

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**VARIABILIDADE E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS
VIA MODELOS MISTOS EM CANAFÍSTULA**

LARA ENDRES DA SILVA

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL

2015

VARIABILIDADE E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
CANAFÍSTULA

por

Lara Endres da Silva

Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de
MESTRE em AGRONOMIA.

Aprovada em:



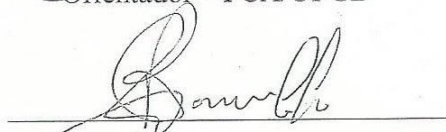
Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves

Orientador – FCA/UFGD



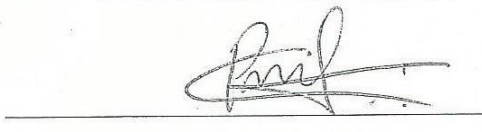
Prof^ª. Dr^ª. Livia Maria Chamma Davide

Co-orientadora - FCA/UFGD



Prof. Dr. Rafael Peloso de Carvalho

IFMS



Dr. Carlos Lásaro Pereira de Melo

Embrapa

**VARIABILIDADE E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA
MODELOS MISTOS EM CANAFÍSTULA**

LARA ENDRES DA SILVA

ORIENTADOR Dr. MANOEL CARLOS GONÇALVES

CO-ORIENTADORA Prof^a. Dr^a. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE

Dissertação apresentada à Universidade Federal da Grande Dourados, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Produção Vegetal, para obtenção do título de Mestre.

Dourados

Mato Grosso do Sul

2015

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

S586v	Silva, Lara Endres da. Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula. / Lara Endres da Silva. – Dourados, MS : UFGD, 2015. 54f. Orientador: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados. 1. Teste de progênie e procedência. 2. <i>Peltophorum dubium</i> . 3. REML/BLUP. I. Título. CDD – 575.1
-------	---

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central – UFGD.

©Todos os direitos reservados. Permitido a publicação parcial desde que citada a fonte.

Dedico

À minha família, meus amigos, e todos aqueles que torceram por mim.

“Ter sucesso é falhar repetidamente, mas sem perder o entusiasmo”

Winston Churchill

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pela sabedoria e discernimento concedidos a mim, pela força para continuar e nunca desistir, pela fé que Ele aumenta a cada dia.

Aos meus pais, por toda confiança que sempre depositaram em mim e por tudo que fizeram por mim ao longo dos anos, por todas as coisas que deixaram de lado para que minha criação e educação fosse priorizada. Em especial à minha amada mãe Marli, companheira compreensiva e motivadora, que foi a primeira a me moldar e me introduzir ao mundo do conhecimento, por ser meu exemplo, minha luz. Essa conquista é para vocês.

Ao meu irmão Gino, por todos os momentos de descontração, alegria e cumplicidade que tivemos, e à minha irmã Silviane, que mesmo longe se faz presente, a qual sempre vou ter um carinho imenso e gratidão pelos cuidados que teve comigo quando eu não passava de uma criança.

A cada membro da minha família, sobrinhos, tios, primas, que me apoiaram sempre.

Aos meus amigos da graduação, exemplos de profissionais e companheiros nas horas difíceis e alegres: Danielly, Suellen, Carla, Luiz Augusto e Nicholas. Tenho orgulho de conhecer pessoas maravilhosas como vocês.

Às minhas amigas Valeska, Danielly, Beatriz e Thays, agradeço por toda compreensão, todo apoio, toda palavra de carinho e de incentivo ao longo desse tempo. A companhia de vocês sempre me deu forças, animou e coloriu os meus dias. Agradeço por todo incentivo que vocês sempre me deram, toda força para continuar, por terem paciência ao me ouvir falar sobre as dificuldades e por sempre se preocuparem.

À professora Dr^a. Livia Maria Chamma Davide e professor Dr. Manoel Carlos Gonçalves, por todo conhecimento compartilhado, pela dedicação e orientação.

À Dr^a. Ananda Aguiar e ao aluno Max Pagliarini, pela disponibilidade e paciência.

Aos membros convidados para as bancas de qualificação e defesa: Dr. Leonardo Seno, Dr^a. Liliam Silvia Cândido, Dr. Carlos Lásaro e Dr. Rafael de Carvalho, por todas as sugestões e ensinamentos.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa concedida.

À Universidade Federal da Grande Dourados, bem como a todos os docentes da pós-graduação em Agronomia, pelo conhecimento transmitido.

LISTA DE TABELAS

	PÁGINA
TABELA 1. Procedências das progênes de canafístula avaliadas. UFGD, 2015.....	16
TABELA 2. Escala de notas utilizada para classificar forma de fuste em progênes de canafístula. UFGD, 2015.	19
TABELA 3. Escala de notas utilizada para classificar sanidade em progênes de canafístula. UFGD, 2015.	19
TABELA 4. Análise de <i>deviance</i> individual para procedência dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênes de canafístula de Minas Gerais realizada aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.	28
TABELA 5. Análise de <i>deviance</i> individual para procedência dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênie de canafístula de Mato Grosso do Sul aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.	30
TABELA 6. Análise de <i>deviance</i> conjunta para procedências dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênie e procedência de canafístula realizada aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.	32
TABELA 7. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade obtidas nas avaliações de progênes de canafístula oriundas de Minas Gerais, realizadas aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.	35
TABELA 8. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade obtidas nas avaliações de progênes de canafístula oriundas de Mato Grosso do Sul, realizadas aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.	39
TABELA 9. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênes com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP) e número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos às progênes de canafístula oriundas de Minas Gerais. UFGD, 2015.	43

TABELA 10. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênies com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos às progênies de canafístula oriundas de Mato Grosso do Sul. UFGD, 2015. 45

TABELA 11. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênies com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos à análise conjunta para procedência em canafístula. UFGD, 2015. 47

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. Esquema de campo utilizado para organização das progênies de canafístula na área experimental	18
---	----

SILVA, L. E. **Variabilidade e estimação de parâmetros genéticos via modelos mistos em canafístula**. 2015. 66 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade e estimar parâmetros genéticos em progênies de canafístula provenientes de Mato Grosso do Sul e de Minas Gerais, bem como ordenar as progênies com maior ganho nos futuros ciclos de seleção genética. Mudanças de 64 progênies de canafístula provenientes de Minas Gerais e do Mato Grosso do Sul foram plantadas em 2013 na Fazenda Experimental da UFGD. O delineamento experimental implantado foi alfa-látice, com quatro repetições contendo oito blocos, oito tratamentos por bloco e seis plantas por parcela. Os caracteres avaliados foram altura de planta, diâmetro à altura do peito, número das bifurcações, forma de fuste e sanidade. A análise de *deviance*, assim como as estimativas dos parâmetros genéticos e a classificação das progênies foram realizadas com software Selegen-REML/BLUP, computados como delineamento em blocos casualizados. Na análise de *deviance* para progênies do Mato Grosso do Sul houve efeito significativo de progênie apenas para número de bifurcações, enquanto que nas progênies de Minas Gerais não houve efeito significativo de progênie. A análise de *deviance* conjunta para procedências mostrou efeito significativo de procedência quanto à altura de planta, diâmetro à altura do peito e número de bifurcações aos 18 meses; altura de planta e número de bifurcações aos 22 e 24 meses. Os efeitos genéticos de procedência para altura de planta obtidos na análise de *deviance* foram significativos nas três épocas de mensuração. De modo geral, os valores de herdabilidade individual no sentido restrito se mostraram baixos, e valores de herdabilidade média de progênies apresentaram valores superiores, em ambas as procedências. As progênies 61, 48 e 63, de Minas Gerais, e a progênie 18, do Mato Grosso do Sul, se mostraram promissoras para futuras seleções nos programas de melhoramento genético. Para altura de planta observou-se maior contribuição das progênies de Minas Gerais, enquanto que para número de bifurcações houve maior contribuição das progênies de Mato Grosso do Sul. Altura de planta e diâmetro à altura do peito foram as características que se mostraram mais propícias para seleção no estágio em que as plantas foram analisadas. De modo geral, observou-se maiores efeitos ambientais do que genéticos para as progênies de canafístula avaliadas neste estudo.

Palavras-chave: teste de progênie e procedência; *Peltophorum dubium*; REML/BLUP

SILVA, L. E. **Variability and estimation of genetic parameters by mixed models in canafistula**. 2015. 66 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS

ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the variability and to estimate genetic parameters in canafistula progenies from Mato Grosso do Sul and Minas Gerais, as well as ordering the progenies with higher gain in future cycles of genetic selection. Seedlings of 64 canafistula progenies from Minas Gerais and Mato Grosso do Sul were planted in 2013 at the Experimental Farm of UFGD. The experimental design employed was alpha-lattice design with four replications with eight blocks, eight treatments per block and six plants per plot. The evaluated traits were plant height, diameter at breast height, number of forks, stem form and sanity. Estimates of genetic parameters and the deviance analysis were performed with computer program Selegen-REML/BLUP, computed as a randomized block design. In deviance analysis for progenies of Mato Grosso do Sul, there was significant effect of progeny only to the number of bifurcations, while in progenies of Minas Gerais there was no significant effect of progeny. The deviance conjoint analysis of procedence showed significant effect of procedence on plant height, diameter at breast height and number of forks at 18 months; plant height and the number of bifurcations 22 and 24 months. The genetic effects of procedence for plant height obtained in deviance analysis were significant in all three measurement periods. In general, values of individual heritability in restricted sense proved low, and values of progenies heritability average showed higher in both procedences. Progenies 61, 48 and 63, from Minas Gerais, and progeny 18, from Mato Grosso do Sul, were promising for future selections in breeding programs. For plant height there was a higher contribution from progenies of Minas Gerais, while for number of bifurcations there was a greater contribution of progenies of Mato Grosso do Sul. Plant height and diameter at breast height were the characteristics that were more conducive to selection at the stage where the plants were analyzed. In general, it was observed significant effects observed that the gene for canafistula progenies this study.

Key-words: progeny and origin tests; *Peltophorum dubium*; REML/BLUP

SUMÁRIO

	PÁGINA
1. INTRODUÇÃO	1
2. Revisão de literatura.....	3
2.1 Aspectos botânicos de canafístula	3
2.2 Aspectos econômicos de canafístula.....	4
2.3 Melhoramento de espécies perenes.....	6
2.3.1 Teste de progênie e procedência	7
2.3.2 Utilização de modelos mistos no melhoramento de plantas perenes.....	9
2.3.3 O procedimento REML/BLUP	11
2.3.4 Estimativas de parâmetros genéticos	12
3. Objetivo.....	15
4. Material e métodos	16
4.1 Obtenção de sementes de canafístula	16
4.2 Quebra de dormência, produção das mudas e plantio	17
4.3 Delineamento experimental	17
4.4 Caracteres avaliados e épocas de avaliação	18
4.5 Análises estatísticas	20
5. Resultados e discussão	27
6. Conclusões.....	49
7.Referências Bibliográficas.....	50

1. INTRODUÇÃO

Detentor de uma das maiores áreas florestais do mundo (463 milhões de hectares), o Brasil apresenta menos de 1% deste montante ocupados por florestas plantadas, ainda que esta pequena porcentagem seja capaz de suprir quase 90 % da demanda total de madeira industrial e 81,5 % do carvão vegetal (IBGE, 2013). Entretanto, o país tem muito a crescer para melhor aproveitar todo potencial econômico proveniente da exploração do setor florestal, uma vez que produtos florestais brasileiros não chegam a 3% do comércio anual internacional (FAOSTAT, 2014).

Para isso é necessário que se adotem medidas e estratégias adequadas, capazes de estimular tal crescimento do setor florestal nacional com sustentabilidade. É fundamental, então, a prospecção e exploração de espécies madeireiras alternativas ao *Eucalyptus* spp e *Pinus* spp, que são hoje as principais espécies florestais plantadas (FAOSTAT, 2014).

Segundo informações do Sistema Brasileiro do Agronegócio (2015), o estado do Mato Grosso do Sul já obteve crescimento significativo no que diz respeito à produção silvicultural, entretanto, até 2025 espera-se que a área plantada com florestas passe de 15 mil hectares a 100 mil hectares, gerando lucro de mais de R\$2.000,00 por hectare/ano. Deste modo, evidencia-se a importância que o estado representa para o cenário da silvicultura nacional.

A canafístula (*Peltophorum dubium*), como é popularmente conhecida em algumas regiões, é uma espécie rústica que aparece nos estados da Bahia, Rio de Janeiro, Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso do Sul e Paraná. Apresenta grande potencial industrial, seja por apresentar características da madeira adequadas ou por conter substâncias químicas como taninos e saponinas (DURIGAN et al., 1997). Além disso, seu uso é bastante recomendado para reflorestamento.

Estudos sobre melhoramento genético da canafístula são quase inexistentes na literatura, e, no estado de Mato Grosso do Sul, nenhum trabalho nessa linha foi desenvolvido com esta espécie até o presente momento, uma vez que a maior parte dos trabalhos publicados com esta espécie está relacionado à morfologia e à germinação das sementes (DAVIDE, 2003; DONADIO e DEMATTÊ, 2000; PIROLI et al., 2005).

Alguns testes de progênie realizados em São Paulo e no Paraná apontaram a existência de variabilidade genética entre progênies de canafístula (SIQUEIRA et al., 1986; SHIMIZU et al., 1987), e, conseqüentemente, a possibilidade de ganhos com ciclos de seleção.

A introdução de um programa de melhoramento genético da canafístula se mostra como alternativa promissora para incrementar a produtividade da mesma, podendo selecionar as melhores progênies e direcionar sua aplicação de acordo com as características silviculturais que mais se destacam.

A utilização de modelos mistos para estimação de parâmetros genéticos tem apresentado resultados satisfatórios na geração de informação a respeito da estrutura genética de uma população. Por meio da metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não viesada), pode-se estimar parâmetros como herdabilidade no sentido amplo e restrito, coeficientes de variação genética individuais, coeficiente de variação genética na média de progênies, coeficiente de determinação de efeitos de parcela, dentre outros. Ademais, pode-se também prever valores genéticos e ganhos com seleção (RESENDE, 2007).

Deste modo, a utilização da metodologia REML/BLUP para estimação de parâmetros genéticos em populações de canafístula originadas de diferentes procedências poderia gerar informações relevantes a respeito da estrutura genética desta espécie ainda pouco estudada.

2. Revisão de literatura

2.1 Aspectos botânicos de canafístula

Canafístula é uma leguminosa arbórea pertencente à família Fabaceae. É uma espécie rústica, de grande porte, sendo frequentemente encontrada em bordas de matas, clareiras, pastagens, além de ser utilizada em reflorestamentos de áreas degradadas. É empregada também em paisagismo, uma vez que é considerada muito ornamental na fase de florescimento e proporciona considerável sombra (DURIGAN et al., 1997). Sua distribuição natural ocorre desde a Bahia, incluindo os estados do Rio de Janeiro, Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso do Sul, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, aparecendo apenas na região da floresta do Alto Uruguai no último estado (SOBRAL et al., 2006; SCHORN et al., 2014). Ocorre também na região nordeste da Argentina (províncias de Corrientes, Formosa, Chaco e Misiones), região norte do Uruguai, e região leste do Paraguai (LOMBARDO, 1964; LOPEZ et al., 1987; MARTINEZ-CROVETTO, 1963).

No Brasil, pode ser conhecida popularmente como canafístula, acácia-amarela, angico-bravo, curucaia, camurça, ibirá e amendoim-falso. É uma árvore caducifólia com altura variando entre 10 e 20m e apresenta média de diâmetro na altura do peito (DAP) entre 35 e 90cm. Apresenta tronco cilíndrico e levemente curvo e fuste de até 15m de comprimento, folhas compostas, alternas, bipinadas com 16 a 21 pares de pinas e cada pina com 24 a 30 pares de folíolos elípticos-oblongos. A casca é de coloração marrom-escura e rugosa, com grande número de lenticelas quando a planta ainda é jovem (GARTLAND e SALAZAR, 1992).

Conforme a grande maioria das espécies arbóreas tropicais, a canafístula se reproduz por meio de cruzamentos (SEBBEN et al., 2008). É uma espécie nativa, heliófica, com boa resistência ao frio, hermafrodita que tem as abelhas como principais polinizadores (CARVALHO, 2003). Suas flores são amarelas e situam-se em panículas terminais, característica responsável pelo fato de a espécie ser indicada para paisagismo (CARVALHO, 1994; LORENZI, 2000).

O fruto da canafístula consiste em um legume samaróide com 4,0 a 8,0 cm de comprimento por aproximadamente 1,0 a 1,7 cm de largura. Apresenta uma a duas sementes, porém a maioria dos frutos são monospérmicos. As sementes, por sua vez, variam de 0,9 a

1,2 cm de comprimento por 0,4 a 0,6 cm de largura, com superfície de coloração castanho-esverdeada-clara, lisa, plana, opaca e revestida por uma camada de cera. Existe forte dormência tegumentar das sementes, fenômeno que pode ser revertido naturalmente por meio do aumento da temperatura do solo em função da abertura de clareiras na floresta. A dispersão dos frutos e sementes ocorre de forma barocórica, isto é, por ação da gravidade, e anemocórica, quando os frutos são dispersos pelo vento lentamente (DONADIO e DEMATTÊ, 2000).

Segundo Salerno et al. (1996), a produção de mudas de canafístula é fácil em decorrência da abundante produção de sementes. O tegumento das leguminosas é impermeável e apresenta diversas camadas cuticulares cerosas, de modo que a desintegração destas células se torna possível por meio de algum tipo de estresse, permitindo assim a entrada de água e consequente germinação (HARTMANN e KESTER, 1967). Diversas metodologias já foram propostas para a quebra de dormência visando a obtenção de mudas, tais como a escarificação mecânica (ALCALAY et al., 1988), corte do tegumento no lado oposto ao da emergência da radícula (ALCALAY et al., 1988), imersão das sementes em ácido sulfúrico concentrado (GUERRA et al., 1982) e submissão das sementes a temperaturas elevadas (OLIVEIRA e DAVIDE, 2008).

O processo reprodutivo da canafístula tem início entre sete e doze anos de idade da planta. O florescimento se dá nos meses de setembro a março nos estados de São Paulo, Rio de Janeiro e Santa Catarina, dezembro a março nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná, e novembro em Mato Grosso do Sul (DONADIO e DEMATTÊ, 2000).

2.2 Aspectos econômicos de canafístula

Segundo Carvalho (1994), a espécie canafístula apresenta potencial para reflorestamento em função de sua ocorrência natural em diversos tipos de solo, sua baixa exigência quanto à fertilidade química do solo e também por possuir plasticidade adaptativa, isto é, a capacidade que um indivíduo apresenta para sobreviver e se reproduzir em condições ambientais adversas por meio de alterações morfológicas e/ou fisiológicas (GONDIN et al., 2014). Além de ser recomendada para reflorestamentos mistos, também pode ser utilizada

para arborização de ambientes públicos como parques, rodovias e praças, se apresentando como alternativa para paisagismo em geral (LORENZI, 2001).

De acordo com Modes et al. (2012), é imprescindível que se busque espécies alternativas aos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus* na produção de madeira de reflorestamento, visto que a demanda por este tipo de material está aumentando a cada dia. Segundo os mesmos autores, a canafístula é considerada uma das espécies mais promissoras para a indústria madeireira, uma vez que apresenta rápido crescimento e propriedades tecnológicas compatíveis com as exigências do mercado, tal como a densidade da madeira.

Além do potencial para a recuperação de áreas degradadas, a espécie apresenta também valor econômico com a produção de madeira e desempenho silvicultural aceitável, se enquadrando na categoria de espécie madeireira promissora, pois alcança um Incremento Médio Anual (IMA) de $19,60 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$. Em geral, plantas que apresentem média de crescimento de $14 \text{ m}^3 \text{ ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$ são consideradas espécies com crescimento rápido evidenciando a capacidade de crescimento que a canafístula apresenta (REVISTA DA MADEIRA, 2007).

A madeira do tronco apresenta densidade de aproximadamente $0,69 \text{ g cm}^{-3}$ é rígida e possui longa durabilidade. Pode ser utilizada para fabricação de móveis, visto que apresenta resistência moderada ao apodrecimento, construção civil e naval, marcenaria e carpintaria (CARVALHO, 1994).

Outro aspecto de grande importância para o setor industrial é a presença de tanino em sua casca, que consiste em um composto da família dos fenóis que pode ser utilizado em diversos setores industriais como farmacêutico, fabricação de adesivos, processamento de couro, dentre outros, apresentando a vantagem de ser um composto solúvel em água (GUERRA et al., 1982; LATIF, 1966).

De acordo com a loja virtual do Instituto Brasileiro de Florestas (2015), o valor de uma muda de canafístula com 40 a 60 cm está em torno de R\$10,00, de modo que pode chegar a aproximadamente R\$2,00 quando a quantidade é superior a 1000 mudas. A fim de se comparar, no mesmo site o milheiro de *Eucalyptus dunnii* com 30 a 40 cm custa R\$370,00. No que diz respeito ao valor das sementes desta espécie, 250 g custam aproximadamente R\$100,00 de acordo com a empresa Click Mudas (2015).

2.3 Melhoramento de espécies perenes

Segundo Massaro et al. (2010), programas de melhoramento genético de espécies perenes são onerosos e de ciclos longos, fazendo com que a seleção de materiais superiores represente papel de extrema importância. A seleção deve ser, portanto, muito rigorosa, com base em experimentos cada vez mais eficientes e métodos de seleção mais precisos.

Algumas características das plantas perenes tornam difícil a utilização de técnicas clássicas de melhoramento, tais como a expressão de caracteres ao longo de várias idades, sobreposição de gerações, a necessidade de muitos anos para que as espécies perenes atinjam a maturidade reprodutiva e fenotípica, além de certa dificuldade em controlar a polinização e a fecundação em função da complexidade na análise dos descendentes (RESENDE, 2001). Em decorrência de tais peculiaridades, é fundamental estar atento para quesitos como número e tamanho de parcelas, número de repetições, quantidade de indivíduos por progênie e delineamento adotado, pois estes fatores influenciam os parâmetros genéticos importantes para a seleção da população (FONSECA et al., 2010).

A precisão do processo de seleção é determinada em função da herdabilidade do caráter que está sendo selecionado, bem como da natureza do material que está sendo testado, podendo ser progênies de meio-irmãos, clones, irmãos germanos ou autofecundação (RESENDE e BARBOSA, 2005).

Os métodos de seleção adotados dependem das características que se pretende selecionar. Os caracteres a serem melhorados podem ser de natureza qualitativa, isto é, quando uma característica é controlada por apenas um gene, ou quantitativa, quando uma característica é controlada por diversos genes. Em função do elevado número de genes, caracteres quantitativos são muito influenciados pelo ambiente e apresentam herdabilidades baixas (FERREIRA e GRATTAPAGLIA, 1998).

A genética quantitativa, área que estuda caracteres poligênicos, apresenta como maior vantagem a possibilidade de se prever ganhos. Uma vez em posse de tais informações, torna-se possível conduzir de maneira mais eficaz o programa de melhoramento, bem como antever a eficiência do esquema de seleção escolhido e optar por técnicas alternativas que possam se adaptar melhor ao programa em questão (FONSECA et al., 2010).

As estratégias mais adequadas para melhoramento de caracteres quantitativos em plantas perenes devem ser focadas na geração de híbridos que expressem a heterose, isto é,

o efeito de dominância que faz com que a média das progênies supere a média dos genitores, além de buscar a seleção do melhor genitor visando as características de interesse (FONSECA et al., 2010).

Em espécies como a canafístula, a madeira se apresenta como matéria prima de maior interesse. As propriedades tecnológicas da madeira de uma determinada espécie dependem da procedência das mesmas, da idade e do local nas quais estas se desenvolvem (VIVIAN et al., 2010). A mensuração de características capazes de gerar informações a respeito da quantidade e qualidade da madeira são de fundamental importância para direcionar a seleção das progênies superiores.

2.3.1 Teste de progênie e procedência

A avaliação do potencial genético de um genitor exige que se aplique delineamentos experimentais que permitam a obtenção da máxima acurácia seletiva, de modo que os efeitos ambientais sejam minimizados e os efeitos da representatividade genética entre as progênies sejam maximizados nos testes experimentais.

A acurácia constitui-se em uma correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros, isto é, demonstra a confiabilidade do valor genético a ser estimado. Por exemplo, no melhoramento genético do eucalipto estabeleceu-se que, se o objetivo for a obtenção de clones para plantio comercial, o grau de acurácia ideal é maior do que 95%; se visa a seleção de genitores para recombinação entre eles, o grau de acurácia deve permanecer entre 70 e 80%; se visa a seleção de indivíduos para utilização como genitores em potencial, o grau de acurácia deve ser maior que 90% e, por fim, se o objetivo é a seleção de indivíduos para utilização como futuros clones o grau de acurácia deve ser maior do que 95% (FONSECA et al., 2010; RESENDE 2002).

De modo geral, as avaliações das características silviculturais e avaliações tecnológicas da madeira são realizadas em idades consideradas ideais para cortes. Tomando como exemplo o eucalipto e considerando que a idade ideal para corte é de seis a sete anos, o tempo necessário desde o cruzamento até a obtenção de clones híbridos para plantio pode chegar a 14 anos, e até 21 anos para obtenção de sementes híbridas de cruzamentos recombinantes (FONSECA et al., 2010).

Neste contexto, a seleção precoce se torna fundamental, uma vez que a mesma tem por objetivo identificar, nas árvores em idade juvenil, caracteres correlacionados àqueles de interesse econômico nas árvores em idades mais avançadas, isto é, predizer o desempenho de um indivíduo adulto, de modo a diminuir o tempo para se completar um ciclo de seleção (BELTRAME et al., 2012).

A seleção precoce de características como diâmetro, altura e volume se torna possível, pois existem correlações significativas entre tais caracteres em diferentes idades, viabilizando a eficiência deste tipo de seleção (MASSARO et al., 2010). Além disso, a grande variabilidade genética encontrada para estes caracteres é um fator que contribui para o sucesso deste método.

Em estudo realizado por Pereira (1996), a seleção precoce realizada aos 17 meses entre e dentro de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* apresentou ganho anual 20% superior para o caractere diâmetro à altura do peito (DAP) e 35% superior para o caractere altura, quando comparado ao ganho obtido com a seleção aos 80 meses.

Ao realizar seleção precoce em *Eucalyptus urophylla* para os caracteres DAP e altura, Pinto et al. (2014) observaram que a expectativa de ganhos de seleção de forma direta na idade de seis anos foi de 39,51% para DAP e de 30,86% para altura. Em contrapartida, a predição de ganhos via seleção precoce realizada aos três anos foi de 38,79% para DAP e 29,55% para altura, de modo que a eficiência da seleção precoce foi estimada em 95,73%. Os autores concluíram que a seleção precoce em *E. urophylla* se deu de forma eficiente e confiável, não havendo perda de genótipos superiores, suposição baseada nas altas correlações das variáveis em anos diferentes.

Beltrame et al. (2012) publicaram estudo no qual o ganho de seleção para o caractere DAP em híbridos de eucalipto aos 36 meses de idade foi satisfatório quando comparado ao ganho na idade de sete anos, indicando, assim, a eficiência da seleção precoce para identificar clones de híbridos de *Eucalyptus* com bom vigor de crescimento.

A ocorrência de doenças no eucalipto, tais como ferrugem do eucalipto, manchas foliares e desfolha e susceptibilidade à quebra por ventos ocorre aproximadamente aos 24 meses de idade da planta. Deste modo, a seleção precoce de árvores realizada nesta idade pode ser considerada segura na maioria das condições climáticas do Brasil (FONSECA et al., 2010).

Os testes de progênie são importantes pois enfatizam a predição de valores genotípicos, indicando, assim, quais são os genótipos superiores a serem selecionados. Entretanto, em muitas espécies perenes, os testes de progênie já estão estabelecidos com indivíduos repetidos, de modo que se pode obter, em um único experimento, um teste clonal e um teste de progênie. As grandes vantagens destes tipos de teste consistem na maximização da eficiência seletiva em um teste de progênie e na possibilidade de estimação da variância aditiva, de dominância e a herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito (RESENDE, 2002).

Shimizu et al. (1987) realizaram teste de progênie com canafístula visando determinar qual tipo de matriz genética se adaptava mais para determinados locais. Foram realizados experimentos em Maringá (PR), Terra Boa (PR), Campo Mourão (PR), Bauru (SP), Tenente Portela (RS), Laranjeiras do Sul (PR), Assis (SP) e Toledo (PR). Os autores puderam concluir, em tal estudo, que Assis foi o local mais indicado para se detectar diferenças entre progênie de canafístula, e que a cidade de Toledo apresentou as condições ambientais mais propícias para o desenvolvimento da canafístula. Além disso, observaram a ausência de interação genótipos x ambientes, e conseqüentemente a seleção de suas progênie não precisa ser feita para cada local de plantio.

2.3.2 Utilização de modelos mistos no melhoramento de plantas perenes

Os modelos matemáticos são adotados para que se possa explicar as diferenças existentes entre os dados coletados de diferentes tratamentos. Basicamente, visa classificar as causas das alterações em genéticas, ambientais, ou devido a interação entre ambos, bem como quantificar a influência de cada fator sobre a variação observada (RESENDE et al., 2009).

Tais modelos podem apresentar componentes de natureza fixa e/ou aleatória. Além destes componentes, estão presentes valores relativos à média geral (efeito assumido como fixo) e o erro/resíduo (efeito assumido como aleatório). Alguns modelos podem ser classificados como de efeito fixo (com exceção do efeito de erro), efeito aleatório (com exceção do efeito da média geral), ou pode conter componentes de natureza fixa e aleatória

simultaneamente, além do erro e da média geral, sendo denominados modelos mistos (RESENDE 2009; FONSECA et al., 2010).

Efeitos podem ser considerados fixos quando a intenção é o estudo dos níveis de fatores, bem como as diferenças entre os mesmos, de modo que as conclusões obtidas se restringem especificamente ao fator observado (clones, progênies, variedades, etc). Efeitos aleatórios, por sua vez, são utilizados quando os níveis observados podem ser considerados aleatórios, isto é, são considerados uma amostra aleatória e representativa de uma população (RESENDE, 2002). Se os tratamentos forem assumidos como fatores fixos, os valores obtidos (variância e média) podem ser considerados apenas no estudo em questão, enquanto que, se os tratamentos forem assumidos como fatores aleatórios, os valores podem ser extrapolados para toda uma população.

Segundo Resende (2002), diversos fatores se apresentam como empecilhos para a utilização da análise de variância (ANOVA) na análise de dados do melhoramento de plantas perenes. Apesar de ser utilizada tradicionalmente para estimação dos componentes de variância, a ANOVA assume algumas pressuposições para a obtenção de estimativas, tal como o balanceamento dos dados. Caso alguma pressuposição não seja cumprida, a ANOVA poderá gerar dados tendenciosos.

Dados coletados em experimentos de melhoramento de espécies perenes geralmente são desbalanceados em decorrência da mortalidade das plantas, além de apresentar efeitos fixos e aleatórios no mesmo modelo. Acrescenta-se também o fator de repetibilidade aos experimentos, isto é, medições repetidas em um mesmo indivíduo, e torna-se evidente que a ANOVA tradicional não é capaz de gerar dados com independência e homogeneidade dos resíduos, pressuposições básicas para realização de tal análise. De fato, a existência das medidas repetidas consiste em uma das principais razões para utilização dos modelos mistos no melhoramento de plantas perenes (DUARTE e VENCOVSKY, 2001).

A metodologia que se mostrou mais eficiente em substituição à ANOVA é a análise de *deviance* (ANADEV). A ANADEV nada mais é do que uma generalização da ANOVA para modelos lineares generalizados, que tem por finalidade a obtenção dos efeitos dos fatores e das covariáveis (RESENDE, 2004).

Ao se realizar a ANADEV substitui-se o teste F pelo teste da razão de verossimilhança (LRT). Para isso, primeiramente obtém-se o logaritmo do ponto máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito que será testado

para em seguida se obter a *deviance* $D = -2 \log L$. Realiza-se então, o cálculo das diferenças entre as *deviances* para modelos com e sem o efeito que está sendo testado, de modo a se obter a razão de verossimilhança (LR). Por fim, testa-se por meio da LRT a significância da diferença adotando-se o teste de qui-quadrado com 1 grau de liberdade (RESENDE, 2007b).

2.3.3 O procedimento REML/BLUP

Para uma técnica de avaliação genética ser considerada ótima, a mesma deve proporcionar, simultaneamente, a predição de valores genéticos e a estimação de componentes da variância. De modo geral, o procedimento ideal para predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viesada), proposta por Henderson e Quaas (1976), e para estimação dos componentes de variância o REML (máxima verossimilhança restrita), proposta por Patterson e Thompson (1971).

O BLUP é considerado superior a quase todos os índices de seleção combinada, e dependendo da situação permite a estimação dos ganhos genéticos aditivos, de dominância e genotípicos (FONSECA et al., 2010). A metodologia BLUP corrige os dados para os efeitos ambientais identificáveis, tais como efeitos de bloco, local, época, dentre outros, e prediz os valores genéticos dos indivíduos (RESENDE et al., 2001)

Já a metodologia REML é o procedimento ótimo para estimação dos componentes de variância, uma vez que é considerado superior ao método de análise de variância (ANOVA) quando se trabalha com dados desbalanceados ou delineamentos não ortogonais, que são os casos de blocos aumentados ou incompletos (FONSECA et al., 2010). A função de verossimilhança é uma função da densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais, de modo que o método da máxima verossimilhança (ML) consiste na obtenção do ponto máximo de tal função. Embora estimadores ML apresentem diversas vantagens em situações de dados desbalanceados, estes apresentam a desvantagem de ser viesados, uma vez que a estimação dos efeitos fixos ocasiona a perda de graus de liberdade. O REML apresenta uma

correção do método ML, isto é, elimina o viés em decorrência do fato de que apenas a parte da verossimilhança invariante aos efeitos fixos é maximizada (RESENDE, 2002).

O uso destas ferramentas aliadas, denominada metodologia de modelos mistos, permite a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos com confiabilidade (RESENDE et al., 2001).

2.3.4 Estimativas de parâmetros genéticos

Por meio da metodologia REML, diversos valores genéticos, fenotípicos e componentes da variância podem ser estimados, tais como variância fenotípica, variância genética, herdabilidade no sentido restrito e no sentido amplo, variância ambiental, dentre outros. O conhecimento a respeito de tais parâmetros genéticos permite melhor entendimento da estrutura genética de uma população, bem como do potencial que esta apresenta para o melhoramento.

Ao se estimar os parâmetros genéticos, é importante ressaltar que os valores e tendências observados são válidos somente para a população na qual as análises foram realizadas, não podendo ser extrapolada para outras populações, uma vez que cada conjunto de indivíduos apresenta uma estrutura genética própria. Em função disso, pode-se observar grandes diferenças nas estimativas de parâmetros genéticos obtidas com experimentos utilizando uma mesma espécie, o que se deve aos diferentes ambientes nos quais os ensaios foram realizados, diferentes épocas de avaliação, diferentes métodos de mensuração dos caracteres, dentre outros fatores (VENCOVSKY, 1987).

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros mais importantes no melhoramento genético, uma vez que pode prever quanto que determinada característica, presente em um indivíduo, poderá se expressar em seus descendentes. Parte da variação fenotípica detectada se deve à origem genética e parte se deve à influência ambiental sobre os genes. Em características de natureza quantitativa o ambiente tende a exercer maior influência na expressão fenotípica, pois há grande quantidade de genes envolvidos e cada gene sofre influência ambiental. Espera-se, em geral, que os efeitos genéticos sejam causadores da maior

parte da variação observada, de modo que tais características possam ser transmitidas para suas progênes. Por outro lado, se o ambiente influenciou mais na expressão de determinada característica do que os fatores genéticos, as diferenças encontradas não serão transmitidas às progênes (RESENDE, 2002).

Os valores para herdabilidade podem variar de 0 a 1, de modo que quanto mais perto de zero, maior é o efeito do ambiente sobre a variação observada, e quanto mais perto de 1, maior é o efeito genético sobre a variação observada. Valores próximos de 1 são indícios de confiabilidade no qual o fenótipo representa o genótipo. É imprescindível, deste modo, ter conhecimento sobre herdabilidade na condução de programas de melhoramento genético (FONSECA et al., 2010).

A herdabilidade pode ser considerada no sentido amplo, isto é, quando todos os componentes da variância genotípica estão inclusos, e no sentido restrito, quando considera-se apenas a variância genética aditiva. A escolha entre as duas herdabilidades deverá acontecer levando em consideração o tipo de reprodução que a espécie em estudo apresenta (RESENDE, 2009). Um elevado valor de herdabilidade não significa necessariamente a obtenção de ganhos genéticos altos, mas apenas uma possibilidade, pois valores altos de herdabilidade podem acontecer em características que apresentam pouca variância genética aditiva (FALCONER, 1987). Em estudo com clones de *Eucalyptus* aos 36 meses de idade, Moraes et al. (2014) encontraram valores de herdabilidade média de clones de 0,90 e 0,75 para os caracteres diâmetro à altura do peito e altura de planta, respectivamente.

A variabilidade fenotípica é resultado da ação conjunta de efeitos genéticos e ambientais, e sua importância reside no fato de esta apresentar informações sobre a escolha do local de condução de experimentos mais adequado, melhor estratégia de seleção, número de repetições, dentre outros, visto que estas escolhas tem grande influência sobre as estimativas dos parâmetros genéticos (BORÉM e MIRANDA, 2005).

O coeficiente de determinação dos efeitos da parcela (C^2_{parc}) indica a quantidade de variação ambiental entre parcelas e dentro do bloco. Pode-se, então, analisar se o delineamento utilizado, bem como número de blocos e número de parcelas por bloco foi eficiente, visto que se prioriza pela homogeneidade dentro de blocos e heterogeneidade entre blocos (FONSECA et al., 2010).

O coeficiente de variação genética (CVg%) é responsável por indicar a existência de variabilidade genética e possibilidade de se alterar determinada característica por meio da

seleção, sendo calculada levando-se em consideração a média obtida para a característica avaliada (RESENDE, 2009). Por sua vez, coeficiente de variação experimental (CVe%) representa a precisão na qual o experimento foi conduzindo, sendo de natureza estatística e não genética. De acordo com Pimentel Gomes (2000), valores de CVe que se encontram abaixo de 10% são considerados baixos, e acima de 30% podem ser considerados altos. Calculando-se a razão entre CVg e CVe, encontra-se o valor do coeficiente de variação relativa (CVr%), que serve como um auxílio para identificação da variabilidade genética em uma população, não sendo diretamente influenciado pela média da característica (FONSECA et al., 2010). Segundo Vencovsky e Barriga (1992), quando o resultado desta divisão é superior a 1,0, a seleção é favorável.

Uma vez verificada a presença de variabilidade genética na população e quantificada a influência dos fatores ambientais sobre o fenótipo, o próximo passo em um programa de melhoramento é a seleção das progênies superiores, isto é, aquelas que irão acumular mais alelos favoráveis na característica a ser melhorada. Para isto utiliza-se a estimativa do ganho genético, que irá avaliar a eficiência no método de seleção. De modo geral, o ganho genético prediz quanto uma geração irá acrescentar à média geral se for selecionada (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A intensidade de seleção pode influenciar no ganho genético obtido, bem como as características genéticas da população, isto é, em populações com maior variância genética as chances de se obter elevados ganhos com seleção são maiores (FONSECA et al., 2010; RESENDE, 2009).

3. Objetivo

O objetivo do presente estudo foi avaliar a variabilidade e estimar parâmetros genéticos em progênies de canafístula provenientes de Mato Grosso do Sul e de Minas Gerais, bem como ordenar as progênies com maior ganho nos futuros ciclos de seleção genética.

4. Material e métodos

4.1 Obtenção de sementes de canafístula

Foram coletados frutos de canafístula de 64 progênies de diferentes regiões (Tabela 1). A coleta foi realizada em julho de 2012 e os indivíduos foram escolhidos com base em caracteres de importância silvicultural, tais como altura, diâmetro, condições de copa, sanidade, forma do fuste e quantidade de sementes.

Tabela 1. Procedência das 64 progênies de canafístula. UFGD, 2015.

Progênies	Município de origem	Estado	Zona
01 – 16	Bonito	MS	Serra da Bodoquena
17 – 21	Maracaju	MS	Serra de Maracaju
22 – 25	Guia Lopes	MS	Serra de Maracaju
33 – 34	Angélica	MS	Monções
35 – 44	Ivinhema	MS	Monções
45 - 64	Lavras	MG	Serra da Bocaina

A colheita dos frutos, descrita por Terra et al. (2014), ocorreu quando apresentavam coloração castanha ou marrom. Em seguida, os frutos foram individualizados e guardados em sacos de polietileno para transporte ao Laboratório de Sementes da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), onde foram utilizados para obtenção das sementes. Uma vez que se obteve as sementes, estas foram armazenadas em câmara fria.

4.2 Quebra de dormência, produção das mudas e plantio

Como etapa prévia à sementeira, as sementes foram submetidas ao processo de quebra de dormência, que ocorreu com a imersão em água a 80°C, permanecendo embebida por 24 horas (DAVIDE e SILVA, 2008). Após isso, foi realizada a sementeira em tubetes de plástico rígido com capacidade para 110 cm³, com três sementes por tubete. As mudas foram produzidas no Viveiro Florestal da FCA/UFMG, período que durou aproximadamente quatro meses. Quando as mudas atingiram 25 a 40 cm de altura e 3 a 5 mm de diâmetro do colo, foram plantadas na área experimental da fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados (22 °14'08"S, 54°59'13"W e altitude de 434 m), no mês de fevereiro de 2013, utilizando-se o espaçamento de 3 metros entre linhas e 2 metros entre plantas. O clima é do tipo Cwa (mesotérmico úmido), segundo a classificação de Köppen e o solo classificado originalmente como Latossolo Vermelho Distroférico Típico – LVdf (Embrapa, 1999).

Um mês após o plantio, realizou-se quantificação da sobrevivência das mudas no campo. Nos locais em que se observaram falha de mudas por motivos não genéticos (formigas, falhas mecânicas no plantio) houve replantio.

4.3 Delineamento experimental

O delineamento experimental implantado foi alfa-látice, com 4 repetições contendo 8 blocos cada uma e 8 parcelas por bloco. Cada parcela era composta por 6 plantas da mesma progênie, e as mensurações foram realizadas em todas as plantas na área experimental. As progênies foram aleatorizadas independente das procedências, isto é, não adotou-se o arranjo hierárquico de progênies dentro de procedência. A escolha do delineamento se deu em função da capacidade de recuperação da informação intrablocos.

Na Figura 1, pode-se observar um exemplo do esquema de campo empregado para organização das progênies de canafístula na área experimental.

Repetição I							
Bloco 2	Bloco 4	Bloco 5	Bloco 1	Bloco 3	Bloco 8	Bloco 6	Bloco 7
9	25	33	1	17	57	41	49
10	26	34	2	18	58	42	50
11	27	35	3	19	59	43	51
12	28	36	4	20	60	44	52
13	29	37	5	21	61	45	53
14	30	38	6	22	62	46	54
15	31	39	7	23	63	47	55
16	32	40	8	24	64	48	56

Repetição II							
Bloco 8	Bloco 1	Bloco 3	Bloco 4	Bloco 6	Bloco 5	Bloco 2	Bloco 7
8	1	3	4	6	5	2	7
16	9	11	12	14	13	10	15
24	17	19	20	22	21	18	23
32	25	27	28	30	29	26	31
40	33	35	36	38	37	34	39
48	41	43	44	46	45	42	47
56	49	51	52	64	53	50	55
65	57	59	60	61	58	63	62

Repetição III							
Bloco 2	Bloco 3	Bloco 4	Bloco 5	Bloco 6	Bloco 1	Bloco 8	Bloco 7
9	17	25	33	46	1	57	49
2	50	42	58	26	10	34	18
51	3	35	27	59	19	43	11
44	36	4	20	12	28	52	60
61	29	21	5	53	37	13	45
30	62	14	54	6	36	22	38
23	15	63	47	39	55	31	7
25	48	56	16	24	64	8	32

Repetição IV							
Bloco 1	Bloco 2	Bloco 6	Bloco 7	Bloco 4	Bloco 8	Bloco 5	Bloco 3
1	17	57	33	36	49	9	25
18	2	42	26	58	10	50	34
27	35	10	19	11	59	43	3
44	60	20	52	4	36	28	12
13	53	37	61	29	21	5	45
62	46	6	14	22	30	38	54
39	31	15	7	55	47	63	23
56	16	32	48	40	8	24	64

Figura 1. Esquema de campo utilizado para organização das progênies de canafístula na área experimental. UFGD, 2015.

4.4 Caracteres avaliados e épocas de avaliação

Os caracteres avaliados foram altura de planta (AP) em metros, diâmetro à altura do peito (DAP) em centímetros, número das bifurcações (NB), forma de fuste (TF) e sanidade.

A altura da planta foi mensurada com auxílio de uma régua adaptada de 7 m de altura, sendo medida da base da planta até o seu ápice.

O caractere DAP foi mensurado com auxílio de paquímetro digital, de modo que se a planta apresentasse bifurcações à altura de 1,3 m, o diâmetro de todas as bifurcações era tomado e então dividido pelo número das mesmas a fim de se obter a média.

A forma de fuste foi classificado de acordo com uma escala com notas variando de 1 a 5, conforme a Tabela 2.

Tabela 2. Escala de notas utilizada para classificar forma de fuste em progênies de canafístula. UFGD, 2015.

Nota	Características
1	Fuste retilíneo, com bifurcação desde a base da planta
2	Fuste retilíneo, com bifurcação desde a metade do fuste
3	Fuste retilíneo, com bifurcação logo abaixo da copa
4	Fuste curvo, sem bifurcações metade do fuste
5	Fuste retilíneo e sem bifurcações

A sanidade foi avaliada por meio da observação e quantificação de manchas foliares nas progênies, conforme a Tabela 3.

Tabela 3. Escala de notas utilizada para classificar sanidade em progênies de canafístula UFGD, 2015.

Nota	Características
1	Ataque muito severo, com manchas foliares presentes em mais da metade da copa
2	Ataque severo, com manchas foliares presentes em até 50% da copa
3	Ataque moderado, com manchas foliares presentes em até 25% da copa
4	Ataque muito leve, com manchas foliares esparsas e em pequenas quantidades
5	Ausência de manchas foliares

As avaliações para altura de planta, número de bifurcações, forma de fuste e diâmetro à altura do peito foram realizadas aos 18, 22 e 24 meses, nos meses de agosto e dezembro de 2014, e fevereiro de 2015, respectivamente.

As avaliações quanto à sanidade não foram realizadas aos 18 meses.

4.5 Análises estatísticas

Nas análises estatístico-genéticas dos dados obtidos foram consideradas duas procedências ou populações: a procedência (população) Mato Grosso do Sul (progênies de 1 a 44) e a procedência (população) Minas Gerais (progênies de 45 a 64). Foi considerado ainda o delineamento blocos completos casualizados em lugar de alfa-látice devido ao desbalanceamento dos dados provocado pelas diferentes sobrevivências das plantas nas parcelas.

Para as análises individuais foi utilizado o modelo para avaliação de progênies de meios-irmãos, no delineamento blocos casualizados, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo, um só caráter e uma só população, descrito em Resende (2002). Então, o modelo linear misto univariado utilizado para as análises individuais por procedência foi:

$$y = Xr + Za + Wp + e, \text{ em que:}$$

y : vetor de observações;

r : vetor de efeitos fixos de blocos somados à média geral;

a : vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos individuais;

p : vetor de efeitos aleatórios de parcelas;

e : vetor de efeitos aleatórios de erros;

X : matriz de incidência do vetor de efeitos fixos de blocos;

Z : matriz de incidência do vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos individuais;

W : matriz de incidência dos efeitos aleatórios de parcelas.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias associadas a este modelo são:

$$y|r, V \cong N(Xr, V);$$

$$a \mid \sigma_a^2 \cong N(0, I\sigma_a^2);$$

$$p \mid \sigma_p^2 \cong N(0, I\sigma_p^2);$$

$$e \mid \sigma_e^2 \cong N(0, I\sigma_e^2);$$

$$\text{Cov}(a, p') = 0; \text{Cov}(a, e') = 0; \text{Cov}(p, e') = 0$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

G = matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios;

R = matriz de variância-covariância dos erros;

C = matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;

V = matriz de variância-covariância das observações;

$$G = A\sigma_a^2; R = I\sigma_p^2; C = I\sigma_e^2; V = ZGZ' + WCW' + R$$

As equações de modelos mistos são:

$$\begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} XX & XZ & XW \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & WZ & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ sendo que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h_a^2 - c_p^2}{h_a^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h_a^2 - c_p^2}{c_p^2}, \text{ em que:}$$

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito no bloco;}$$

$$c_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação devida ao ambiente comum da parcela;}$$

σ_a^2 : variância genética aditiva entre progênies de meios-irmãos;

σ_p^2 : variância entre parcelas;

σ_e^2 : variância residual (ambiental dentro de parcelas + não aditiva);

A : matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

Os estimadores iterativos de componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo de maximização da esperança (EM) para este modelo são:

$$\sigma_a^2 = \frac{\tilde{a}'\tilde{a} + \sigma_e^2 \text{tr}(C^{22})}{q};$$

$$\sigma_p^2 = \frac{\tilde{p}'\tilde{p} + \sigma_e^2 \text{tr}(C^{33})}{s};$$

$$\sigma_e^2 = \frac{y'y - \tilde{r}'X'y - \tilde{a}'Z'y - \tilde{p}'W'y}{N - r(X)}, \text{ em que:}$$

$$C^{22} \text{ e } C^{33} \text{ advêm de: } C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}, \text{ sendo } C \text{ a matriz dos coeficientes das}$$

equações de modelos mistos;

tr : operador matricial traço;

$r(X)$: posto da matriz X ;

N : número total de valores observados;

q : número total de progênies;

s : número total de blocos.

Para a análise conjunta foi utilizado o modelo para avaliação de progênies de meios-irmãos (polinização aberta) de várias populações (procedências), no delineamento blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, uma medição por indivíduo e um só caráter. Então, o modelo linear misto univariado correspondente utilizado para a análise conjunta para procedências foi:

$y = Xf + Za_1 + Wa_2 + Ta_3 + Qa_4 + e$, em que:

y : vetor de observações;

f : vetor de efeitos fixos de blocos;

a_1 : vetor de efeitos aleatórios genéticos aditivos de progênies;

a_2 : vetor de efeitos aleatórios de parcelas referentes a progênies;

a_3 : vetor de efeitos aleatórios de procedências;

a_4 : vetor de efeitos aleatórios de parcelas referentes a procedências;

e : vetor de efeitos aleatórios de erros;

X : matriz de incidência de efeitos fixos de blocos;

Z : matriz de incidência efeitos aleatórios genéticos aditivos de progênies;

W : matriz de incidência de efeitos aleatórios de parcelas referentes a progênies;

T : matriz de incidência de efeitos aleatórios de procedências;

Q : matriz de incidência de efeitos aleatórios de parcelas referentes a procedências;

As distribuições e estruturas de médias, variâncias e covariâncias associadas a este modelo são:

$$y|f, V \cong N(Xf, V);$$

$$a_1 | \sigma_{a_1}^2 \cong N(0, I\sigma_{a_1}^2);$$

$$a_2 | \sigma_{a_2}^2 \cong N(0, I\sigma_{a_2}^2);$$

$$a_3 | \sigma_{a_3}^2 \cong N(0, I\sigma_{a_3}^2)$$

$$a_4 | \sigma_{a_4}^2 \cong N(0, I\sigma_{a_4}^2);$$

$$e | \sigma_e^2 \cong N(0, I\sigma_e^2);$$

$Cov(a_1, a'_2) = 0$; $Cov(a_1, a'_3) = 0$; $Cov(a_1, a'_4) = 0$; $Cov(a_1, e') = 0$; $Cov(a_2, a'_3) = 0$;
 $Cov(a_2, a'_4) = 0$; $Cov(a_2, e') = 0$; $Cov(a_3, a'_4) = 0$; $Cov(a_3, e') = 0$; $Cov(a_4, e') = 0$, ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xf \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{a_2}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{a_3}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{a_4}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$$\text{Var}(y) = ZA\sigma_{a_1}^2 Z' + WI\sigma_{a_2}^2 W' + TI\sigma_{a_3}^2 T' + QI\sigma_{a_4}^2 Q' + I\sigma_e^2$$

A : matriz de correlação genética aditiva entre os indivíduos em avaliação.

I : matriz identidade

As equações de modelos mistos para este modelo são:

$$\begin{bmatrix} XX & XZ & XW & XT & XQ \\ ZX & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W & Z'T & Z'Q \\ WX & WZ & W'W + I\lambda_2 & WT & WQ \\ TX & TZ & T'Z & T'T + I\lambda_3 & T'Q \\ Q'X & Q'Z & Q'W & Q'T & Q'Q + I\lambda_4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{a}_1 \\ \hat{a}_2 \\ \hat{a}_3 \\ \hat{a}_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \\ Q'y \end{bmatrix}, \text{ sendo que:}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{a_1}^2} = \frac{1 - h^2 - c_{a_2}^2 - c_{a_4}^2 - r^2}{h^2};$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{a_2}^2} = \frac{1-h^2 - c_{a_2}^2 - c_{a_4}^2 - r^2}{c_{a_2}^2};$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{a_3}^2} = \frac{1-h^2 - C_{a_2}^2 - C_{a_4}^2 - r^2}{r^2};$$

$$\lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{a_4}^2} = \frac{1-h^2 - C_{a_2}^2 - C_{a_4}^2 - r^2}{c^2}, \text{ em que:}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_{a_1}^2}{\sigma_{a_1}^2 + \sigma_{a_2}^2 + \sigma_{a_3}^2 + \sigma_{a_4}^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito;}$$

$$c_{a_2}^2 = \frac{\sigma_{a_2}^2}{\sigma_{a_1}^2 + \sigma_{a_2}^2 + \sigma_{a_3}^2 + \sigma_{a_4}^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação entre indivíduos devida ao ambiente}$$

comum da parcela referente a progênies;

$$c_{a_4}^2 = \frac{\sigma_{a_4}^2}{\sigma_{a_1}^2 + \sigma_{a_2}^2 + \sigma_{a_3}^2 + \sigma_{a_4}^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação entre indivíduos devida ao ambiente}$$

comum da parcela referente a procedências;

$$r^2 = \frac{\sigma_{a_3}^2}{\sigma_{a_1}^2 + \sigma_{a_2}^2 + \sigma_{a_3}^2 + \sigma_{a_4}^2 + \sigma_e^2} : \text{correlação fenotípica intraclasses entre indivíduos de}$$

uma mesma procedência, em diferentes blocos.

Os estimadores iterativos de componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo de maximização da esperança (EM) para este modelo são:

$$\hat{\sigma}_{a_1}^2 = \left[\hat{a}'_1 A^{-1} \hat{a} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{22}) \right] / q;$$

$$\hat{\sigma}_{a_2}^2 = \left[\hat{a}'_2 \hat{a}_2 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{33}) \right] / s_1;$$

$$\hat{\sigma}_{a_3}^2 = \left[\hat{a}'_3 \hat{a}_3 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1} C^{44}) \right] / t;$$

$$\hat{\sigma}_{a_4}^2 = \left[\hat{a}'_4 \hat{a}_4 + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(A^{-1}C^{55}) \right] / s_2;$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \left[y'y - \hat{f}'X'y - \hat{a}'_1Z'y - \hat{a}'_2W'y - \hat{a}'_3T'y - \hat{a}'_4Q'y \right] / [N - r(X)], \text{ em que:}$$

$$C^{22}, C^{33}, C^{44} \text{ e } C^{55} \text{ advêm de: } C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} & C^{15} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} & C^{25} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} & C^{35} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} & C^{45} \\ C^{51} & C^{52} & C^{53} & C^{54} & C^{55} \end{bmatrix}, \text{ sendo } C \text{ a}$$

matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;

tr : operador matricial traço;

$r(X)$: posto da matriz X ;

N : número total de valores observados;

q : número de indivíduos;

s_1 : número de parcelas referentes a progênies;

t : número de procedências;

s_2 : número de parcelas de procedências.

As análises foram realizadas utilizando o aplicativo computacional de estatística e genética SELEGEN – REML/BUP (Resende, 2007).

5. Resultados e discussão

Os resultados da análise de *deviance* individual para as progênies de Minas Gerais podem ser observados na Tabela 4 na qual verifica-se os valores do teste da razão de verossimilhança e suas respectivas significâncias segundo o teste qui-quadrado.

Tabela 4. Análise de deviance individual para procedência dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênies de canafístula de Minas Gerais realizada aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.

Efeitos	18 meses									
	AP		DAP		NB		FF			
	Deviance ¹	LRT ²	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	330,66	0,28 ^{ns}	2334,32	0,22 ^{ns}	-136,16	-0,02 ^{ns}	567,75	0,00 ^{ns}		
Parcela	343,94	13,56**	2334,32	0,20 ^{ns}	-134,12	2,02 ^{ns}	573,56	5,83*		
Modelo completo	330,38		2334,12		-136,14		567,73			
Média	3,71		47,96		4,89		3,12			
Efeitos	22 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	134,82	-0,01 ^{ns}	1836,51	1,86 ^{ns}	-256,47	0,17 ^{ns}	541,35	0,01 ^{ns}	99,07	0,00 ^{ns}
Parcela	133,15	0,32 ^{ns}	1834,65	0,00 ^{ns}	-253,15	3,49 ^{ns}	550,82	9,48**	109,16	10,09**
Modelo completo	134,83		1834,65		-256,64		541,34		99,07	
Média	3,74		47,31		3,11		4,43		3,25	
Efeitos	24 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	1937,81	3,42 ^{ns}	266,82	-0,02 ^{ns}	16,53	0,02 ^{ns}	477,76	0,01 ^{ns}	63,80	0,01 ^{ns}
Parcela	1934,40	0,01 ^{ns}	267,78	0,94 ^{ns}	16,75	0,24 ^{ns}	490,68	12,93**	68,90	5,11*
Modelo completo	1934,39		266,84		16,51		477,75		63,79	
Média	3,92		48,08		5,93		5,83		4,45	

Deviance¹: Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos; LRT²: Teste da razão de verossimilhança; *Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; ^{ns}: não significativo; Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

Os efeitos de progênie não foram significativos para as características avaliadas. Mesmo sendo coletadas de diferentes populações ao redor do município de Lavras/MG, os resultados encontrados apontam para a falta de variabilidade fenotípica para os caracteres avaliados existente entre as progênies quando plantadas no estado do Mato Grosso do Sul. Isto pode ter acontecido em decorrência da baixa variabilidade genética entre tais populações, ou em decorrência dos efeitos do ambiente sobre as progênies, uma vez que estas não se encontram no seu habitat natural. Outro fator que pode ter contribuído para este resultado é a idade precoce na qual as plantas se encontram, isto é, as diferenças genéticas entre as progênies podem não ter se manifestado ainda.

Os efeitos significativos para parcela nos caracteres forma de fuste (18, 22 e 24 meses), sanidade (22 e 24 meses) e altura de planta (18 meses) indicam que, dentro do bloco, a variação encontrada dentro das parcelas foi alta. Tal efeito pode ter acontecido em decorrência de diferenças encontradas no solo ao longo da parcela, tais como gradientes de fertilidades, ou pelo crescimento bastante irregular que as progênies ainda apresentam, uma vez que as mesmas ainda são bem jovens. Outro fator que possivelmente contribuiu para isso foi o ataque de formigas na área em que se situavam os últimos blocos das repetições 1 e 2, composta em sua maioria por progênies de Minas Gerais.

Em trabalho com clones do gênero *Eucalyptus* plantados em diferentes áreas experimentais, Reis et al. (2014) também encontraram efeito significativo para parcela ao avaliar altura da planta e circunferência à altura do peito, fator que foi atribuído à heterogeneidade do solo nos dois ambientes utilizados para o experimento.

Na Tabela 5 observa-se os resultados da análise de *deviance* individual para progênies do estado do Mato Grosso de Sul.

Tabela 5. Análise de deviance individual para procedência dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênie de canafístula de Mato Grosso do Sul aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.

Efeitos	18 meses									
	AP		DAP		NB		FF			
	Deviance ¹	LRT ²	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	536,01	0,02 ^{ns}	4345,71	0,02 ^{ns}	118,67	0,91 ^{ns}	1149,02	0,01 ^{ns}		
Parcela	578,03	42,04**	4390,23	44,54**	119,10	1,34 ^{ns}	1170,94	21,93**		
Modelo completo	535,99		4345,69		117,76		1149,01			
Média	3,36		42,89		4,70		3,15			
Efeitos	22 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	572,03	3,26 ^{ns}	4286,01	1,87 ^{ns}	610,70	2,17 ^{ns}	1087,58	0,03 ^{ns}	185,65	0,04 ^{ns}
Parcela	589,70	20,93**	4317,79	33,65**	633,83	25,30**	1105,81	18,26**	205,58	19,98**
Modelo completo	568,77		4284,14		608,53		1087,55		185,60	
Média	3,44		44,03		5,62		5,13		4,44	
Efeitos	24 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	598,74	2,88 ^{ns}	4617,71	2,76 ^{ns}	805,43	5,52*	932,12	0,64 ^{ns}	150,72	0,02 ^{ns}
Parcela	619,71	23,85**	4642,76	27,81**	801,26	1,35 ^{ns}	934,24	11,76**	164,01	13,31**
Modelo completo	595,86		4614,95		799,91		922,48		150,70	
Média	3,60		44,90		5,56		3,26		4,47	

Deviance¹: Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos; LRT²: Teste da razão de verossimilhança; *Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; ^{ns} : não significativo; Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

Foi observado efeito significativo para progênie apenas para o número de bifurcações aos 24 meses de idade (Tabela 5). Este resultado indica que existe pelo menos duas progênies estatisticamente diferentes quanto ao número de bifurcações, e conseqüentemente, há possibilidade de ganho com posteriores ciclos de seleção. Esta característica é de grande importância para a indústria madeireira, pois quanto menor a quantidade de bifurcações ao longo do tronco da árvore, maior será a qualidade da madeira para a indústria. Além disso, a presença de grande número de bifurcações ao longo do tronco indica a perda da dominância apical, fator que afeta negativamente o crescimento vertical da planta.

Resultados significativos para parcela foram encontrados em quase todos os caracteres, com exceção de número de bifurcação aos 18 e 24 meses, demonstrando que nas progênies de estado do Mato Grosso do Sul o efeito de parcelas foi mais significativo do que nas progênies de Minas Gerais (Tabela 4). De modo geral, seria mais comum que ocorresse o contrário, uma vez que as plantas de Mato Grosso do Sul estariam mais adaptadas ao ambiente, entretanto pode-se observar que as mesmas sofreram mais com as diferenças ambientais em cada parcela quando comparadas às de Minas Gerais.

Ao avaliar altura de planta, diâmetro à altura do peito e forma de fuste em populações de canafístula aos 24 anos de idade provenientes do Paraná e implantadas no município de Luiz Antônio/SP, Senna et al. (2012) observaram diferença genética significativa apenas para DAP, mas de modo geral apresentou pouca variação para todos os caracteres.

A ausência de efeito significativo de progênies, tanto para as plantas de Minas Gerais quanto as do Mato Grosso do Sul, aponta para a baixa probabilidade de ganhos genéticos com seleção entre as progênies, indicando que nos estágios em que as plantas foram avaliadas, a seleção ainda não é indicada. Apesar disso, pode-se obter ganhos por meio de seleção entre plantas dentro de progênies.

Os resultados da análise de *deviance* conjunta, isto é, avaliando ambas as procedências simultaneamente, podem ser observados na Tabela 6.

Tabela 6. Análise de deviance conjunta para procedências dos caracteres altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade, obtidas em avaliação de progênie e procedência de canafístula realizada aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.

Efeitos	18 meses									
	AP		DAP		NB		FF			
	Deviance ¹	LRT ²	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	840,66	0,00 ^{ns}	6383,07	0,02 ^{ns}	737,98	0,06 ^{ns}	1703,21	0,00 ^{ns}		
Procedência	858,92	18,26**	6395,38	12,33**	750,75	12,83**	1703,22	0,001 ^{ns}		
Parcela	898,09	57,43**	6428,92	45,86**	739,67	1,75 ^{ns}	1727,62	24,41**		
Modelo completo	840,66		6383,05		737,92		1703,21			
Efeitos	22 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	832,14	1,25 ^{ns}	6175,49	2,51 ^{ns}	635,77	3,46 ^{ns}	1618,84	-0,02 ^{ns}	270,18	0,17 ^{ns}
Procedência	839,35	8,46**	6174,66	1,68 ^{ns}	640,49	8,18**	1618,85	-0,01 ^{ns}	270,18	0,17 ^{ns}
Parcela	879,04	48,15**	6199,16	26,18**	632,59	0,28 ^{ns}	1650,83	31,97**	297,72	27,71**
Modelo completo	830,89		6172,98		632,31		1618,86		270,01	
Efeitos	24 meses									
	AP		DAP		NB		FF		SANIDADE	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Progênie	868,34	1,00 ^{ns}	6672,21	3,32 ^{ns}	919,19	2,78 ^{ns}	1386,02	0,09 ^{ns}	199,53	0,27 ^{ns}
Procedência	876,14	8,80**	6670,84	1,95 ^{ns}	924,30	7,89**	1386,03	0,10 ^{ns}	199,53	0,27 ^{ns}
Parcela	913,11	45,77**	6695,17	26,28**	917,04	0,63 ^{ns}	1409,90	23,16**	211,30	12,04**
Modelo completo	867,34		6668,89		916,41		1385,93		199,26	

Deviance¹: Deviance do modelo ajustado sem os referidos efeitos; LRT²: Teste da razão de verossimilhança; *Significativo a 5% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; **Significativo a 1% de probabilidade pelo teste Qui-quadrado; ^{ns}: não significativo; Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

Não foram observados efeitos significativos para progênes nas das características analisadas.

Os efeitos genéticos de procedência para altura de planta obtidos pela análise conjunta de *deviance* foram significativos nas três épocas de mensuração, de modo que este caractere demonstrou maior variabilidade ao longo do tempo, e essa diferença de desempenho evidencia a possibilidade de ganhos com seleção. A altura de planta é uma das características silviculturais de maior importância pois está diretamente ligada ao valor comercial da madeira, e a possibilidade de incremento na altura média das plantas por meio de seleção é um resultado muito promissor.

O diâmetro à altura do peito é determinante para avaliar o desempenho das progênes, uma vez que o aproveitamento da madeira de árvores com maior diâmetro é otimizado. Observou-se efeito de procedência significativo para DAP aos 18 meses de idade, demonstrando que existe variabilidade genética para esta característica e, conseqüentemente, existe a possibilidade de ganhos genéticos por meio de ciclos de seleção.

A análise de *deviance* conjunta demonstrou ainda efeitos significativos de procedência para número de bifurcações em todas as épocas de avaliação. Este resultado, associado ao efeito significativo de procedência para altura de planta e diâmetro à altura do peito nas três épocas de avaliação (Tabela 6), evidencia o potencial para ganhos com relação ao crescimento populações avaliadas, visto que existe a possibilidade de redução do número de bifurcações.

A forma de fuste deve ser uma das prioridades em um programa de melhoramento genético, pois irá influenciar diretamente o uso da madeira pela indústria. Se as árvores apresentam tronco tortuoso estas podem até ser utilizadas para alguns fins industriais, tais como a extração de produtos químicos e fabricação de carvão, entretanto não apresentarão um bom rendimento se empregadas em serraria, uma vez que esta última exige árvores com fuste reto (SENNA et al., 2012). Não foram observados efeitos significativos para FF na análise conjunta de *deviance* realizada.

Em estudo realizado a fim de verificar a variabilidade inter e intrapopulacional em canafístula, Shimizu et al. (1987) também obtiveram diferenças significativas entre procedências para a altura de planta. A expressão da variabilidade genética entre as

populações naturais oriundas de Bauru, Maringá, Terra Boa, Campo Mourão e Tenente Portela foi distinta quando plantadas em experimentos nos municípios de Assis, Toledo e Laranjeiras do Sul. Os resultados encontrados pelos autores indicam que existem locais mais adequados que outros para a expressão da variação genética em populações de canafístulas, conseqüentemente, certas populações apresentam desenvolvimento em determinados ambientes em comparação a outras.

Sanidade efeito significativo apenas para parcela, indicando que as diferenças encontradas entre parcelas do mesmo bloco foram grandes. Tal resultado aponta para o maior efeito ambiental em detrimento do efeito genético para esta característica, uma vez que efeitos de procedência e progênie não foram significativos.

As estimativas dos parâmetros genéticos, resultante da análise de *deviance* individual para plantas oriundas de Minas Gerais, podem ser observadas na Tabela 7.

Tabela 7. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade obtidas nas avaliações de progênies de canafístula oriundas de Minas Gerais, realizadas aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.

Parâmetros	18 meses				
	AP	DAP	NB	FF	
h^2_{aj}	0,16	0,08	0,01	0,01	
h^2_{mp}	0,28	0,12	0,05	0,03	
h^2_a	0,13	0,05	0,01	0,01	
C^2_{parc}	0,20	0,29	0,06	0,15	
CVe (%)	17,04	15,34	4,72	22,00	
CVgi (%)	10,50	5,61	1,05	4,03	
CVgp (%)	5,25	2,80	0,52	2,01	
CVr	0,31	0,18	0,11	0,09	
r_{aa}	0,52	0,34	0,22	0,18	
Parâmetros	22 meses				
	AP	DAP	NB	FF	Sanidade
h^2_{aj}	0,10	0,07	0,01	0,01	0,01
h^2_{mp}	0,15	0,11	0,02	0,02	0,03
h^2_a	0,07	0,05	0,01	0,01	0,01
C^2_{parc}	0,27	0,28	0,14	0,16	0,18
CVe (%)	15,74	15,48	22,17	8,56	20,32
CVgi (%)	6,73	5,35	3,45	1,23	3,44
CVgp (%)	3,37	2,67	1,73	0,61	1,72
CVr	0,21	0,17	0,07	0,07	0,08
r_{aa}	0,39	0,33	0,15	0,14	0,16
Parâmetros	24 meses				
	AP	DAP	NB	FF	Sanidade
h^2_{aj}	0,10	0,04	0,10	0,03	0,01
h^2_{mp}	0,17	0,07	0,33	0,16	0,02
h^2_a	0,08	0,03	0,10	0,03	0,01
C^2_{parc}	0,25	0,24	0,05	0,02	0,11
CVe (%)	14,81	15,18	3,17	4,46	7,43
CVgi (%)	6,75	4,37	2,22	1,92	1,17
CVgp (%)	3,37	2,13	1,11	0,96	0,58
CVr	0,22	0,14	0,30	0,21	0,07
r_{aa}	0,41	0,27	0,27	0,39	0,16

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênies; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; ajustada para efeitos da parcela; C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos da parcela; CVe (%): coeficiente de variação experimental; CVgi (%): coeficiente da variação genética aditiva individual; CVgp (%): coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVr : coeficiente de variação residual; r_{aa} : acurácia.

Em geral os valores obtidos para herdabilidade individual no sentido amplo (h^2_{aj}) se mostraram baixos, sugerindo que as condições para seleção de plantas individuais são desfavoráveis. De acordo com a literatura, estes valores aparecem no intervalo de 0,15 a 0,50 para caracteres de crescimento em plantas perenes, tais como altura de planta e volume (SAMPAIO, 2002; GARCIA e NOGUEIRA, 2005; MORAES et al., 2014), de modo que apenas AP aos 18 meses apresentou valor que se enquadra com os resultados observados em outros estudos.

A herdabilidade média de progênies, por sua vez, apresentou valores superiores à herdabilidade individual no sentido amplo para todas as características, embora tal diferença não tenha sido tão acentuada para sanidade e número de bifurcações.

Valores de herdabilidade individual no sentido restrito se mostraram baixos quando comparados às outras herdabilidades, sendo que altura de planta aos 18 meses apresentou o maior valor (0,13). Apesar disso, o valor encontrado para a herdabilidade média de progênies deste mesmo caráter foi duas vezes mais alto (0,26), apontando novamente para a eficiência da seleção baseada nas médias de progênies.

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (C^2_{parc}), assim como a acurácia, permite inferir sobre a qualidade experimental por meio da estimativa da variação ambiental entre parcelas dentro de blocos. Quando estes valores estão elevados, existe alta variabilidade entre as parcelas, dentro dos blocos, além de haver alta correlação ambiental entre os indivíduos, dentro da parcela. Pode-se observar que os valores deste coeficiente foram maiores para altura de planta e diâmetro à altura do peito (Tabela 7).

Os valores de coeficiente de variação experimental ($CVe\%$) para AP e DAP ficaram entre 14,81 e 17,04% nas plantas provenientes de Minas Gerais. Para a sanidade, a mensuração realizada aos 22 meses de idade da planta obteve maior valor de coeficiente de variação ambiental (20,32%). O $CVe\%$ para o caractere FF foi superior aos 18 meses de idade (22,00), indicando que nesta época o ambiente influenciou de modo mais intenso a expressão da forma de fuste nas progênies. Já para o caractere NB, observou-se valores abaixo de 5% aos 18 e 24 meses, e 22% aos 22 meses, de modo que o número de bifurcações foi mais influenciado pelo ambiente aos 22 meses.

Em estudo com a mesma espécie, Senna et al. (2012) encontraram valores de CVe de 7,8%, 8,4% e 11,9% para AP, DAP e forma de fuste, respectivamente. Tais valores são menores do que aqueles encontrados neste estudo. Entretanto os caracteres foram

mensurados em plantas com 24 anos de idade, as quais apresentam crescimento já estabilizado, ao contrário das progênies utilizadas no presente estudo.

Segundo Fonseca et al. (2010), o coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}\%$) é um parâmetro que quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção, de modo que valores altos resultam em maior possibilidade de ganho com seleção. Altura de planta e diâmetro à altura do peito apresentaram maior percentual de variação genética aditiva individual, indicando mais uma vez o potencial de ganho com seleção para estas características. Rocha et al. (2007) obtiveram valores de $CV_{gi}\%$ de 12,68 para DAP e 9,57 para AP em *Eucalyptus urophylla*, e de 12,54 para DAP e 8,89 para AP em *Eucalyptus grandis*, valores um pouco superiores aos encontrados neste estudo, demonstrando que a variabilidade genética existente entre as populações de canafístula estudadas é relativamente menor do que quando comparada às populações de *E. grandis* e *E. urophylla* avaliadas no estudo mencionado. De modo geral, esperava-se que as populações de canafístula apresentassem variabilidade genética maior quando comparadas às populações de eucalipto, uma vez que a primeira ainda não é uma espécie domesticada. Um fator que pode ter contribuído para este resultado foi a pré-seleção das plantas utilizadas na produção das mudas, isto é, as progênies utilizadas no experimento não foram coletadas de maneira aleatória, o que possivelmente reduziu a variabilidade genética disponível.

O caráter sanidade apresentou valores consideravelmente menores do que AP e DAP, fator que, aliado às baixas herdabilidades obtidas para tal caractere, indica a dificuldade de ganho com seleção do mesmo.

O coeficiente de variação genotípica entre progênies ($CV_{gp}\%$) permite a quantificação da variação genotípica entre as progênies para cada caractere avaliado. Mais uma vez a altura de planta e diâmetro à altura do peito apresentaram maiores valores, indicando que a possibilidade de ganhos com seleção para estes caracteres, aliados aos valores de herdabilidade média de progênies, é maior do que a possibilidade de ganho com as outras características avaliadas.

Os valores de CV_r obtidos para sanidade e forma de fuste foram muito baixos, enquanto que para AP, DAP e NB foram ligeiramente superiores. Apesar disso, os valores obtidos demonstram que a variação fenotípica observada foi mais influenciada por causas ambientais do que genéticas.

Os valores de acurácia variaram de 0,14 para FF aos 22 meses, até 0,52 para AP aos 18 meses. Diâmetro à altura do peito e altura de planta apresentaram valores de acurácia mais altos em comparação a número de bifurcações, tronco e fuste e sanidade, indicando que estimativas dos parâmetros genéticos realizadas para estas características apresentam maior grau de confiabilidade. Entretanto, de maneira geral, os resultados para acurácia encontrados neste estudo se mostraram baixos segundo classificação de Resende (2007b).

Os fatores que influenciam a acurácia geralmente estão relacionados ao delineamento experimental, isto é, número de parcelas, quantidade de blocos, número de progênies por parcelas, e o próprio delineamento experimental em si (RESENDE, 2002). Além disso, fatores genéticos podem influenciar os resultados relacionados à acurácia. Os valores baixos encontrados neste trabalho podem ser resultantes, pelo menos em parte, à pré-seleção realizada no momento de escolha dos frutos que geraram as mudas utilizadas, isto é, a realização da seleção de plantas com características silviculturais adequadas pode ter influenciado na acurácia obtida.

Na Tabela 8 pode-se observar os parâmetros genéticos estimados para as progênies de canafístula provenientes de Mato Grosso do Sul.

Tabela 8. Estimativas dos parâmetros genéticos para as características altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade obtidas nas avaliações de progênies de canafístula oriundas de Mato Grosso do Sul, realizadas aos 18, 22 e 24 meses de idade. UFGD, 2015.

Parâmetros	18 meses				
	AP	DAP	NB	FF	
h^2_{aj}	0,02	0,02	0,08	0,01	
h^2_{mp}	0,04	0,05	0,29	0,02	
h^2_a	0,01	0,02	0,08	0,01	
C^2_{parc}	0,23	0,25	0,04	0,15	
CVe (%)	15,85	18,45	5,98	22,48	
CVgi (%)	3,03	4,14	3,80	2,98	
CVgp (%)	1,52	2,07	1,90	1,49	
CVr	0,09	0,11	0,31	0,06	
r_{aa}	0,19	0,22	0,54	0,13	

Parâmetros	22 meses				
	AP	DAP	NB	FF	Sanidade
h^2_{aj}	0,30	0,28	0,24	0,02	0,02
h^2_{mp}	0,47	0,40	0,40	0,05	0,06
h^2_a	0,24	0,22	0,20	0,02	0,02
C^2_{parc}	0,15	0,21	0,17	0,16	0,16
CVe (%)	13,97	16,74	9,11	22,00	8,56
CVgi (%)	13,10	13,62	7,36	2,14	2,16
CVgp (%)	6,55	6,81	3,68	2,57	1,08
CVr	0,46	0,40	0,40	0,11	0,12
r_{aa}	0,68	0,63	0,67	0,23	0,24

Parâmetros	24 meses				
	AP	DAP	NB	FF	Sanidade
h^2_{aj}	0,28	0,31	0,26	0,12	0,01
h^2_{mp}	0,44	0,45	0,57	0,27	0,03
h^2_a	0,24	0,25	0,25	0,10	0,01
C^2_{parc}	0,16	0,19	0,04	0,13	0,11
CVe (%)	13,82	16,28	8,08	18,20	7,64
CVgi (%)	12,36	14,62	9,32	11,17	1,34
CVgp (%)	6,18	7,31	4,66	5,59	0,67
CVr	0,44	0,44	0,57	0,30	0,08
r_{aa}	0,67	0,67	0,76	0,52	0,17

h^2_{aj} : herdabilidade individual no sentido amplo; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênies; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; ajustada para efeitos da parcela; C^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos da parcela; CVe (%): coeficiente de variação experimental; CVgi (%): coeficiente da variação genética aditiva individual; CVgp (%): coeficiente de variação genotípica entre progênies; CVr : coeficiente de variação residual; r_{aa} : acurácia.

Com exceção de NB, as características avaliadas apresentaram valores de herdabilidade individual no sentido amplo, restrito e herdabilidade média de progênies muito baixos nas avaliações realizadas aos 18 meses, porém nas avaliações realizadas aos 22 e 24

meses os valores aumentaram significativamente para altura de planta, diâmetro à altura do peito e número de bifurcações.

Número de bifurcações apresentou valores de herdabilidade média de progênes mais altos aos 18 e 22 meses de idade, seguidos por altura de planta e circunferência à altura do peito aos 22 e 24 meses de idade, evidenciando o potencial de ganho com seleção com as médias de progênes para tais características.

Com relação aos valores de herdabilidade individual do sentido restrito, observou-se aumento significativo entre avaliações realizadas para todas as características aos 18 meses e aos 22 meses, com exceção forma de fuste. Já aos 24 meses, os valores obtidos para DAP, AP e NB se mantiveram na mesma faixa. Apesar dos valores de herdabilidade individual no sentido restrito terem aumentado com o passar do tempo, estes ainda se mostraram mais baixos do que os valores de herdabilidade média de progênes.

Em estudo realizado com aroeira (*Myracrodruon urundeuva*), Cardarelli et al. (2013) obtiveram valores de herdabilidade individual no sentido restrito de 0,034 para altura de planta e 0,025 para diâmetro, valores muito inferiores aos encontrados neste estudo.

De acordo com os valores de herdabilidade encontrados para AP, DAP e NB, a seleção baseada na média das progênes seria mais adequada do que a seleção baseada em plantas individuais, uma vez que a primeira apresentará maior nível de precisão. Isso pode ser explicado devido ao fato de que, adotando-se valores de médias, os erros experimentais apresentam menor influência nos resultados, ao contrário do que ocorre quando se adota indivíduos como critério de seleção (VENCOSKY e BARRIGA, 1992).

As características sanidade e FF apresentaram os valores mais baixos de herdabilidade observados. De acordo com Borém e Miranda (2005), características que se desenvolvem num curto espaço de tempo apresentam maior herdabilidade, uma vez que ficam menos tempo expostas ao efeito ambiental sobre a expressão das mesmas. Tal hipótese poderia explicar os valores de herdabilidade obtidos para estas características, uma vez que a expressão de seus fenótipos se dão ao longo de muitos anos.

Diversos fatores podem afetar a herdabilidade, tais como o método de mensuração, a diversidade genética da população, o nível de endogamia, a precisão do experimento, bem como a própria característica avaliada. Características que apresentam baixa herdabilidade, conforme observadas no estudo, exigem métodos de seleção mais rigorosos do que aqueles que apresentam herdabilidade alta. Isso se deve ao fato de que, conforme os ciclos de seleção

são realizados, valores de herdabilidade restrita vão aumentando gradativamente, de modo a aumentar a variância genética aditiva e diminuir a variância dominante (PIRES et al., 2011; RAMALHO e VENCOVSKY 1978). Deste modo, caracteres como forma de fuste e sanidade, que apresentavam baixos valores de herdabilidade no presente estudo, devem ser selecionados em estágios mais avançados em um programa de melhoramento genético.

Nas progênies de Mato Grosso do Sul, os valores para C^2_{parc} obtidos variaram de 4%, quanto ao número de bifurcações aos 18 e 24 meses de idade, a 25% quanto ao diâmetro à altura do peito aos 18 meses de idade. Isso quer dizer que menos de 30% da variação fenotípica mensurada se deu em função da variação ambiental entre parcelas dentro dos blocos.

Os valores de $CVe\%$ obtidos para sanidade foram baixos em todas as épocas de mensuração quando comparados aos valores obtidos para o restante das características avaliadas, indicando que o ambiente exerceu pouca influência na expressão desta característica.

Os valores de $CVe\%$ para AP e DAP se mantiveram numa faixa de 13% a 19%. Em progênies de meio-irmãos de *Eucalyptus urophylla* e *Eucalyptus grandis*, Rocha et al. (2007) encontrou valores de coeficiente de variação experimental de 6,43% e 7,43% para AP e DAP, respectivamente, porém as medições foram realizadas aos 58 meses de idade das plantas. Já Moraes et al. (2014), em estudo realizado com várias espécies de eucalipto, o coeficiente de variação experimental para DAP e AP aos 24 meses de idade foram de 10,80 e 20,50, respectivamente, indicando que os valores encontrados neste experimento se encontram de acordo com a literatura. A idade em que as medições são realizadas pode interferir no coeficiente de variação experimental pois os indivíduos que se encontram em fases mais iniciais de crescimento apresentam desenvolvimento bastante irregular, de modo que o mesmo vai se estabilizando conforme o passar do tempo. Além disso, estes dois caracteres foram os mais influenciados por fatores ambientais, tais como a corte das plantas em processos de capina mecanizados.

Forma de fuste foi o caráter que apresentou maior $CVe\%$, de modo que aproximadamente 20% da variação fenotípica observada não foi ocasionada pelas diferenças entre as progênies, e sim pelo ambiente. Quando comparadas às progênies de Minas Gerais (Tabela 7), observa-se que os valores para as progênies de Mato Grosso do Sul foram superiores aos 22 e 24 meses.

Número de bifurcações e sanidade apresentaram os menores valores de CVgi %, de modo que estas são as características que apresentam menor variabilidade genética e consequentemente menor possibilidade de ganho com seleção. Observa-se que houve um aumento deste parâmetro para AP e DAP entre os 22 e os 24 meses, e que os valores se mantiveram na mesma faixa aos 24 meses, o que já era esperado em função do menor intervalo de tempo entre as duas últimas épocas de mensuração. Ainda assim, o aumento no CVgi% ao longo das épocas de avaliação é promissor, pois indica aumento do potencial de ganho com seleção conforme a planta cresce.

Os valores de CVr obtidos para AP, DAP e NB para as progênies de Mato Grosso do Sul foram ligeiramente superiores quando comparadas às de Minas Gerais (Tabela 7), entretanto pode-se observar que o ambiente ainda contribuiu para maior parte da expressão do fenótipo, uma vez que os valores obtidos não são superiores a 1.

De modo similar aos valores de CVgi%, a acurácia apresentou grande aumento nos valores observados para as características aos 18 e aos 22 meses de idade. Número de bifurcações apresentou maiores valores nas três épocas de mensuração, de modo que a estimação dos parâmetros genéticos e as possíveis predições de ganhos genéticos para esta característica se dão com maior confiabilidade quando comparados às demais características. De maneira geral, os valores de acurácia obtidos se mostraram superiores aos obtidos para as mesmas características nas progênies de Minas Gerais (Tabela 7), indicando maior confiabilidade nas avaliações e possíveis predições a serem realizadas com as progênies do Mato Grosso de Sul.

Os resultados obtidos por meio da metodologia de modelos mistos são um ordenamento decrescente dos genótipos segundo seus valores genéticos corrigidos. Na Tabela 9 pode-se observar o ordenamento das 15 progênies de Minas Gerais que apresentaram melhor desempenho.

Tabela 9. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênies com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP) e número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos às progênies de canafístula oriundas de Minas Gerais. UFGD, 2015.

Ordem	AP			DAP			NB		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	45	4,02	0,3193	61	48,96	0,8799	51	4,89	0,0047
2	46	4,00	0,3064	47	48,96	0,8612	63	4,89	0,0047
3	61	3,99	0,2997	48	48,85	0,7734	60	4,89	0,0043
4	60	3,97	0,2887	44	48,68	0,6020	48	4,89	0,0042
5	54	3,89	0,2297	59	48,66	0,7010	49	4,89	0,0041
6	48	3,89	0,2950	52	48,65	0,6885	54	4,89	0,0040
7	59	3,88	0,2158	60	48,64	0,6877	56	4,89	0,0039
8	41	3,88	0,2146	63	48,63	0,6719	52	4,89	0,0038
9	47	3,88	0,2135	46	48,51	0,6112	50	4,89	0,0035
10	62	3,87	0,2046	58	48,51	0,6013	62	4,89	0,0035
11	63	3,86	0,2007	51	48,47	0,5666	58	4,89	0,0031
12	51	3,86	0,1978	54	48,46	0,5452	61	4,89	0,0025
13	53	3,84	0,1907	57	48,42	0,5172	57	4,89	0,0025
14	40	3,84	0,1850	53	48,39	0,4851	47	4,89	0,0024
15	42	3,83	0,1782	49	48,34	0,4550	46	4,89	0,0024

Ordem	FF			SANIDADE		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	52	3,14	0,0287	61	3,27	0,0244
2	53	3,14	0,0273	52	3,27	0,0238
3	47	3,14	0,0272	53	3,27	0,0227
4	55	3,14	0,0270	63	3,27	0,0226
5	61	3,14	0,0265	48	3,27	0,0223
6	48	3,14	0,0264	55	3,27	0,0214
7	63	3,14	0,0257	39	3,27	0,0210
8	60	3,14	0,0234	49	3,27	0,0199
9	64	3,13	0,0232	64	3,27	0,0195
10	50	3,13	0,0223	31	3,27	0,0193
11	49	3,13	0,0209	46	3,27	0,0190
12	40	3,13	0,0200	60	3,27	0,0190
13	54	3,13	0,0197	41	3,27	0,0189
14	58	3,13	0,0189	40	3,26	0,0180
15	46	3,13	0,0184	50	3,26	0,0170

Observa-se que a progênie 48 se destaca, estando presente entre os cinco maiores valores genéticos para todas as características analisadas, seguida da progênie 61, que está entre os melhores desempenhos em quatro das cinco características (altura de planta, diâmetro à altura do peito, sanidade e forma de fuste). A progênie 63 também se destaca, estando entre os 10 maiores valores genéticos para todas as características. Tais observações tornam claras as possibilidades de se encontrar, dentro destas populações, indivíduos que acrescentem alelos favoráveis para estas características.

O diâmetro à altura do peito é uma das características silviculturais mais importantes do ponto de vista industrial. Observa-se ganho genético de até 0,87 para DAP. Número de bifurcações, forma de fuste e sanidade, por sua vez, apresentaram valores de ganho genético acumulado inferiores aos observados para DAP e AP.

Sanidade foi a característica que apresentou menor valor para ganho genético acumulado. Considerando-se este fator, bem como valores de herdabilidade obtidos para este caractere (Tabela 7), pode-se inferir que a probabilidade de obtenção de ganhos com seleção para esta característica se mostra pequena, sendo aconselhado que se selecione progênies superiores quanto à sanidade em estágios de seleção mais avançados. O mesmo pode ser observado para a forma de fuste.

Na Tabela 10 verifica-se os resultados das 15 progênies de Mato Grosso do Sul que apresentaram melhor desempenho segundo a classificação BLUP.

Tabela 10. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênies com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos às progênies de canafístula oriundas de Mato Grosso do Sul. UFGD, 2015.

Ordem	AP			DAP			NB		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	18	4,08	0,5339	18	43,51	0,6173	1	5,82	0,2726
2	39	4,07	0,5252	32	43,51	0,6173	27	5,82	0,2650
3	30	4,06	0,5176	29	43,50	0,6145	18	5,81	0,2604
4	26	4,01	0,4650	21	43,47	0,5976	12	5,81	0,2579
5	19	3,96	0,4346	4	43,44	0,5900	2	5,81	0,2542
6	23	3,93	0,4137	23	43,41	0,5811	17	5,80	0,2517
7	17	3,93	0,4069	24	43,37	0,5371	4	5,78	0,2367
8	28	3,92	0,3988	17	43,36	0,5293	14	5,77	0,2344
9	20	3,92	0,3959	2	43,34	0,5180	29	5,74	0,2200
10	29	3,92	0,3945	16	43,33	0,5145	39	5,73	0,2175
11	21	3,90	0,3848	38	43,32	0,5049	22	5,73	0,2148
12	14	3,90	0,3834	26	43,30	0,4904	38	5,72	0,2136
13	7	3,88	0,3743	39	43,30	0,4828	20	5,72	0,2127
14	5	3,88	0,3683	22	43,30	0,4764	30	5,71	0,2090
15	24	3,88	0,3671	27	43,29	0,4706	28	5,71	0,2083

Ordem	FF			SANIDADE		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	16	3,21	0,054	37	4,47	0,0251
2	20	3,20	0,0523	28	4,47	0,0243
3	21	3,20	0,0502	11	4,47	0,0237
4	25	3,20	0,0500	36	4,47	0,0236
5	9	3,19	0,0466	17	4,47	0,0234
6	38	3,19	0,0448	4	4,47	0,0223
7	1	3,19	0,0430	34	4,68	0,0215
8	29	3,19	0,0427	16	4,46	0,0213
9	11	3,19	0,0426	9	4,46	0,0209
10	26	3,19	0,0425	32	4,46	0,0205
11	7	3,19	0,0423	18	4,46	0,0202
12	4	3,19	0,0422	6	4,46	0,0193
13	28	3,19	0,0409	24	4,46	0,0188
14	33	3,18	0,0398	29	4,46	0,0185
15	9	3,18	0,0389	23	4,46	0,0181

O valor de ganho genético em altura de planta para as progênies do Mato Grosso do Sul (Tabela 10) foi de 0,53. Costa et al. (2015), em estudo realizado com progênies de *Eucalyptus camaldulensis* aos 48 meses de idade, obtiveram valor de ganho genético para altura de planta de 1,0. Os valores encontrados no presente estudo correspondem a aproximadamente a metade dos ganhos observados por Costa et al. (2015), entretanto isso pode ser justificado pela idade avançada nas quais as plantas de eucalipto foram analisadas, bem como às condições atuais de ambas as espécies, isto é, espera-se que a canafístula, enquanto planta nativa, apresente resultados inferiores ao eucalipto, espécie que já está sob processo de melhoramento genético há muitos anos.

A progênie 18 apresentou desempenho destacado, aparecendo entre os cinco valores mais altos em três das cinco características analisadas (altura de planta, diâmetro à altura do peito e número de bifurcações), de modo que a mesma consiste em uma opção viável para incremento da média populacional em futuras seleções.

Apesar de o número de bifurcações apresentar ganhos relativamente baixos quando comparados a AP e DAP, a acurácia relacionada a essa característica foi superior aos valores obtidos para AP e DAP, indicando que as predições realizadas para número de bifurcações estão mais próximas da realidade.

Sanidade foi a característica que apresentou menores valores de ganho genético, isto é, mesmo que se selecione as melhores progênies para esta característica, haverá pouca contribuição no que diz respeito à diminuição na susceptibilidade a doenças por parte das progênies.

Abaixo pode-se observar o ordenamento das progênies com melhor desempenho na análise conjunta (Tabela 11).

Tabela 11. Predição do valor genético aditivo ($\mu+a$) e ganho genético acumulado (GA) das 15 progênies com melhor desempenho em altura de planta (AP), diâmetro à altura do peito (DAP), número de bifurcações (NB), forma de fuste (FF) e sanidade relativos à análise conjunta para procedência em canafístula. UFGD, 2015.

Ordem	AP			DAP			NB		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	44	3,89	0,1361	16	44,19	0,1595	27	5,67	0,0173
2	43	3,81	0,1190	2	44,16	0,1303	35	5,67	0,0152
3	60	3,80	0,1157	56	44,16	0,1299	38	5,67	0,0149
4	41	3,80	0,1097	50	44,15	0,1172	2	5,67	0,0122
5	48	3,80	0,1091	48	44,14	0,1147	14	5,67	0,0121
6	45	3,78	0,0953	32	44,14	0,1090	28	5,67	0,0115
7	52	3,78	0,0948	4	44,13	0,0986	32	5,67	0,0111
8	39	3,78	0,0922	61	44,12	0,0944	49	5,67	0,0102
9	49	3,76	0,0681	29	44,11	0,0865	44	5,67	0,0100
10	18	3,75	0,0649	23	44,10	0,0756	1	5,67	0,0099
11	47	3,75	0,0628	10	44,10	0,0738	17	5,67	0,0097
12	54	3,74	0,0559	27	44,09	0,0650	20	5,66	0,0087
13	51	3,74	0,0531	52	44,08	0,0629	50	5,66	0,0086
14	61	3,74	0,0517	47	44,08	0,0551	5	5,66	0,0082
15	14	3,73	0,0368	59	44,07	0,0470	52	5,66	0,0078

Ordem	FF			SANIDADE		
	Prog	$\mu+a$	GA	Prog	$\mu+a$	GA
1	41	3,18	0,0328	61	4,48	0,0434
2	16	3,16	0,0168	36	4,47	0,0336
3	9	3,16	0,0157	28	4,46	0,0264
4	45	3,16	0,0137	40	4,46	0,0253
5	25	3,16	0,0135	37	4,46	0,0251
6	20	3,16	0,0132	17	4,46	0,0229
7	63	3,16	0,0131	18	4,46	0,0224
8	53	3,16	0,0127	55	4,46	0,0220
9	52	3,16	0,0118	11	4,46	0,0210
10	21	3,15	0,0108	4	4,46	0,0210
11	24	3,15	0,0093	43	4,46	0,0210
12	43	3,15	0,0082	9	4,46	0,0205
13	1	3,15	0,0076	42	4,46	0,0205
14	48	3,15	0,0074	16	4,45	0,0189
15	7	3,14	0,0072	32	4,45	0,0164

Com relação à altura de planta, pode-se observar que, dentre as dez primeiras progênies classificadas, oito correspondem a progênies provenientes de Minas Gerais, evidenciando o melhor desempenho das mesmas para esta característica. O oposto pode ser observado para número de bifurcações, nas quais oito entre as dez melhores progênies são provenientes do Mato Grosso do Sul, demonstrando que, em geral, tais plantas apresentam menor capacidade de brotação do que as progênies de Minas Gerais, diminuindo então o número de bifurcações nas gerações seguintes.

Em geral, número de bifurcações e sanidade foram as características que apresentaram menores valores de ganho genético, de modo que a seleção de progênies visando o melhoramento destes caracteres deve ser priorizado em estágios mais avançados de um programa de melhoramento genético, dando maior ênfase para altura de planta e diâmetro à altura do peito no estágio no qual as progênies se encontram.

6. Conclusões

As características altura de planta e diâmetro à altura do peito se mostraram mais promissoras para obtenção de ganhos genéticos por meio de seleção do que as características forma de fuste, sanidade e número de bifurcações.

Dentre as populações oriundas de Minas Gerais, as progênies 61, 48 e 63 se mostraram adequadas para futuras seleções nos programas de melhoramento genético. A progênie 18, de Mato Grosso do Sul, apresentou melhor desempenho dentre as populações do estado. As progênies de Minas Gerais tem mais potencial para contribuir com a altura de planta, enquanto que as progênies de Mato Grosso do Sul apresentam melhores resultados em relação à diminuição do número de bifurcações.

De modo geral, observou-se maiores efeitos ambientais do que genéticos para as progênies de canafístula avaliadas neste estudo.

7.Referências Bibliográficas

ALCALAY, N.; DIAS, L.L.; AMARAL, D.M.I.; ANTONIO, M.G.; SAGRILLO, M.; MELLO, S.C.; RAGAGNIN, L.F.M.; SILVA, N.A.; **Informações sobre tecnologia de sementes e viveiro florestal. Instituto de Pesquisas e Recursos Naturais Renováveis AP: Porto Alegre. 1988. 9p.**

BELTRAME, R.; BISOGNIN, D. A., MATTOS, B. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; HASELEIN, C. R.; GATTO, D. A.; SANTOS, G. A. Desempenho silvicultural e seleção precoce de clones de híbridos de eucalipto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, n. 47, p. 791-796, 2012.

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

CARDERALLI, A.; COSTA, R. B.; AZEVEDO, L. P. A.; RIBEIRO, E. S.; BATISTA, B. M. F.; SOUZA, R. A. T. M.; Seleção precoce em progênies de meios irmãos de *Myracrodruon urundeuva* Fr.All. via metodologia REML/BLUP. **Ambiência Guarapuava**, v. 9, n. 3, 2013.

CARVALHO, P.E.R. **Espécies Florestais Brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso de madeira**. Brasília: EMBRAPA-CNPQ, 1994. 640p.

CARVALHO, P.E.R., **Espécies arbóreas brasileiras**. Brasília : Embrapa Informação Tecnológica ; Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 1039 p.

Click Mudas. Link de acesso
<<http://www.clickmudas.com.br/catalogsearch/result/?q=canaf%C3%ADstula>>, 2015.

COSTA, R.B.; MARTINEZ, D. T.; SILVA, J. C.; ALMEIDA, B. C.; Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista Ciências Agrárias**, v. 58, n. 1, p. 69-74, 2015.

DAVIDE, A. C.; Avaliação de métodos para quebra da dormência e para a desinfestação de sementes de canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert. **Revista Árvore**, p. 597-603, 2003.

DAVIDE, A.C.; SILVA, E.A.A.;**Produção de sementes e mudas de espécies florestais**. Lavras: UFLA, 2008, 175p.

DONADIO, N.M.M.; DEMATTÊ, M.E.S.P.; Morfologia dos frutos, sementes e plântulas de canafístula (*Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub.) e jacarandá-da-Bahia (*Dalbergia nigra* (Vell.) F.All. ex Benth.) – Fabaceae, **Revista Brasileira de Sementes**, v. 22, n. 1, p. 64-73, 2000.

DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. Estimção e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v.58, p.109-117, 2001.

DURIGAN, G.; FIGLIOLIA, M.B.; KAWABATA, M.; GARRIDO, M.A.O.; BAITELLO, J.B.; **Sementes e mudas de árvores tropicais**. Páginas & Letras: São Paulo. 1997. 65p.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, DF: Embrapa Produção da Informação. 1999. 412 p.

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

FAOSTAT – FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION CORPORATE STATISTICAL DATABASE. 2014

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D; **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. Brasília: Embrapa. 1998. 220 p.

FONSECA, S. M.; RESENDE, M. D. V.; ALFENAS, A. C.; GUIMARÃES, L. M. S.; ASSIS, T. F.; GRATTAPAGLIA, D.; **Manual Prático de Melhoramento Genético do Eucalipto**. Editora UFV: Viçosa. 2010. 200p.

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

GARTLAND, H.M.; SALAZAR, W.; **Descripcion y clave de reconocimiento de las principales especies forestales de Misiones al estado de renuero**. Yvyretá: Eldorado, v. 3, n. 3, p. 117-129, 1992

GONDIN, T. M. S.; BELTRÃO, N. E. M.; PEREIRA, W. E.; OLIVEIRA, A. P.; FILHO, J. L. S.; Plasticidade fenotípica de mamoneira precoce sob diferentes arranjos espaciais em consórcio com feijão caupi. **Ciência Agronômica**, v. 45, n. 1, p. 128-137, 2014

GUERRA, M.P.; NODARI, R.O.; REIS, A.; GRANDO, J.L.; Comportamento de canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert em viveiro, submetida a diferentes métodos de quebra de dormência e semeadura. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, n.5, p. 1-15, 1982

HARTMANN, H. T.; KESTER, D. E.; **Propagación de plantas: principios y praticas**. 3 ed. Continental: México. 1967. 693p.

HENDERSON, C.R.; QUAAS, R. L.; Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 43, p. 1188-1197, 1976

IBF – INSTITUTO BRASILEIRO DE FLORESTAS. Link de acesso <<http://ibflorestas.org.br/loja/catalogsearch/result/?q=canaf%C3%ADstula>>, 2015

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção da extração vegetal e da silvicultura** 2012. 2013.

LATIF, M.A. Bark, a potentiel source of useful products. **The Pakistan Journal of forest**, Pakistan, v.16, n.2, p. 172-175, 1966.

LOMBARDO, A.; **Flora arbórea y arborescente del Urugai**. Concejo Departamental de Montevideo: Montevideo, 1964, 151p.

LOPEZ, J.A.; JUNIOR, E.L.L.; RIZ, G.F.; ROMBOLD, J.S.; HAHN, W.J.; **Arboles comunes del Paragay**. Cuerpo de Paz: Washington, 1987, 425p.

LORENZI, H. **Árvores brasileiras: Manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. 3.ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2001. v.2. 162p.

MARTINEZ-CROVETTO, R. Esquema fitogeográfico de la provincia de Misiones (Republica Argentina). **Corrientes**, v.1, n. 3, p. 171-223, 1963

MASSARO, R. A. M.; BONINE, C. A. V.; SCARPINATI, E. A.; PAULA, R. C. Viabilidade de aplicação da seleção precoce em testes clonais de *Eucalyptus* spp. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 20, n. 4. p. 597- 609, 2010

MODES, K. S.; VIVIAN, M. A.; LILGE, D. S.; MELO, R. R.; SANTINI, E. J.; HASELEIM, C. R.; Utilização da madeira de canafístula (*Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub.) na confecção de chapas de madeira aglomeradas. **Ciência florestal**, v. 22, n. 1, p. 147-159, 2012

MORAES, C. B.; FREITAS, T. C. M.; PLERONI, G. B.; RESENDE, M. D. V.; ZIMBACK, L.; MORI, E. S.; Estimativas de parâmetros genéticos para seleção precoce de clones de *Eucalyptus* para região em ocorrência de geadas. **Scientia florestalis**, v. 42. N. 102, p. 219-227, 2014

OLIVEIRA, L. M.; DAVIDE, A. C.; CARVALHO, M. L. M.; Teste de germinação de sementes de *Peltophorum dubium* (Sprengel) taubert – Fabaceae. **Floresta**, v. 38, n. 3, p. 545-551, 2008

PEREIRA, A. B.; Avaliação da eficiência de seleção precoce em famílias de meio-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* Dehn., na região noroeste do estado de Minas Gerais. Dissertação – (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). UFLA, Lavras, MG. 68 p. 1996

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

PIMENTEL GOMES, F.; **Curso de estatística experimental**, 14. Ed. Piracicaba: Degaspari. 2000. 477 p.

PINTO, D.S.; RESENDE, R. T.; MESQUITA, A. G. G.; ROSADO, A. M.; CRUZ, C. D.; Seleção precoce para características de crescimento em testes clonais de *Eucalyptus urophylla*, **Scientia florestalis**, v. 42, n. 102, p. 251-257, 2014

PIRES, I. E.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, R. L.; RESENDE JUNIOR, M. R. R.; **Genética Florestal**. Viçosa: Editora arka, 2011. 318 p.

PIROLI, E.L.; CUSTÓDIO, C.C.; ROCHA, M.R.V.; UDENAL, J.S.; Germinação de sementes de canafístula *Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub. Tratadas para superação da dormência, **Coloquium Agrariae**, v. 1, n. 1, p. 13-18, 2005

RAMALHO, M. A. P.; VENCOSKY, R.; Estimção dos componentes de variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, n. 2, p. 117-140, 1978

REIS, C. A. F. V.; GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ROSADO, A. M.; Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 5 p. 517-523, 2011

REIS, C. A. F.; SANTOS, P. E. D.; FILHO, E. P.; Avaliação de clones de eucalipto em Ponta Porã, Mato Grosso do Sul. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 34, n. 80, p. 263-269, 2014

RESENDE, M.D.V.; Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. UFV: Viçosa, 2000. p. 589 – 647

RESENDE, M.D.V.; Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; INGLIS, M.C.V.; **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 357-421

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

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

RESENDE, M.D.V.; **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN–REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361p.

RESENDE, M. D. V.; **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362 p.

RESENDE, M. D. V.; **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa. 2009. 976 p.

REVISTA DA MADEIRA. Espécies tropicais promissoras. Revista da Madeira, v.18, n.108, p.98-106, 2007.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007

SOBRAL, M. JARENKOW, J. A.; BRACK, P.; IRGANG, B. E.; LAROCCA, J.; RODRIGUES, R. S.; **Flora arbórea e arborecente do Rio Grande do Sul, Brasil. Novo Ambiente/ São Carlos**. 2006. 362 p.

SCHORN, L. A.; MEYER, L.; SEVEGNANI, L.; VIBRANS, A. C.; VANESSA, D.; GASPER, L. A. L.; UHLMANN, A.; VERDI, M.; STIVAL-SANTOS, A.; Fitossociologia de fragmentos de floresta estacional decidual no estado de Santa Catarina – Brasil, **Ciência florestal**, v. 24, n. 4, p. 821 – 831, 2014

SBA – Sistema Brasileiro do Agronegócio. Link de acesso: <www.sba1.com>, 2015

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. M. C.; RIBEIRO, G.; Estimção de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 9, n. 11, p. 882-890, 2014

SALERNO, A. R.; SCHALLENBERGER, T. C. H.; STUKER, H.; Quebra da dormência em sementes de canafístula. **Agropecuária Catarinense**, v. 9, n. 1, p. 9-11, 1996

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*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 5, p. 625-636, 2002

SCHALLER, A.; Induced plant resistance to herbivory. In: BERNARDS, M.A.; BASTRUP-SPOHR, L.; **Phenylpropanoid metabolism induced by wounding and insect herbivory**. Springer: Nova York, 2008. P. 189-208

SEBBENN, A.M.; DEGEN, B.; AZEVEDO, V.C.R.; SILVA, M.B.; LACERDA, A.E.; CIAMPI, A.Y.; KANASHIRO, M.; CARNEIRO, F.; TOMPSON, I.; LOVELESS L.D. Modelling the long-term impacts of selective logging on genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest. **Forest Ecology and Management**, v. 254, p. 335-349, 2008.

SENNA, S. N.; FREITAS, M. L. M.; ZANATTO, A. C. S.; MORAIS, E.; ZANATA, M.; MORAES, M. L. T.; SEBBENN, A. M.; Variação e parâmetros genéticos em teste de progênie de polinização livre de *Peltophorum dubium* (Sprengel) taubert em Luiz Antonio – SP. **Scientia Florestalis**, v. 40, n. 95, p. 345-352, 2012

SHIMIZU, J. Y.; GARRIDO, L. M. A. G. GARRIDO, M. A.; CARVALHO, P. E. R.; CARPANEZZI, A. A. Variações inter e intrapopulacionais em Canafístula. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 14, p.19-27, jun. 1987.

SIQUEIRA, A.C.M.F.; NOGUEIRA, J.C.B.; ZANATIO, A.C.Z.; MORAIS, E.; ZANDARIN, M.A.; Conservação dos recursos genéticos de guarucaia – *Peltophorum dubium* (Spreng.) Taub. Boletim Técnico do Instituto Florestal, São Paulo, v. 40A, p. 302-313, 1986.

TERRA, M. T. C.; CARVALHO, R. P.; DANIEL, O.; VIEIRA, A. V. G.; OLIVEIRA, R. S. S. F.; GAMA, T. B.; Comparação de crescimento entre procedências e progênies de canafístula (*Peltophorum dubium* (Sprengel) Taubert) visando o estabelecimento de pomares de plantas superiores. In: Encontro de ensino, pesquisa e extensão, 8., Dourados, 2014.

TIRELLI, A.A.; ALVES, D.S.; CARVALHO, G.A.; SÂMIA, R.R.; BRUM, S.S.; GUERREIRO, M.C.; Efeito de frações tânicas sobre parâmetros biológicos e nutricionais de *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: noctuidae), **Ciência e agrotecnologia**, v. 34, n. 6, p. 1417 – 1424, 2010

VENCOVSKY, R.; Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. **Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais**, v. 35, p. 79-89, 1987

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P.; **Genética Biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIVIAN, M. A.; MODES, K. S.; BELTRAME, R.; SOUZA, J. T.; SANTINI, E. J.; HASELEIN, C. R.; Propriedades físico-químicas da madeira de canafístula aos 10 anos de idade. **Ciência Rural**, v. 40, n. 5, p. 1097-1102