: Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Plantarum, v.1. 1992. 352 p.

MATTHES, L.A.F.; LEITÃO FILHO, H.F.; MARTINS, F.R. Bosque dos Jequitibás (Campinas, SP): composição florística e estrutura fitossociológica do estrato arbóreo. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BOTÂNICA DE SÃO PAULO, 5., 1987, Botucatu. **Anais...** São Paulo: Sociedade Botânica de São Paulo, 1988. p. 55-76.

MISSOURI BOTANICAL GARDEN. **Boletim Técnico do Instituto Agrônomo do Norte**. Tropicos.org. Saint Louis, Missouri. Disponível em: <<http://www.tropicos.org/Publication/860>>. Acesso em: 18 jul. 2011.

MORA, A.L. **Aumento da produção de sementes geneticamente melhoradas de *Acacia mearnsii* De Wild. (Acácia-negra) no Rio Grande do Sul**. 2002. 140 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2002.

MORAES, M.L.T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 115 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1987.

MORAES, M.L.T. **Variação genética e aplicação da análise multivariada em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *hondurensis* Barret e Golfari**. 2001. 124 f. Tese (Livre

Docência) - Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, Ilha Solteira, 2001.

MORAES, P.L.R.; MONTEIRO, R.; VENCOVSKY, R. Conservação genética de população de *Cryptocarya moschata* Ness (Lauraceae) na Mata Atlântica do estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v.22, n.2, p. 237-248, 1999.

NICOLINI, E.M. **Composição florística e estrutura fitossociológica do estrato arbóreo em mata mesófila semidecídua no Município de Jahu, SP**. 1990. 179 f. Dissertação (Mestrado em Biologia Vegetal) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, 1990.

OLIVEIRA, V.R.; RESENDE, M.D.V.; NASCIMENTO, C.E.S.; DRUMOND, M.A.; SANTOS, C.A.F. Variabilidade genética de procedências e progênes de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n.1, p. 53-56, 2004.

ORTEGA, V.R.; ENGEL, V.L. Conservação da biodiversidade em remanescentes de Mata Atlântica na região de Botucatu-SP. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 4, n. 3, p. 839-852, Edição dos Anais do 2º Congresso Nacional sobre Essências Nativas, 1992.

PAIVA, R.; RESENDE, M.D.V.; CORDEIRO, E.R. Índice multi-efeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p. 381-388, jun. 2002.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.

PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus* spp.** 1996. 116 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1996.

RAMOS, V.S.; DURIGAN, G.; FRANCO, G.A.D.C.; SIQUEIRA, M.F.; RODRIGUES, R.R. **Árvores da floresta estacional semidecidual: guia de identificação espécies**. São Paulo: EDUSP, 2008. 320 p.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Documentos 47).

RESENDE, M.D.V. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1997a. p. 20-46.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 975 p.

RESENDE, M.D.V. Melhoramento genético de essências florestais. In: SANTOS, J.B. **Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas**. Universidade Federal de Lavras, 1997b, p. 59-93.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Documentos 77).

RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S. Aplicação de metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R.; LAVORANTI, O.J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de Eucalyptus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 57-71, 1994.

RESENDE, M.D.V.; JUNIOR, E.F.; MORAES, M.L.T.; FAZUOLI, L.C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M.D.V.; MORAES, M.L.T.; PAIVA, J.R. Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira. **Floresta**. Curitiba, v. 26, n. 1/2, p.25-47, 1996.

RESENDE, M.D.V.; OLIVEIRA, E.B.; MELINSKI, L.C.; GOULART JUNIOR, F.S.; OAIDA, G.R.P. **Seleção Genética Computadorizada – SELEGEN “Best predicion”**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA; CNPF, 1994. 31 p.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 32/33, p. 3-22, 1996.

RESENDE, M.D.V.; ROSA-PEREZ, J.R.H. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal (BLUP) em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v. 4, n. 1, p. 17-30, 1999.

RESENDE, M.D.V.; STURION, J.C.; CARVALHO, A.P.; SIMEÃO, R.M.; FERNANDES, J.S.C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênes, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 66 p. (Circular Técnica 43).

ROBINSON, H.F.; COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latino Americana**, Caracas, v. 2, p. 23-38, 1965.

ROCHA, M.G.B.; PIRES, I.E.; ROCHA, R.B.; CRUZ, C.D. Avaliação genética de progênes de meio-irmãos de *Eucalyptus grandis* por meio dos procedimentos REML/BLUP e da ANOVA. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 71, p. 99-107, 2006.

ROCHA, R. B.; VIEIRA, A. H.; GAMA, M. M. B.; ROSSI, L. M. B. Avaliação genética de procedências de bandarria (*Schizolobium amazonicum*) utilizando REML/BLUP (Máxima verossimilhança restrita/Melhor previsão linear não viciada). **Scientia Forestalis**, Piracicaba, n. 84, p. 351-358, dez. 2009.

RODRIGUES, R.R.; GANDOLFI, S. Recomposição de florestas nativas: princípios gerais e subsídios para uma definição metodológica. **Revista Brasileira de Horticultura Ornamental**, Campinas, v. 2, n.1, p. 4-15. 1996.

RODRIGUES, R.R.; GANDOLFI, S. Restauração de florestas tropicais: subsídios para uma definição metodológica e indicadores de avaliação e monitoramento. In: DIAS, L.E.; Mello, J.W.V. (Ed.). **Recuperação de Áreas Degradadas**, Viçosa: UFV - SOBRADE, 1998. p. 203-215.

SAMPAIO, P.T.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus oocarpa* Schiede. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.5, p.625-636, 2002.

SCHAEFFER, L.R. **Linear Models**. 1999. p. 1-8. Disponível em: <<http://aps.uoguelph.ca/~Irs/animalz/lesson8/>>. Acesso em: 06 jun. 2009.

SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SEBBENN, A.M.; KAGEYAMA, P.Y.; VENCOVSKY, R. Variabilidade genética, sistema reprodutivo e estrutura genética especial em *Genipa americana* L. através de marcadores de isoenzímicos. **Scientia Florestalis**, Piracicaba, n.53, p.15-30, jun. 1998.

SEBBENN, A.M.; PONTINHA, A.A.S.; FREITAS, S.A.; FREITAS, J.A. Variação genética em cinco procedências de *Araucaria angustifolia* (Bert.) O.Ktze. no sul do estado de São Paulo. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 16, n 2, p. 91-99, 2004.

SHELBOURNE, C.J.A.; STONECYPHER, R.M. The inheritance of bole straightness in young loblolly pine. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 12, 151-6, 1971.

SOUZA, A.G.C.; RESENDE, M.D.V.; SOUZA, N.R. The cupuaçu genetic improvement of Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, n.3, p. 471-478, 2002.

SOUZA, L.M.F.I. **Estrutura genética das populações naturais de *Chorisia speciosa* em fragmentos florestais na região de Bauru (SP) – Brasil**. 1997, 84 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Florestais) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. (Org.). **Melhoramento e Genética**, São Paulo: Melhoramentos, 1969. p.17-28.

WEIR, R.J. Progeny testing. In: **Tree improvement short course**. Raleigh: North Carolina State University. Industry Cooperative Program, School of Forest Resources, 1977. p. 102-103.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York: John Wiley & Sons, 1984. 496 p.