

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE TECNOLOGIA
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA FLORESTAL**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM *Pterogyne nitens* TUL.
(AMENDOIM-DO-CAMPO) EM CONDIÇÕES DE
LABORATÓRIO E DE VIVEIRO**

LEILIANE SARAIVA DA SILVA

ORIENTADOR: ILDEU SOARES MARTINS

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM CIÊNCIAS FLORESTAIS

**PUBLICAÇÃO: EFL:120/2009.
BRASÍLIA/DF: MARÇO DE 2009.**

UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE TECNOLOGIA
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA FLORESTAL

VARIABILIDADE GENÉTICA EM *Pterogyne nitens* TUL. (AMENDOIM-DO-CAMPO) EM CONDIÇÕES DE LABORATÓRIO E DE VIVEIRO

LEILIANE SARAIVA DA SILVA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO SUBMETIDA AO DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA FLORESTAL DA FACULDADE DE TECNOLOGIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, COMO PARTE DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE.

APROVADA POR:

**Prof. Dr. Ildeu Soares Martins (Departamento de Engenharia Florestal, UnB)
(ORIENTADOR);**

**Prof. Dr. Mauro Eloi Nappo (Departamento de Engenharia Florestal, UnB)
(Examinador interno);**

**Prof. Dr. João Batista Teixeira (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária);
(Examinador externo)**

**Prof. Dr. Rosana de Carvalho Cristo Martins (Departamento de Engenharia Florestal, UnB)
(Examinador suplente)**

Brasília, 02 de março de 2009

FICHA CATALOGRÁFICA

SILVA, LEILIANE SARAIVA DA

Variabilidade genética em *Pterogyne nitens* Tul. (amendoim-do-campo) em condições de laboratório e de viveiro [Distrito Federal] 2009.

xvii, 74p., 210 x 297 mm (EFL/FT/UnB, Mestre, Dissertação de Mestrado – Universidade de Brasília. Faculdade de Tecnologia.

Departamento de Engenharia Florestal

1. Germinação

2. Melhoramento genético florestal

3. Parâmetros genéticos

4. Métodos de seleção

I. EFL/FT/UnB

II. Título

REFERÊNCIA

Variabilidade genética em *Pterogyne nitens* Tul. (amendoim-do-campo) em condições de laboratório e de viveiro. Dissertação de Mestrado em Ciências Florestais, Publicação EFL.DM-120/2009. Departamento de Engenharia Florestal, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 74p.

CESSÃO DE DIREITOS

AUTORA: Leiliane Saraiva da Silva.

TÍTULO: Variabilidade genética em *Pterogyne nitens* Tul. (amendoim-do-campo) em condições de laboratório e de viveiro.

GRAU: Mestre

ANO: 2009

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta dissertação de mestrado e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva outros direitos de publicação e nenhuma parte dessa dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem autorização por escrito do autor.

Leiliane Saraiva da Silva
QNP 16 conj. X casa 19,
72.231-623, Ceilândia – DF - Brasil.

**Dedicado a meus pais,
Raimundo José e Maria Julia,
Os grandes responsáveis pelas minhas vitórias.**

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar a Deus por ter me concedido o dom da vida e a capacidade de aprender.

Aos meus pais Raimundo José e Maria Julia por sempre acreditarem em mim e me apoiarem durante todo esse processo, além de sempre estarem disponíveis a me ajudar, tanto nos trabalhos em campo quanto no apoio moral.

Aos meus irmãos Leandra, Oberdan e Renan, pela paciência. Ao meu cunhado Joel, pela ajuda na obtenção de adubos.

Ao meu noivo Cristiano, pela ajuda ao longo desse trabalho, pelo carinho e auxílio durante todo esse período de estudo.

À Universidade de Brasília, ao Departamento de Engenharia Florestal e ao CNPq que concedeu a bolsa de pesquisa para a realização deste trabalho.

Ao professor Ildeu Soares Martins, pela orientação, disponibilidade, paciência e ensinamentos transmitidos.

À professora Rosana de Carvalho Cristo Martins, pelo apoio e auxílio nos trabalhos de laboratório e campo.

Ao professor Mauro Nappo, pela ajuda no viveiro da FAL.

A Claret Carrijo, por fotografar o experimento em laboratório e me disponibilizar as fotos.

Aos amigos, em especial, Camila, Fernanda, Igor, Juliana e Selma, pela ajuda na execução deste trabalho, amizade, paciência e apoio.

A todos do viveiro florestal da FAL - UnB, em especial a seu Sebastião, Geraldo, Vitor e Lílian, fundamentais na implantação e manutenção do experimento em viveiro.

Aos membros da banca examinadora, pela contribuição ao enriquecimento do trabalho.

Enfim, a todos que direta ou indiretamente colaboraram com este trabalho. A estes vão meus sinceros agradecimentos.

RESUMO

VARIABILIDADE GENÉTICA EM *Pterogyne nitens* TUL. (AMENDOIM-DO-CAMPO) EM CONDIÇÕES DE LABORATÓRIO E DE VIVEIRO

Os objetivos do presente trabalho foram estimar os parâmetros genéticos e predizer os ganhos genéticos esperados por diferentes métodos de seleção, bem como fazer uma análise comparativa entre os mesmos, em condições de laboratório e de viveiro para a espécie *Pterogyne nitens* Tul. e indicar as melhores matrizes para a formação de um pomar de sementes por mudas, para os diferentes usos da espécie. Selecionaram-se 40 matrizes no Distrito Federal, seguindo-se a coleta de sementes e seu beneficiamento. Foi feito o teste de germinação, com três repetições de 25 sementes por gerbox, e avaliadas a média de dias para a germinação (Mdays), porcentagem de germinação, de sementes mofadas e de sementes anormais. No viveiro, foi feita a avaliação das mudas com base no diâmetro do coleto, altura da muda e número de folíolos, para 10 mudas por matriz e por repetição, com três repetições. Foi feita também uma repetição para a medição da biomassa, com o sorteio de quatro mudas por matriz para as análises destrutivas das folhas, caules e raízes. Após a coleta de dados, efetuaram-se análises de variâncias e a obtenção dos parâmetros genéticos, seguindo-se a predição de ganhos de seleção pelos diferentes métodos. Para o teste de germinação, a seleção direta e indireta, baseando-se na intensidade de seleção, foi a mais satisfatória para a seleção direta da porcentagem de germinação. Para viveiro, a média de sobrevivência foi de 78%, com altas herdabilidades para todos os períodos de medição e possibilidades de ganhos genéticos significantes desde a primeira medição. Para as características morfológicas, as médias apresentaram um crescimento constante ao longo do tempo. As herdabilidades foram altas para a maioria das características, principalmente dentro de famílias. A seleção combinada manteve os ganhos genéticos constantes ao longo do período de experimento, com eficiência superior a 25% em relação à seleção entre e dentro, sendo considerada a mais promissora a ser utilizada na seleção. O comprimento da parte aérea, caule verde, raiz verde e raiz seca apresentaram herdabilidades acima de 45%, indicando possibilidade de ganhos genéticos na seleção com base nestas características. O Índice Livre de Pesos e Parâmetros, ILPP, foi o método de seleção mais eficiente para as características analisadas, com ganhos melhores distribuídos entre elas e um ganho total superior aos demais.

Palavras-chave: germinação, melhoramento genético florestal, parâmetros genéticos, métodos de seleção.

ABSTRACT

GENETIC VARIABILITY IN *Pterogyne nitens* TUL. (AMENDOIM-DO-CAMPO) IN NURSERY AND LABORATORY CONDITIONS

The objectives of the following work were to estimate the genetic parameters and predict genetic gains expected by different methods of selection, to make comparative analyses among themselves in conditions of laboratory and nursery for *Pterogyne nitens* Tul. and to indicate the best matrices for the formation of an orchard of seeds by seedlings. Forty matrices were selected in Distrito Federal – Brazil, with the collection of seeds and their treatment. The germination test was made with three repetitions of twenty five seeds for gerbox, and the average of days, the percentage of mouldy seeds, and abnormal seeds all related to germination were evaluated. In nursery, the evaluation of seedlings was made based on the stem diameter, seedling height and number of leaflets, for ten seedlings per matrix and repetition, with three repetitions. One repetition for the measurement of the biomass was also made, with the drawing of four seedlings for matrix, for the destructive analyses of leaves, stems and roots. After the collection of data, analyses of variances and also the genetic parameters estimates and the prediction of selection gains for the different methods were measured. For the germination test, the direct and indirect selection, based on the selection intensity, was the most satisfactory for the direct selection of the germination percentage. For nursery, the survival average was of 78% with high heritabilities for all the periods of measurement and possibilities of significant genetic gains since the first measurement. For the morphologic characteristics, the averages were high for the majority of the characteristics, mainly inside the families. The combined selection kept the constant genetic gains throughout the period of experiment, with superior efficiency of 25% in relation to all aspects of the selection and was considered the most promising to be used. The length of the aerial part, green stem, green root and dry root presented heritabilities of above 45%, indicating possibility of genetic gains in the selection based in these characteristics. The Free Index of Weights and Parameters, ILPP, was the method of more efficient selection for the analyzed characteristics, with better gains distributed among them and a superior total gain, in relation to the other ones.

Key words: germination, forest tree improvement, genetic parameters, selection methods.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
1.1. OBJETIVOS GERAIS	2
1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	2
1.3. HIPÓTESE	3
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA GERAL	4
2.1. MELHORAMENTO FLORESTAL	4
2.2. TESTES DE PROGÊNIES.....	4
2.3. PARÂMETROS GENÉTICOS	5
2.4. GANHOS DE SELEÇÃO	7
2.4.1. Seleção direta e indireta.....	7
2.4.2. Seleção entre e dentro.....	7
2.4.3. Seleção combinada	8
2.4.4. Índices de seleção	8
2.5. CARACTERIZAÇÃO DA ESPÉCIE <i>Pterogyne nitens</i> TUL.	9
3. TESTE DE GERMINAÇÃO PARA O ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Pterogyne nitens</i> TUL. (AMENDOIM-BRAVO)	11
3.1. INTRODUÇÃO.....	11
3.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	12
3.2.1. Caracterização do local de coleta	12
3.2.2. Seleção de matrizes	12
3.2.3. Teste de germinação	12
3.2.4. Análise estatística	14
3.2.5. Estimacão dos parâmetros genéticos	16
3.2.6. Métodos de seleção.....	18
3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
3.4. CONCLUSÕES	29
4. VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE <i>Pterogyne nitens</i> TUL. (AMENDOIM-BRAVO) EM CONDIÇÕES DE VIVEIRO	31
4.1. INTRODUÇÃO.....	31
4.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	32
4.2.1. Análise estatística	34
4.2.2. Parâmetros genéticos	35
4.2.3. Métodos de seleção.....	37
4.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4.3.1. Sobrevivência das mudas.....	41
4.3.2. Análise dos aspectos morfológicos das mudas.....	44
4.4. CONCLUSÕES	51
5. VARIABILIDADE GENÉTICA DE <i>Pterogyne nitens</i> TUL. PARA A PRODUÇÃO DE BIOMASSA.....	53
5.1. INTRODUÇÃO.....	53
5.2. MATERIAL E MÉTODOS.....	54
5.2.1. Análise de matéria seca	54
5.2.2. Análise estatística	55
5.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	56
5.4. CONCLUSÕES	61

6. CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES.....	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	64
APÊNDICES.....	69
A – GLOSSÁRIO	70
B - LOCALIZAÇÃO E COORDENADAS GEOGRÁFICAS DAS MATRIZES ESTUDADAS NESTE TRABALHO (DATUM: WGS 84), NO DISTRITO FEDERAL.	71
C - MATRIZES SELECIONADAS PELA SELEÇÃO COMBINADA NOS DIFERENTES PERÍODOS DE MEDIÇÃO.....	73

LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1: Esquema de análise de variância em blocos ao acaso.	15
Tabela 3.2: Esquema das análises de variâncias da característica X, característica Y e da soma X+Y, com as esperanças matemáticas dos produtos médios, para obtenção de componentes de covariância.	17
Tabela 3.3: Resultados da análise de variância e parâmetros genéticos para as características Mdays, GER, MOF e AN em famílias de meio-irmão de <i>Pterogyne nitens</i> , para o teste de germinação	24
Tabela 3.4: Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre famílias, quanto às características avaliadas para o teste de germinação de famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i>	26
Tabela 3.5: Respostas às seleções direta e indireta entre médias de famílias, quanto às características avaliadas, para o teste de germinação de famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , considerando a seleção de 16 matrizes.	27
Tabela 3.6: Respostas aos índices de seleção, quanto às características avaliadas, para o teste de germinação em famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , considerando a seleção de 16 matrizes.	28
Tabela 3.7: Valores médios dos indivíduos de <i>Pterogyne nitens</i> selecionados para os métodos de seleção testados.	28
Tabela 3.8: Genótipos selecionados de progênes de meio-irmão de <i>Pterogyne nitens</i> , para cada método de seleção, pela ordem de seleção	29
Tabela 4.1: Esquema de análise de variância em blocos ao acaso, com informação dentro de parcelas para o modelo desbalanceado.	35
Tabela 4.2: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos da sobrevivência (SOB) de progênes de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , no acompanhamento em viveiro.	42
Tabela 4.3: Respostas aos índices de seleção, quanto às características avaliadas, considerando a seleção de 16 matrizes.	43
Tabela 4.4: Genótipos selecionados de acordo com a seleção direta para a sobrevivência das mudas de <i>Pterogyne nitens</i> , em viveiro.	44
Tabela 4.5: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos para as características número de folíolos (NF), (ALT) e (DC), em famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , em diferentes períodos de medição.	45
Tabela 4.6: Matriz de correlações genéticas entre número de folíolos (NF), altura (ALT) e diâmetro do coleto (DC) de famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , para as quatro medições realizadas.	48
Tabela 4.7: Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd), entre e dentro (GSed) e combinada (GSc) para famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , nas quatro medições realizadas.	49
Tabela 4.8: Respostas esperadas para a seleção do número de folíolos (NF), altura (ALT) e (DC), baseadas no Índice Clássico (IC) para famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , em viveiro.	50
Tabela 5.1: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos do comprimento de raiz (CR), comprimento de parte aérea (CPA), massa verde dos folíolos (FV), massa verde do caule (CV), massa verde das raízes (RV) e suas respectivas massas secas (FS, CS e RS) em famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , para análises destrutivas.	56

Tabela 5.2: Correlações fenotípicas (ρ_f) e genéticas (ρ_g) entre as características analisadas em famílias de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , para análises destrutivas.....	59
Tabela 5.3: Respostas esperadas para a seleção direta e indireta em progênies de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , nas análises destrutivas.	60
Tabela 5.4: Respostas esperadas para a seleção com base nos índices de seleção, em progênies de meio-irmãos de <i>Pterogyne nitens</i> , nas análises destrutivas.	60
Tabela 5.5: genótipos selecionados com base no Índice Livre de Pesos e Parâmetros, para progênies de <i>Pterogyne nitens</i> , nas análises destrutivas.....	61

LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1: à esquerda acima é feita a escarificação mecânica das sementes; à direita acima as sementes estão sendo colocadas no gerbox com vermiculita; à esquerda abaixo, sementes começando a germinar; à direita, abaixo, sementes germinadas, com protusão da radícula.	13
Figura 4.1: Estrutura com o suporte de tubetes e o sombreamento para das plântulas à esquerda e uma muda com 195 dias de idade à direita.	33
Figura 4.2: Esquema das mudas no viveiro. À esquerda aos 105 dias; à direita aos 195 dias.	33
Figura 5.1: Mudas de <i>Pterogyne nitens</i> . À esquerda uma muda considerada padrão. À direita, uma muda considerada defeituosa.	55

1. INTRODUÇÃO

Nos últimos anos, os ecossistemas tropicais têm sofrido grandes pressões que resultam em perdas irreparáveis da diversidade biológica. Grande parte das pesquisas sobre biodiversidade não envolve os recursos genéticos florestais, os quais são altamente demandados, tanto para fornecimento de material genético para uso em florestas de rápido crescimento, como para fornecimento de produtos, principalmente no caso de florestas nativas (IPEF, 2007).

Os estudos relacionados às sementes e produção de mudas de espécies florestais começaram no Brasil na década de 60, devido aos grandes florestamentos surgidos na época. Entretanto, as pesquisas na área de melhoramento florestal ganharam força na década de 70, devido aos problemas com doenças de eucaliptos e buscando uma melhor produtividade nos plantios homogêneos (LADEIRA, 2002).

As pesquisas na área de melhoramento florestal no Brasil, principalmente para eucalipto, foram e são muito importantes para o setor florestal brasileiro, por permitirem um aumento de produtividade dos florestamentos. Estas pesquisas geraram as melhores tecnologias e variedades da espécie em todo o mundo, principalmente devido ao uso de seus clones melhorados (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Por meio dos programas de melhoramento genético, espera-se contribuir para a conservação dos recursos genéticos, bem como a diminuição das pressões sobre ecossistemas florestais e aumentar a capacidade de inserção e relevância do setor florestal no Brasil e no cenário mundial, pela contribuição de produtos florestais de florestas plantadas ou nativas (CRUZ & REGAZZI, 1994; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Os esforços de produção de sementes geneticamente melhoradas no país têm sido canalizados para os gêneros *Pinus* e *Eucalyptus*, com poucas exceções. Porém, nos últimos anos vem ocorrendo uma demanda crescente por sementes de espécies nativas, não atendida pelos produtores de sementes para comercialização. Além disso, não há uma garantia da qualidade genética dos materiais utilizados, que muitas vezes vêm de coleta de sementes em populações não identificadas. Ainda existem lacunas de pesquisas a serem resolvidas na área de produção de sementes florestais, como as estimativas de parâmetros

genéticos, manuseio e armazenamento de sementes e o papel da diversidade genética para minimizar os potenciais impactos de mudanças climáticas, por exemplo.

Segundo Carvalho (1994), a espécie *Pterogyne nitens* Tul. está incluída na lista das espécies submetidas à conservação genética no Estado de São Paulo, por correr o risco de extinção nesta localidade. Carvalho et al. (1980) justificaram a pesquisa de melhoramento da espécie por esta ser útil economicamente, para ornamentação e restauração de equilíbrios ecológicos. Nogueira et al. (1986) sugerem a ampliação dos estudos sobre a espécie, com a implantação de ensaios onde ela não ocorra naturalmente, uma vez que não houve em seus estudos um bom desenvolvimento desta espécie em povoamentos puros, no seu ambiente natural.

Dentro do contexto apresentado, a pesquisa do melhoramento florestal para germinação e crescimento de mudas de espécies arbóreas nativas pode contribuir para o enriquecimento do conhecimento destas espécies para a produção de mudas, incentivando, também, seu uso na recuperação de áreas degradadas ou outros usos.

1.1. OBJETIVOS GERAIS

Os objetivos do presente trabalho são estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos genéticos esperados pelos diferentes métodos de seleção, bem como fazer uma análise comparativa entre os mesmos em condições de laboratório e de viveiro para a espécie *Pterogyne nitens* Tul., com vistas à seleção de matrizes para a formação de um pomar de sementes por mudas.

1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar os parâmetros genéticos da espécie *Pterogyne nitens* Tul., para as condições de germinação de sementes em laboratório;

- Predizer os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção direta e indireta e utilizando índices de seleção, para as condições de germinação de sementes de *Pterogyne nitens* Tul. em laboratório, determinando, assim, os melhores índices a serem utilizados, bem como as matrizes que obtiverem melhor resultado para a seleção nos mesmos;
- Estimar os parâmetros genéticos da espécie *Pterogyne nitens* Tul., para as condições de viveiro;
- Predizer os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção entre e dentro, combinada e utilizando índices de seleção, determinando, assim, os melhores índices a serem utilizados, bem como as matrizes que obtiverem melhor resultado para a seleção nos mesmos, para as condições de viveiro para *Pterogyne nitens* Tul..
- Estimar os parâmetros genéticos da espécie *Pterogyne nitens* Tul., para as análises destrutivas de biomassa;
- Predizer os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção direta e indireta e utilizando índices de seleção, determinando, assim, os melhores índices a serem utilizados, bem como as matrizes que obtiverem melhor resultado para a seleção nos mesmos, para as análises destrutivas de biomassa de *Pterogyne nitens* Tul..

1.3. HIPÓTESE

Há variabilidade genética entre as matrizes em estudo, tanto em condições de laboratório quanto em condições de viveiro, sendo possível a seleção das matrizes com melhor capacidade germinativa e melhor desenvolvimento no viveiro. Com base nessa variabilidade é possível a seleção de matrizes para a formação de um pomar de sementes.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA GERAL

2.1. MELHORAMENTO FLORESTAL

Conforme Borém e Miranda (2005), o melhoramento florestal tem sido definido como “a arte e ciência que visam à modificação gênica das plantas para torná-las mais úteis aos homens”, tendo como principal missão a elevação econômica das espécies. Este, quando feito em plantas alógamas, é voltado para populações, pois é desejável uma população melhorada para a exploração da heterose (CARVALHO, 2003).

Carvalho (2003) afirma que, em espécies alógamas, o melhoramento é voltado para populações, para que haja exploração da heterose, sendo que um dos propósitos do melhoramento de populações é o estudo comparativo dos diferentes métodos de seleção e os estudos de variação herdável.

Para que possa haver qualquer progresso genético, é necessário haver variabilidade genética na população. Por isso, no melhoramento, deve-se escolher um método mais eficiente que mantenha variabilidade genética ou, pelo menos, cause uma redução lenta desta variabilidade (CARVALHO, 2003).

2.2. TESTES DE PROGÊNIES

O teste de progênies é um dos delineamentos mais usados em um programa de melhoramento, podendo ser avaliadas progênies de meio-irmãos, de irmãos completos ou de plantas resultantes da autofecundação (CRUZ, 2005). No teste de progênies, selecionam-se indivíduos conforme o comportamento de suas progênies. Eles são utilizados na estimação dos parâmetros genéticos e na seleção entre e dentro de progênies, quando há um interesse de se avaliar a variância genética para quantificar os ganhos com a seleção e prever o melhor método de seleção (COSTA et al., 2000). Assim, é possível indicar os indivíduos superiores para continuarem nos novos ciclos do melhoramento.

2.3. PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos são obtidos a partir dos valores de médias e variâncias das populações, sendo úteis no melhoramento e na escolha das melhores estratégias para seleção (CRUZ, 2005). A obtenção desses parâmetros, bem como das médias e variâncias, são importantes na procura de bons genótipos para os caracteres quantitativos, proporcionando também economia de tempo, trabalho e de recursos financeiros em um programa de melhoramento genético (FERREIRA, 2006). Dentre os parâmetros genéticos podemos citar: a variância genotípica, a herdabilidade e as correlações.

Para uma característica métrica, a parte genética é estudada com base na variância, que pode ser decomposta em componentes de diferentes causas. Em termos gerais, a variância fenotípica é a soma das variâncias genotípicas e ambientais (FALCONER, 1987).

A variância genotípica é composta pelos seguintes componentes: uma parte aditiva, um componente dominante e uma parte epistática. A variância genética aditiva é a mais útil para programas de melhoramento, pois auxilia na escolha de métodos de melhoramento mais eficazes e sua magnitude vai definir o sucesso da seleção (FERREIRA, 2006; CRUZ, 2005; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A herdabilidade é a proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres, indicando, assim, o grau de dificuldade ou facilidade para programas de melhoramento (RESENDE, 2002). Em outras palavras, a herdabilidade mede a proporção fenotípica atribuída à causa genética em uma população, tendo uma variação de 0 a 1, sendo seu valor mais próximo de 1, quanto maior for a variação entre indivíduos atribuída à causa genética e mais próximo de zero, quanto maior a variação entre indivíduos de natureza ambiental (CRUZ, 2005).

Cruz (2005) observa que, no caso de uma herdabilidade alta, haverá também alta correlação entre o valor fenotípico e o genotípico, sendo que as diferenças encontradas entre indivíduos traduzem as verdadeiras diferenças genéticas. Caso contrário, com a herdabilidade baixa, o valor fenotípico não será uma medida confiável do valor genotípico, significando que a superioridade de um indivíduo em relação a outro pode ser por causa de outros fatores e não devido à causa genética.

Há dois tipos de coeficientes de herdabilidade: coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, que é a proporção da variância genética total na variância fenotípica; e coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, que é a proporção da variância genética aditiva na variância fenotípica. Este último é o mais importante para melhoristas devido ao efeito aditivo do gene que será repassado para as próximas gerações (FERREIRA, 2006; BORÉM; MIRANDA, 2005).

Borém e Miranda (2005) apresentam como fatores que afetam a herdabilidade a característica, o método de estimação, a diversidade da população, o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra, o número e o tipo de ambientes considerados, a unidade experimental considerada e a precisão tanto na condução do experimento quanto na coleta de dados.

As correlações medem a associação fenotípica ou genética entre caracteres de um indivíduo (RESENDE, 2002). Existe a preocupação do melhorista em aprimorar o material genético para um conjunto de caracteres simultaneamente, sendo então, importante o estudo da natureza e magnitude das correlações entre caracteres (FERREIRA, 2006).

A correlação fenotípica entre dois caracteres permite a observação no campo, pois é causada tanto por fatores genéticos quanto ambientais (FERREIRA, 2006). Porém, esta correlação não equivale à soma das correlações genéticas e ambiental, mas depende das herdabilidades das duas características envolvidas (RESENDE, 2002).

A correlação genética entre dois caracteres é devida à pleiotropia, ou seja, a capacidade de um gene afetar duas ou mais características, sejam eles relacionados positivamente, ou seja, ao aumentar uma característica a outra também irá aumentar, ou negativamente, ou seja, ao se ter um aumento em uma característica, tem-se uma redução em outra. Porém, o pleiotropismo não causa, necessariamente, uma correlação fácil de ser detectada devido à influência de outros genes em segregação que também afetam as mesmas características (FALCONER, 1987).

A correlação ambiental indica como dois caracteres são influenciados pelas mesmas condições de ambiente.

2.4. GANHOS DE SELEÇÃO

Os métodos de seleção visam um aumento das frequências de alelos favoráveis para as características desejadas pelo melhorista. Um dos propósitos do melhoramento de populações é o estudo comparativo dos diferentes métodos de seleção e o estudo dos componentes de variação herdável (CARVALHO, 2003).

2.4.1. Seleção direta e indireta

A seleção direta e indireta é a primeira alternativa para a obtenção de ganhos genéticos compensadores em um programa de melhoramento (MARTINS et al., 2003). A seleção direta é a maneira mais fácil e prática de se obter ganhos relacionados à seleção em apenas uma característica. Porém, a seleção em uma característica pode causar modificações indesejadas em outras, além de ser mais interessante o melhoramento de múltiplas características, sendo necessária, então, a aplicação de outros métodos de seleção.

Na seleção indireta é possível obter respostas satisfatórias por meio de uma resposta correlacionada, ao invés de escolher diretamente pela característica desejada. Isso é útil como uma saída para dificuldades técnicas de se medir a característica desejada com precisão, por exemplo (FALCONER, 1987).

Falconer (1987) recomenda a utilização dos dois métodos combinados, para que haja maior eficiência como fonte de informação acerca dos valores genéticos dos indivíduos.

2.4.2. Seleção entre e dentro

A seleção entre e dentro de famílias ou progênies tem sido muito utilizada no Brasil e costuma ser dividida em duas etapas: na primeira, identificam-se as melhores progênies

com base nas médias das parcelas, e na segunda selecionam-se os melhores indivíduos dentro das progênies já selecionadas (SAMPAIO et al., 2000; PIRES, 1996; SILVA, 1982). É necessário observar que apenas 25% da variância aditiva total é explorada na seleção entre famílias de meios-irmãos (FALCONER, 1987).

Na seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, seleciona-se um mesmo número de indivíduos por família para a formação de pomares de sementes por mudas ou clones (COSTA et al., 2000). Porém, a seleção entre e dentro de progênies é criticada pelo fato de indivíduos superiores de famílias intermediárias ou de indivíduos intermediários de famílias superiores serem desconsiderados na seleção.

2.4.3. Seleção combinada

A seleção combinada foi proposta para contornar os problemas da seleção entre e dentro. Neste caso, a seleção é feita em apenas uma etapa, utilizando um índice que considera tanto o valor do indivíduo quanto o valor da progênie à qual pertence (COSTA et al., 2000). Deste modo, os pesos econômicos para os desvios da média das famílias são determinados e as unidades ou critérios de seleção serão os valores dos índices de cada indivíduo (SILVA, 1982).

Silva (1982) e Falconer (1987) afirmam que a seleção combinada é sempre superior aos métodos de seleção individual e de famílias, e argumentam que a seleção entre e dentro de famílias pode ser adotada com maior eficiência de exploração dos parâmetros genéticos quando se faz uso da seleção combinada.

2.4.4. Índices de seleção

Os índices de seleção permitem uma combinação dos vários caracteres conforme o interesse do melhorista. Cruz e Regazzi (1994) comentam sobre os índices mais utilizados: Índice Clássico Proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), Índice com Base nos Ganhos Desejados (PESEK; BAKER, 1969), Índice Base (WILLIAMS, 1962), Índice com base nas

somas de Ranks (MULAMBA; MOCK, 1978), Índice Livre de Pesos e Livre de Pesos e Parâmetros (ELSTON, 1963). Os autores afirmam que a escolha dos índices de seleção proporciona resultados superiores se comparados à seleção direta.

Cruz e Carneiro (2003) apresentam outros índices, além dos já citados. São eles: Índice de Kempthorne e Nordskog (1959), Índice de Tallis (1962), Índice de James (1968), Índice de Cunningham et al. (1970) e Índice de Tai (1977).

Para praticamente todos os índices citados anteriormente, existe a possibilidade de dar pesos econômicos, definir os ganhos desejados ou o grau de restrição para as características estudadas, conforme o interesse do melhorista (CRUZ; CARNEIRO, 2003), possibilitando uma melhor seleção dos genótipos superiores da população estudada.

São encontradas algumas dificuldades e limitações no uso dos índices de seleção, mas eles, normalmente, são vantajosos por proporcionarem uma combinação de ganhos mais equilibrada na sua distribuição entre os vários caracteres considerados, conforme o interesse no programa de melhoramento (MARTINS, 1999; MARTINS et al., 2003).

2.5. CARACTERIZAÇÃO DA ESPÉCIE *Pterogyne nitens* TUL.

Pterogyne nitens Tul., conhecida popularmente como amendoim-bravo, amendoim-do-campo, madeira-nova e bálsamo, é uma espécie pertencente à família Fabaceae - subfamília Caesalpinoideae, ocorrente na Mata Atlântica, podendo ocorrer no Cerrado, na Caatinga, em áreas úmidas com vegetação florestal, e principalmente na floresta latifoliada semidecídua (LORENZI, 2002). A espécie é perenifólia e semicaducifólia, heliófita, com as flores bissexuais, podendo ser masculinas (CARVALHO, 1994) e sistema reprodutivo possivelmente de planta alógama (NOGUEIRA et al., 1986). Na escala sucessional é uma espécie secundária inicial, ocorrendo em vegetação secundária, em capoeiras, podendo comportar-se como pioneira em sítios arenosos e degradados (CARVALHO, 1994).

A madeira da espécie é considerada moderadamente pesada, com densidade de 0,77g/cm³, dura, com textura média, grã direita a irregular e moderadamente resistente ao apodrecimento, podendo ser utilizada para confecção de móveis finos, obtenção de folhas

faqueadas, para construção civil, como vigas e tábuas para assoalhos, para confecção de carrocerias, interiores de embarcações e vagões, tonéis, tanques, entre outros (LORENZI, 2002).

A árvore apresenta rusticidade e rapidez de crescimento, sendo considerada ótima para plantios mistos de recuperação de áreas degradadas (LORENZI, 2002) e para reposição de mata ciliar em locais inundáveis e arenosos (NASSIF; PEREZ, 2000). Também é recomendada para arborização urbana devido à sua folhagem brilhante, beleza e aroma das flores (CARVALHO, 2004).

Quanto à fenologia da espécie, conforme Lorenzi (2002), *P. nitens* apresenta floração entre os meses de dezembro a março e maturação dos frutos entre maio e junho, permanecendo na planta por algum tempo. O mesmo autor aconselha a colheita dos frutos diretamente da árvore, quando estes adquirirem coloração paleácea, não sendo aconselhável semear os frutos diretamente, para evitar a formação de mudas tortas e defeituosas. Um quilograma de sementes da espécie contém aproximadamente 5.700 unidades, com viabilidade superior a seis meses e as mudas desenvolvem-se rápido, estando prontas para plantio definitivo entre quatro a seis meses.

Quanto à germinação, a espécie apresenta germinação epígea e fanerocotiledonar, ou seja, os cotilédones emergem após a germinação (SILVA et al., 1995). Nassif e Perez (1997) afirmaram que as sementes de *P. nitens* apresentam dormência assim que colhidas, em função da impermeabilidade do tegumento da semente à absorção de água. Os mesmos autores concluíram que a espécie apresenta as maiores percentagens de germinação quando suas sementes são sujeitas a escarificação mecânica, com punção do tegumento na região oposta à emissão da radícula ou abrasão com lixa de papel na mesma região das sementes, permitindo a confirmação do tipo de dormência tegumentar.

3. TESTE DE GERMINAÇÃO PARA O ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Pterogyne nitens* TUL. (AMENDOIM-BRAVO)

3.1. INTRODUÇÃO

Segundo observado por Silva et al. (1995), o teste de germinação serve como base para todas as outras análises de sementes florestais. Ele tem como objetivos a obtenção de informações a respeito da qualidade de sementes para utilização em viveiro, comparação entre lotes de sementes e obtenção de informações a respeito da germinação de sementes (BRASIL, 1992).

Conforme Borguetti e Ferreira (2004), no teste de germinação existem vários critérios que consideram a semente germinada, dos quais podemos citar: o critério agrônomo ou tecnológico, que considera a ocorrência da germinação quando há a formação de uma plântula vigorosa no substrato utilizado; o critério botânico ou morfológico, que considera a germinação quando ocorre a protusão de uma das partes do embrião de dentro do envoltório, acompanhada de algum sinal de crescimento real, como a curvatura geotrópica da raiz ou a síntese de pigmentos, por exemplo; e o critério bioquímico, que quantifica variações do metabolismo do diásporo por diferentes meios experimentais, como testes de consumo de oxigênio, por exemplo.

A porcentagem de sementes germinadas é importante na hora do cálculo de quantas sementes deverão ser semeadas para se obter o número de mudas desejado (IBAMA, 1998). Figliolia et al. (1993) afirmam que o uso de sementes de boa qualidade é de suma importância em um empreendimento florestal, sendo a capacidade germinativa o principal atributo da qualidade a ser considerado, já que este determina se a semente tem ou não valor para a semeadura.

3.2. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1. Caracterização do local de coleta

O local de escolha de matrizes foi a arborização pública de Brasília – DF (Apêndice B). O clima de Brasília é do tipo Cwa do sistema KOPPEN, com invernos frios e secos e verões quentes e úmidos com precipitação média anual de 1576,8mm e temperatura média de 22 graus. A cidade é localizada a 15°52' de latitude Sul e 47° 55' de longitude Oeste (INMET apud SOBRE BRASÍLIA, 2007).

3.2.2. Seleção de matrizes

As matrizes que foram escolhidas fenotipicamente continham uma boa produção de frutos viáveis quando comparadas às outras árvores do povoamento, bem como apresentavam o tronco com bifurcação ocorrendo acima da altura do DAP, boa sanidade, copa proporcional à altura da planta e vigor superior às outras árvores do povoamento. Selecionaram-se 40 matrizes, que foram numeradas, georreferenciadas (Datum WGS 84) e fotografadas. Os frutos foram coletados e separados por matriz, beneficiados, com a retirada das sementes de dentro das vagens, sendo estas acondicionadas em sacos de papel para posterior utilização nos experimentos em laboratório e viveiro.

3.2.3. Teste de germinação

Os testes de germinação foram conduzidos no Laboratório de Sementes Florestais do Departamento de Engenharia Florestal da UnB (Universidade de Brasília), por um período de 30 dias. Foi utilizado o experimento em Blocos ao Acaso, totalizando 40 tratamentos

(progênies de polinização livre) com três repetições. No laboratório cada unidade experimental ou parcela foi um gerbox com 25 sementes, necessitando-se, pois, 3.000 sementes. Estas foram colocadas com espaçamento uniforme e suficiente para minimizar a competição e contaminação entre as sementes (BRASIL, 1992), o que correspondeu a cerca de 1 cm entre as sementes e entre estas e os limites do gerbox.

O substrato utilizado dentro dos gerbox foi vermiculita e utilizou-se o método de escarificação mecânica por punção do tegumento na parte oposta ao hilo, para superação da dormência (NASSIF et al., 1997). O teste foi conduzido em câmara de germinação, com temperatura constante a 25°C (BARBOSA, 1982) e condições de luminosidade constantes, com duração de 30 dias. As sementes foram beneficiadas e tratadas com hipoclorito de sódio a 50% durante 5 minutos, para depois serem colocadas nas unidades experimentais. Contaram-se as sementes germinadas diariamente, considerando como germinada, conforme o critério botânico de germinação de sementes, aquela na qual houve protusão da radícula maior que 2 mm, conforme Popinigis (1977).



Figura 3.1: à esquerda, acima, é feita a escarificação das sementes; à direita acima as sementes estão sendo colocadas no gerbox com vermiculita; à esquerda abaixo, sementes começando a germinar; à direita, abaixo, sementes germinadas, com protusão da radícula.

Foram avaliadas a porcentagem de germinação, a energia germinativa, a porcentagem de sementes mofadas e a porcentagem de sementes anormais, sendo estas as sementes que germinaram, mas apresentaram padrão anormal na germinação, com o desenvolvimento dos cotilédones, que ficaram com aparência verde, primeiro que o desenvolvimento da raiz. A porcentagem de germinação foi calculada por matriz, para posterior análise de variância, com a contagem de sementes germinadas ao final do experimento. A energia germinativa foi calculada pelo número médio de dias para emergência, o *Mdays* (*Mean days for emergence*), utilizando-se a fórmula apresentada pela equação (3.1) (EDMOND; DRAPALLA, 1958 apud SANTANA; RANAL, 2004; FERREIRA; BORGUETTI, 2004).

$$Mdays = \frac{N_1G_1 + N_2G_2 + \dots + N_nG_n}{G_1 + G_2 + \dots + G_n} \quad (3.1)$$

sendo:

G_1, G_2, \dots, G_n : número de sementes germinadas no dia da observação;

N_1, N_2, \dots, N_n : número de dias contados a partir da semeadura até o dia da observação.

O resultado obtido com a expressão acima indica que quanto maior o valor do *Mdays*, menos vigorosa poderá ser considerada a amostra de sementes. O *Mdays* foi escolhido por apresentar como resultado em dias necessários para a emergência, sendo possível melhor visualização da energia germinativa das sementes que outros índices, que apresentam o número de sementes por dia.

3.2.4. Análise estatística

Procedeu-se, inicialmente, o teste de normalidade de Lilliefors para todos os dados a serem trabalhados, para confirmar a distribuição normal dos mesmos. Após isso, procederam-se as análises de variância.

As análises de variâncias e estimativas dos parâmetros genéticos (variâncias genotípicas e fenotípicas, herdabilidades e correlações fenotípicas e genotípicas) foram realizadas de acordo com Cruz (2001) e Vencovsky e Barriga, (1992), utilizando o modelo estatístico de Blocos ao Acaso, com base na média das famílias (Matrizes, no caso):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} \quad (3.2)$$

sendo:

Y_{ij} : observação do genótipo i no bloco j.

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i (considerado aleatório);

b_j : efeito do bloco j (considerado fixo);

ε_{ij} : erro aleatório em nível de parcelas.

O esquema da análise de variância em blocos ao acaso é apresentado na Tabela 3.1.

Tabela 3.1: Esquema de análise de variância em blocos ao acaso.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	r - 1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos	g - 1	QMT	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
Resíduo	(r-1)(g-1)	QMR	σ^2

FV: fonte de variação; E(QM): esperança dos quadrados médios; GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio; r: número de blocos; g: número de genótipos; σ^2 : componente de variância do erro entre parcelas; σ_b^2 : componente de variância entre blocos; σ_g^2 : componente de variância genotípica.

Desta forma, foi possível estimar os componentes de variâncias (σ^2 : componente de variância do erro entre parcelas; σ_b^2 : componente de variância entre blocos; σ_g^2 : componente de variância genotípica) necessários para os cálculos das herdabilidades. Nesta análise, g é o número de progênies (40, no caso) e r é o número de blocos (três, no caso).

3.2.5. Estimação dos parâmetros genéticos

Os componentes de variância genotípica e do erro foram estimados, respectivamente, segundo Cruz (2001), de acordo com as equações (3.3) e (3.4).

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r} \quad (3.3)$$

$$\hat{\sigma}^2 = QMR \quad (3.4)$$

Os coeficientes de variação experimental (CVexp%) e de variação genotípica entre famílias (CVg%) foram estimados de acordo com as equações (3.5) e (3.6), conforme Vencovsky e Barriga (1992).

$$CV \text{ exp}(\%) = \frac{\sqrt{QMR}}{\bar{X}} \times 100 \quad (3.5)$$

$$CVg(\%) = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\bar{X}} \times 100 \quad (3.6)$$

sendo:

\bar{X} : média da característica.

A herdabilidade foi estimada com base nas médias das famílias, de acordo com a equação (3.7) (Vencovsky; Barriga, 1992)

$$h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma^2}{r}} \quad (3.7)$$

Para estimação das correlações fenotípicas e genotípicas entre pares de caracteres, inicialmente construiu-se a tabela auxiliar (Tabela 3.2):

Tabela 3.2: Esquema das análises de variâncias da característica X, característica Y e da soma X+Y, com as esperanças matemáticas dos produtos médios, para obtenção de componentes de covariância.

F.V.	G.L.	QM			E(QM)	PM	E(PM)
		X	Y	X+Y			
Blocos	r-1						
Genótipos	p-1	Q1X	Q1Y	Q1(X+Y)	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	PM1	$\sigma_{XY} + r\sigma_{gXY}$
Resíduo	(r-1)(p-1)	Q2X	Q2Y	Q2(X+Y)	σ^2	PM2	σ_{XY}

X e Y: par de características; PM: produto médio; E(QM): esperança matemática dos quadrados médios; E(PM): esperança matemática dos produtos médios; σ_{XY} : componente de covariância residual entre X e Y; σ_{gXY} : componente de covariância genotípica entre X e Y.

De acordo com a Tabela 3.2, obtêm-se os estimadores de covariâncias e correlações, segundo as equações (3.8) a (3.13) (CRUZ & REGAZZI, 1994):

$$PM1 = \frac{Q1(X + Y) - Q1X - Q1Y}{2} \quad (3.8)$$

$$PM2 = \frac{Q2(X + Y) - Q2X - Q2Y}{2} \quad (3.9)$$

$$\sigma_{XY} = PM2 \quad (3.10)$$

$$\sigma_{gXY} = \frac{PM1 - PM2}{r} \quad (3.11)$$

$$\hat{\rho}_f = \frac{PM2}{\sqrt{Q2X \times Q2Y}} \quad (3.12)$$

$$\hat{\rho}_g = \frac{\hat{\sigma}_{gXY}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gX}^2 \times \hat{\sigma}_{gY}^2}} \quad (3.13)$$

em que:

$\hat{\rho}_f$: correlação fenotípica; e $\hat{\rho}_g$: correlação genética.

Após isso foram estimados os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção. Os ganhos de seleção foram estimados com base nas médias gerais das matrizes, covariância fenotípica e covariância genotípica das características Mdays, germinação (GER) e sementes mofadas (MOF) e sementes com germinação anormal (AN).

3.2.6. Métodos de seleção

As seleções direta e indireta e os índices de seleção foram estimados de acordo com Silva (1982), Cruz e Regazzi (1994), Pires (1996), Martins (1999) e Martins et al. (1993). A seguir, serão apresentados os métodos de seleção utilizados que obtiveram resultados relevantes ao interesse deste trabalho.

3.2.6.1. Seleção direta e indireta

O ganho esperado pela seleção direta entre progênies foi estimado de acordo com os seguintes modelos:

- Ganho baseado no diferencial de seleção, equação (3.14):

$$GS_i = (\bar{X}^i - \bar{X}^{oi})h_i^2 = DS_i h_i^2 \quad (3.14)$$

sendo:

\bar{X}^i : média dos indivíduos selecionados para o caráter i;

\bar{X}^{oi} : média original da população;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população;

h_i^2 : herdabilidade, em nível de média de famílias ou progênies, para o caráter i.

O ganho indireto no caráter j, quando se seleciona o caráter i, é dado pela equação (3.15):

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2 \quad (3.15)$$

sendo:

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção indireto, obtido em função da média do caráter dos indivíduos considerados superiores para o caráter i ;

- Ganho baseado na intensidade de seleção, equação (3.16)

$$GS_i = I\sigma_{gi}h_i \quad (3.16)$$

sendo:

I : intensidade de seleção ou diferencial de seleção em unidades do desvio padrão fenotípico;

σ_{gi} : desvio padrão genético aditivo do caráter i ;

h_i : raiz quadrada da herdabilidade, em nível de média de famílias ou progênies, para caráter i .

O ganho indireto no caráter j , quando se seleciona o caráter i é dado pela equação (3.17):

$$GS_{j(i)} = Ih_i r_g \sigma_{gj} \quad (3.17)$$

sendo:

r_g : correlação genética entre os caracteres i e j .

O critério de seleção utilizado para a seleção direta e indireta foi acréscimo para GER e decréscimo para Mdays e MOF, visto que para estas duas últimas variáveis, o interesse é uma diminuição no seu valor.

3.2.6.2. Índice Clássico (SMITH, 1936; HAZEL, 1943) - IC

Esse índice consiste em uma combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres de importância econômica, em que os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e o agregado genotípico. Este,

por sua vez, é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, ponderados por seus respectivos valores econômicos (CRUZ; CARNEIRO, 2003). O agregado genotípico (H) e o índice de seleção (I) são dados pelas equações (3.18) e (3.19):

$$H = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g' a \quad (3.18)$$

$$I = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y' b \quad (3.19)$$

sendo:

n: número de caracteres no índice;

g': vetor (1 x n) de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados;

y': vetor (1 x n) de médias;

a: vetor (n x 1) de pesos econômicos previamente estabelecidos pelo melhorista;

b: vetor (n x 1) dos coeficientes de ponderação do índice.

O vetor b é estimado por meio da equação (3.20):

$$Pb = Ga \quad (3.20)$$

sendo:

P: matriz (n x n) de variâncias e covariâncias fenotípicas;

G: matriz (n x n) de covariâncias genéticas, obtidas em nível de média de famílias.

Assim, o ganho indireto esperado é expresso pela equação (3.21):

$$\Delta G_{j(t)} = DS_{j(t)} h_j^2 \quad (3.21)$$

sendo:

DS: diferencial de seleção indireto;

h²: herdabilidade em nível de média de progênies, para o caráter j.

Como critério de seleção para o IC determinou-se um peso econômico de -1 para Mdays e MOF e 2 para GER, pelos mesmos motivos já explicados para seleção direta e indireta.

3.2.6.3. Índice Livre de Pesos e Parâmetros (ELSTON, 1963) - ILPP

Esse índice elimina a necessidade de se estabelecer pesos econômicos relativos aos vários caracteres, bem como de estimar variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas. A estimação do índice é dada pela equação (3.22), em função da equação (3.23):

$$I = \omega_1 \omega_2 \dots \omega_n \quad (3.22)$$

e

$$\omega_j = y_j - k_j \quad (3.23)$$

sendo:

y_j : valor da média do caráter j ;

k_j : valor mínimo ou máximo estabelecido pelo melhorista para o i -ésimo caráter.

Se os valores de y_j estiverem aquém do mínimo ou além do máximo estabelecido, ω_j terá valor nulo.

Como critério de seleção, determinou-se como K_j a média das características, sendo selecionadas as matrizes que tiverem valor acima de K_j para GER e abaixo de K_j para Mdays e MOF, pelos mesmos motivos já apresentados para a seleção direta e indireta.

3.2.6.4. Índice de Soma de Ranks (MULAMBA; MOCK, 1978) - ISR

Segundo Cruz (2001), este índice consiste em classificar as famílias em ordem favorável ao melhoramento, estabelecida previamente, para cada um dos caracteres. Depois de classificadas, as ordens referentes a cada caractere, de cada família, são somadas, resultando em uma medida adicional, que é o índice de seleção. Como foram consideradas variáveis com pesos diferentes, tem-se a equação (3.24):

$$I = p_1r_1 + p_2r_2 + \dots + p_nr_n \quad (3.24)$$

sendo:

I : valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_j : classificação (*rank*) de um indivíduo em relação à j-ésima variável;

n : número de variáveis consideradas no índice.

p_j : peso econômico atribuído pelo usuário à j-ésima característica.

Como critério de seleção o sentido de seleção determinado foi superior para GER, com peso econômico 2, e inferior para Mdays e MOF, com peso econômico 1.

3.2.6.5. Índice Baseado nos Ganhos Desejados (PESEK; BAKER, 1969) - IBGD

Neste método, os coeficientes \hat{b} 's são calculados conforme a importância estabelecida pelo melhorista em sua especificação dos ganhos desejados em cada característica (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Para a situação em que todos os caracteres são considerados principais, tem-se a equação (3.25):

$$\hat{b} = G^{-1} \Delta g_d \quad (3.25)$$

sendo:

G : matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres

Δg_d : vetor de ganhos desejados estabelecido pelo melhorista.

Como critério de seleção, não houve diferenças na determinação das variáveis como principais ou secundárias, por isso, todas foram consideradas principais. Os ganhos desejados foram definidos com base no desvio padrão das variáveis, sendo este positivo para GER e negativo para Mdays e MOF.

Para todas as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES for Windows (CRUZ, 2001).

3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A germinação das sementes ocorreu entre o terceiro dia e o décimo dia, com maior porcentagem de germinação entre três e seis dias. Esses resultados foram semelhantes aos encontrados por Silva et al. (1995) para o teste de germinação em condições experimentais semelhantes. Após o décimo dia, não ocorreu mais germinação e as sementes que não germinaram foram atacadas por fungos, mesmo tendo sido feita a desinfestação destas. Algumas sementes apresentaram uma germinação anormal, com o desenvolvimento inicial do cotilédone, que adquiriu coloração esverdeada, antes da protusão da radícula. Essas sementes foram contadas como germinadas assim que fosse observada a protusão da radícula, mas foram classificadas também como anormais.

De acordo com os resultados obtidos pelo teste de normalidade Lilliefors, para as variáveis porcentagem de germinação (GER) e sementes mofadas (MOF), considerou-se razoável estudar os dados por meio da distribuição normal. Para a variável sementes anormais (AN) foi necessário submeter os dados a uma transformação angular, e, com isso, obteve-se a possibilidade de estudar os dados por meio da distribuição normal, devido aos dados apresentarem uma homogeneidade das variâncias.

Após a transformação dos dados, procederam-se as análises de variância, sendo obtidos os valores apresentados na Tabela 3.3.

Na análise de variância, Mdays, GER e MOF apresentaram F significativo a 1%, mas para AN, F foi significativo a 5%, comprovando a existência de variabilidade genética entre as progênies.

Tabela 3.3: Resultados da análise de variância e parâmetros genéticos para as características Mdays, GER, MOF e AN em famílias de meio-irmão de *Pterogyne nitens*, para o teste de germinação

F.V.	G.L.	Q.M.			
		Mdays	GER	MOF	AN
Blocos	2	0,0839	0,0004	0,0004	0,0600
Genótipos	39	1,2880**	0,0364**	0,0364**	0,0223*
Resíduo	78	0,1299	0,0025	0,0025	0,0134
Média		4,059	0,922	0,078	0,089
CVexp(%)		8,880	5,432	63,912	130,067
h²m(%)		89,915	93,105	93,105	39,758
CVge(%)		15,307	11,525	135,599	61,01
CVge/CVexp		1,724	2,122	2,122	0,470

Q.M: quadrado médio; CVexp: coeficiente de variação experimental; h²m: herdabilidade ao nível de médias de famílias; CVge: coeficiente de variação genotípica; *: F significativo a 5% de probabilidade; ** F significativo a 1% de probabilidade.

A média encontrada para Mdays, de 4,059, o que corresponde a um tempo médio de germinação das sementes de quatro dias. Esse valor se assemelha ao tempo encontrado por Silva et al. (1995) para a mesma espécie. A média para porcentagem de germinação, de 92,2 %, foi a mesma descrita por Silva et al. (1995), também no teste de germinação em laboratório. A média de 7,8% de sementes mofadas na germinação foi considerada baixa, já que todas as sementes que não germinaram, mofaram. Conforme foi possível observar, essas sementes que apresentaram mofo provavelmente já estavam comprometidas, ou seja, sem capacidade germinativa, já que a maioria delas mofou depois do sexto dia após o início da germinação. Essa conclusão é apoiada pelos resultados encontrados por Nascimento et al. (2006), que concluiu que os fungos presentes nas sementes de *P. nitens*

não afetam a germinação. A média encontrada para sementes anormais, de 8,9% é considerada baixa.

O coeficiente de variação experimental (CVexp%) foi considerado baixo para as características Mdays e GER, indicando alto controle experimental para essas características. Para a característica MOF, o coeficiente de variação experimental foi considerado alto e para AN, esse coeficiente foi muito alto, indicando baixo controle experimental para essas duas características. A classificação do coeficiente em alto, médio ou baixo foi feita conforme Garcia (1989).

A herdabilidade, calculada com base na média das progênies, é considerada de alta magnitude para as características Mdays, GER e MOF, sendo todas essas herdabilidades maiores que 85%, indicando uma possibilidade de altos ganhos de seleção para essas características. Já para AN, a herdabilidade foi considerada de baixa magnitude, pois foi de cerca de 39%, sendo a possibilidade de ganhos de seleção baixos para esta característica.

O coeficiente de variação genotípica (CVge%) expressa a dispersão genética existente em porcentagem da média geral. Porém, é mais interessante para o melhoramento a observação da razão CVge/CVexp para saber se uma característica tem ou não potencial para a seleção. Se essa razão apresenta valor maior que 1 significa que há uma situação altamente favorável à seleção (MARTINS, 1999). Essa situação observada para Mdays, GER e MOF. Para AN, observou-se uma relação CVge/CVexp igual a 0,470, o que indica que esta variável não se presta para o trabalho de melhoramento com a espécie.

Com base nos resultados apresentados acima para a característica AN, optou-se por retirá-la das análises para seleção das melhores matrizes, visto que esta característica não terá influência significativa para a seleção das progênies, já que apresentou um CVexp muito alto, baixas herdabilidades e a razão CVge/CVexp menor que uma unidade.

Tabela 3.4: Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre famílias, quanto às características avaliadas para o teste de germinação de famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*.

Par de caracteres	ρ_f	ρ_g
Mdays e GER	-0,2462	-0,2880
Mdays e MOF	0,2462	0,2880
MOF e GER	-1,0000	-1,0000

ρ_f : correlação fenotípica; ρ_g : correlação genética

Conforme esperado, MOF e GER são inversamente proporcionais, pois, como já explicado, todas as sementes não germinadas mofaram. Quanto aos outros resultados de correlação, os valores de correlação entre as demais características foram baixos, sendo positivos para Mdays e MOF, ou seja, quanto maior a demora na germinação, maior a possibilidade de contaminação por mofo, e negativos para Mdays e GER, ou seja, quanto mais tempo demorar a germinação, menor a porcentagem de sementes germinadas ao final do experimento. Os valores baixos de correlações indicam possibilidade de pouco ganho indireto, no caso da seleção direta e indireta.

Baseando-se nos valores obtidos na análise de variância, foram utilizadas as variáveis Mdays, GER e MOF para a seleção de matrizes, sendo que é interessante para a seleção que Mdays e MOF tenham ganhos negativos, ou seja, as matrizes que apresentam valores menores para estas variáveis são superiores geneticamente, no sentido de serem menos suscetíveis a mofo e terem uma maior velocidade de germinação, em dias. Já para GER, é mais interessante um ganho positivo, pois quanto maior a porcentagem de germinação, mais interessante é a matriz para a germinação.

Foram escolhidas 16 matrizes superiores, o que corresponde a 40% das matrizes analisadas. Abaixo, na Tabela 3.5, estão apresentados os resultados para a seleção direta e indireta. Nota-se que, conforme o requerido para o melhoramento, para o diferencial de seleção foi possível obter valores no sentido desejado para o melhoramento, o que, para a intensidade de seleção somente foi possível para a seleção direta da variável GER.

Tabela 3.5: Respostas às seleções direta e indireta entre médias de famílias, quanto às características avaliadas, para o teste de germinação de famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, considerando a seleção de 16 matrizes.

Método de estimação	Seleção em	Resposta esperada em (%)		
		Mdays	GER	MOF
1	Mdays	14,02	-3,04	35,77
	GER	-4,11	10,74	-126,38
	MOF	4,11	-10,74	126,38
2	Mdays	-12,77	2,02	-23,77
	GER	-3,53	6,90	-81,22
	MOF	-3,53	6,90	-81,22

1: intensidade de seleção, 2: diferencial de seleção.

Para a seleção de matrizes com base no seu desempenho em laboratório, optou-se em dar maior importância à porcentagem de germinação, pois é ela que vai definir a produtividade de mudas no campo (IBAMA, 1998). Então, o método de seleção direta sobre GER, baseando-se na intensidade de seleção foi considerado o com melhores resultados para o melhoramento, pois apresenta um ganho de 10% para GER e uma perda de 126% para MOF.

Testaram-se também outros índices, que apresentaram resultados semelhantes ao encontrado para a seleção direta e indireta, sendo excluídos os índices que não apresentaram o sentido de seleção desejado, conforme apresentado na Tabela 3.6.

Tabela 3.6: Respostas aos índices de seleção, quanto às características avaliadas, para o teste de germinação em famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, considerando a seleção de 16 matrizes.

Método de estimação	Resposta esperada em (%)			
	Mdays	GER	MOF	Total
ILPP	-9,90	5,89	-69,33	-73,34
ISR	-3,53	6,9	-81,22	-77,85
IC/IBGD	-12,77	2,02	-23,77	-34,52

ILPP: Índice Livre de Pesos e Parâmetros; ISR: Índice de Soma de Ranks; IC: Índice Clássico; IBGD: Índice Baseado nos Ganhos desejados.

Conforme os resultados apresentados na Tabela 3.6, os índices IC e IBGD apresentaram ganhos menores que os índices ILPP e ISR, sendo estes considerados os melhores métodos de seleção por índices. Os valores médios dos indivíduos selecionados foram praticamente os mesmos para os métodos de seleção citados acima, confirmando a eficiência equivalente entre eles (Tabela 3.7).

Tabela 3.7: Valores médios dos indivíduos de *Pterogyne nitens* selecionados para os métodos de seleção testados.

Valores médios dos indivíduos selecionados			
Método de seleção	Mdays	GER	MOF
GER¹	3,90	0,99	0,01
ILPP	3,61	0,98	0,02
ISR	3,90	0,99	0,01

GER¹: seleção direta sobre germinação baseada na intensidade de seleção; ILPP: Índice Livre de Pesos e Parâmetros; ISR: Índice de Soma de Ranks.

A Tabela 3.8 apresenta as matrizes selecionadas pelos métodos e índices de seleção que apresentaram melhores resultados, conforme o interesse de melhoramento.

Tabela 3.8: Genótipos selecionados de progênies de meio-irmão de *Pterogyne nitens*, para cada método de seleção, pela ordem de seleção

Método de seleção	Genótipos selecionados
Seleção direta da GER ¹	14, 17, 18, 23, 24, 31, 2, 7, 9, 15, 27, 28, 34, 37, 13, 16
ILPP	17, 9, 27, 31, 23, 14, 18, 28, 13, 36, 15, 38, 16, 19, 2, 30
ISR	17, 31, 23, 14, 18, 9, 27, 24, 28, 15, 2, 7, 13, 37, 34, 16

GER¹: seleção direta sobre germinação baseada na intensidade de seleção; ILPP: Índice Livre de Pesos e Parâmetros; ISR: Índice de Soma de Ranks

Os genótipos selecionados pelos métodos de seleção direta para GER, baseando-se na intensidade de seleção e no ISR foram os mesmos, diferindo-se apenas na ordem de seleção. Ambos diferiram em apenas quatro genótipos do ILPP.

3.4. CONCLUSÕES

Houve diferenças significativas, pelo teste de F a 1% para Mdays, GER e MOF e a 5% para AN, confirmando a existência de variabilidade genética na germinação das sementes em laboratório.

O tempo médio de germinação das sementes foi de quatro dias. A média para porcentagem de germinação é de 92,2 %. A média de 7,8% de sementes mofadas na germinação foi considerada baixa. A média encontrada para sementes anormais, de 8,9% é considerada baixa.

A herdabilidade é alta para Mdays, GER e MOF, sendo todas essas herdabilidades maiores que 85%, com possibilidade de altos ganhos de seleção para essas características. Já para AN, a herdabilidade é baixa, cerca de 39%, sendo a possibilidade de ganhos de seleção baixos para esta característica.

AN não se presta para a seleção das progênies.

A razão CV_{ge}/CV_{exp} foi maior que uma unidade para Mdays, GER e MOF.

A correlação entre MOF e GER é inversamente proporcional. A correlação entre Mdays e as outras características foram baixas, indicando possibilidade de pouco ganho indireto, no caso da seleção direta e indireta

A seleção direta e indireta, baseando-se na intensidade de seleção, para a seleção direta sobre GER, e as seleções com base nos índices ISR e ILPP mostraram-se satisfatórias, apresentando os melhores resultados de acordo com os objetivos do presente trabalho.

Os genótipos selecionados pelos métodos de seleção direta para GER, baseando-se na intensidade de seleção e no ISR foram os mesmos, diferindo-se apenas na ordem de seleção. Ambos diferiram em apenas quatro genótipos do ILPP.

4. VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE *Pterogyne nitens* TUL. (AMENDOIM-BRAVO) EM CONDIÇÕES DE VIVEIRO

4.1. INTRODUÇÃO

Para o processo de germinação, muitos genes são acionados conforme a condição vigente, mas durante o crescimento inicial da plântula outros genes podem ser acionados e alguns genes da germinação podem ser desligados ou reprimidos (FERREIRA; BORGUETTI, 2004), podendo este ser um dos motivos de os dados de germinação em laboratório nem sempre serem iguais aos obtidos em viveiro, o que gera críticas quanto a sua validade (FIGLIOLIA et al., 1993). Assim, a contagem da germinação para a análise do vigor da amostra é válida para a avaliação de lotes de sementes, mas torna-se insuficiente quando se examina sob o ponto de vista da ecofisiologia da germinação (FERREIRA; BORGUETTI, 2004). Assim, faz-se necessário o estudo da germinação e do desempenho das mudas em viveiro, como dados complementares aos testes de germinação.

As mudas de alta qualidade em viveiro são determinadas de acordo com algumas características morfológicas e fisiológicas, como a altura, o diâmetro do colo, o sistema radicial, boa rigidez da haste, bom aspecto fitossanitário, ausência de pragas ou doenças e boa nutrição mineral (FONSECA, 2000). Segundo Parvianen (1981) apud Bomfim (2007) a qualidade fisiológica das mudas depende da qualidade genética das mesmas e da procedência das sementes, das condições ambientais no viveiro, dos métodos de produção, das estruturas e dos equipamentos utilizados no viveiro e do transporte das mudas para campo.

Carneiro (1995) afirma que a altura das mudas na ocasião do plantio em campo é determinante para a sobrevivência e o desenvolvimento após o plantio, e as mudas devem apresentar um diâmetro do colo mínimo e compatível com a altura, que varia de acordo com a espécie, para que o seu desempenho no campo corresponda às expectativas. O autor cita vários trabalhos, relacionados a espécies do gênero *Pinus*, em que houve uma superioridade em campo das mudas que apresentavam alturas da parte aérea e diâmetros de

maior valor. Esses dois parâmetros são muito utilizados por serem de fácil medição e não destrutivos, sendo considerados os mais importantes parâmetros morfológicos para estimar o crescimento das mudas após o plantio no campo.

4.2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi montado no Viveiro Florestal da Fazenda Água Limpa- FAL, de propriedade da Universidade de Brasília-UnB. A FAL está localizada entre as latitudes $15^{\circ} 55'$ e $16^{\circ} 00'$ S e as longitudes $47^{\circ} 53'$ e $48^{\circ} 00'$ W, apresentando uma altitude média de 1100m, em Brasília-DF. O clima da região se enquadra no tipo Cwa do sistema KOPPEN, com invernos frios e secos e verões quentes e úmidos com precipitação média anual de 1576,8mm. A data da implantação do experimento foi 23 de março de 2008 e sua última medição foi realizada na primeira quinzena de outubro do mesmo ano.

As sementes para a produção das mudas foram originadas das mesmas matrizes do experimento em laboratório. As mudas foram produzidas em tubetes de polipropileno, de 10 cm de altura e 120cm^3 , usando-se Plantimax® como substrato e NPK 4:30:16, misturado ao substrato, na proporção de 200g/m^3 , como adubação de base. Cada unidade experimental correspondeu a um grupo de 10 mudas, em três repetições, com delineamento em blocos ao acaso, necessitando-se, pois, 1.200 sementes, sendo semeada uma semente por tubete. Foi colocada uma cobertura de sombrite a 50% de luminosidade durante o primeiro mês do experimento, até que as mudas alcançassem 5 cm de altura. A adubação de cobertura foi feita com Uréia dissolvida em água (10g por litro de água) a cada 15 dias e, e com Cloreto de potássio (KCl), também dissolvido em água (3g por litro de água), também a cada 15 dias, alternados entre si, conforme recomendado por Silva (2005). Após cada medição era feita a mudança das mudas de posição, para diminuir o efeito de borda, mudando-se a ordem das mudas entre unidades experimentais e retirando-se os tubetes cujas sementes não tinham mais possibilidades de germinação.



Figura 4.1: Estrutura com o suporte de tubetes e o sombreamento para as plântulas à esquerda e uma muda com 195 dias de idade à direita.

Avaliaram-se a altura (ALT), utilizando-se régua milimetrada, o diâmetro do coleto (DC), utilizando-se paquímetro digital, o número de folíolos (NF) e a porcentagem de sobrevivência (SOB) das mudas. As medições foram realizadas a partir de 60 dias da montagem do experimento no viveiro se repetiram a cada 45 dias, totalizando 4 coletas de dados e seis meses de experimento. As características ALT, DC e NF foram analisadas com base na família e no indivíduo dentro da família. SOB foi analisada apenas com base na média de famílias, comparando-se a sobrevivência das mudas ao longo das medições.



Figura 4.2: Esquema das mudas no viveiro. À esquerda aos 105 dias; à direita aos 195 dias.

4.2.1. Análise estatística

Procedeu-se, inicialmente, o teste de normalidade de Lilliefors para todos os dados a serem trabalhados, para confirmar a distribuição normal dos mesmos. Após isso, seguiram-se as análises de variância.

Para a característica SOB, foi feita a análise de variância e as estimativas dos parâmetros genéticos conforme apresentado para o teste de germinação com o delineamento em blocos ao acaso, em nível de média de famílias (Tabela. 3.1, Tabela 3.2 e equações (3.1) a (3.13)).

As análises de variância e a estimação dos parâmetros genéticos foram feitas no delineamento blocos ao acaso com informação dentro de parcela, pois se objetiva estimar os parâmetros genéticos a partir da informação das progênies e dos indivíduos dentro das progênies. Essa análise será feita para as características ALT, DC e NF. Para isso, tem-se o modelo estatístico conforme a equação (4.1) apresentada por Cruz (2001).

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk} \quad (4.1)$$

sendo:

Y_{ijk} : observação do i-ésimo indivíduo, avaliado no i-ésimo genótipo da j-ésima repetição;

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i (considerado aleatório);

b_j : efeito do bloco j (considerado fixo);

ε_{ij} : efeito da parcela ij;

δ_{ijk} : efeito do indivíduo k, do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco.

O esquema das análises de variância foi realizado para o modelo desbalanceado, com número desigual de indivíduos dentro da parcela, conforme Tabela 4.1.

Tabela 4.1: Esquema de análise de variância em blocos ao acaso, com informação dentro de parcelas para o modelo desbalanceado.

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	r - 1	QMB	$\sigma_d^2 + \bar{n}\sigma_e^2 + \bar{n}g\Phi b$	-
Genótipos (famílias)	g - 1	QMT	$\sigma_d^2 + \bar{n}\sigma_e^2 + \bar{n}r\sigma_g^2$	QMT/QME
Entre parcelas	(r-1)(g-1)	QME	$\sigma_d^2 + \bar{n}\sigma_e^2$	QME/QMD
Dentro de parcelas	(n-1)gr	QMD	σ_d^2	
Total	grn-1			

FV: fonte de variação; E(QM): esperança dos quadrados médios; GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio; r: número de blocos; g: número de genótipos; σ_d^2 = componente de variância em nível de plantas; σ_e^2 = componente de variância do erro entre parcelas; Φb = componente quadrático entre blocos; σ_g^2 = componente de variância genotípica entre médias de tratamentos.

Desta forma foi possível estimar os componentes de variâncias (σ_d^2 = componente de variância em nível de plantas; σ_e^2 = componente de variância do erro entre parcelas; Φb = componente quadrático entre blocos; σ_g^2 = componente de variância genotípica entre médias de tratamentos) necessários para os cálculos das herdabilidades. Nesta análise, g é o número de progênies (40, no caso), r é o número de blocos (3, no caso), e \bar{n} é a média harmônica do número de plantas por parcela.

4.2.2. Parâmetros genéticos

Os componentes de variância foram estimados, respectivamente, segundo Cruz (2001), de acordo com as equações (4.2), (4.3), (4.4) e (4.5), para NF, ALT e DC.

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{\bar{n}} \quad (4.2)$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMT - QME}{r\bar{n}} \quad (4.3)$$

$$\hat{\sigma}^2 = QMD \quad (4.4)$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{\theta_d^2}{\theta_e^2} \hat{\sigma}_g^2 \quad (4.5)$$

Sendo:

Para famílias de meios-irmãos $\theta_e^2 = 1/4$ e $\theta_d^2 = 3/4$.

Os coeficientes de variação experimental (CVexp%), de variação genotípica entre famílias (CVge%) e de variação genotípica dentro de famílias (CVgd%) foram assim estimados, conforme as equações (4.6), (4.7) e (4.8), apresentadas por Vencovsky e BARRIGA (1992).

$$CV \text{ exp}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m} \times 100 \quad (4.6)$$

$$CVge(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{m} \times 100 \quad (4.7)$$

$$CVgd(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}{m} \times 100 \quad (4.8)$$

onde:

m: média da característica.

Foram estimadas as herdabilidades para NF, ALT e DC (CRUZ, 2001), conforme as equações (4.9), (4.10) e (4.11).

$$h_m^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma^2}{r} + \frac{\sigma_d^2}{rK}} \quad (4.9)$$

em que: h_m^2 é a herdabilidade em nível de médias de famílias;

$$h_d^2 = \frac{3\sigma_g^2}{\sigma_d^2} \quad (4.10)$$

em que: h_d^2 é a herdabilidade entre plantas dentro de famílias;

$$h_I^2 = \frac{4\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_d^2 + \sigma^2 + \sigma_B^2} \quad (4.11)$$

em que: h_I^2 é a herdabilidade em nível de indivíduos.

As correlações fenotípicas e genotípicas foram calculadas conforme Tabela 3.2., com base nas médias das famílias.

Após isso foram estimados os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro, seleção combinada e modelos mistos, de acordo com Silva (1982), Cruz e Regazzi (1994), Pires (1996), Martins (1999) e Martins et al. (1993).

4.2.3. Métodos de seleção

Para SOB, foi analisada somente a seleção direta sobre esta característica, conforme as equações (3.14) e (3.16).

Para as características NF, ALT e DC, foram analisados os métodos de seleção entre e dentro – direta e indireta, combinada e pelo Índice Clássico, tendo, como critério de seleção ganhos positivos, ou seja, acréscimo, para todas as características. Esses foram os métodos de seleção nos quais foi possível a obtenção de ganhos expressivos e melhor distribuídos entre as características estudadas.

4.2.3.1. Seleção entre e dentro – direta e indireta (CRUZ, 2001):

Esse método de seleção permite a obtenção de estimativas de ganhos direto e indireto, pela seleção entre e dentro, sendo possível a estimação dos seguintes ganhos por seleção:

Ganho de seleção direta entre famílias, equações (4.12) e (4.13):

$$GS_e = h_m^2 DS \quad (4.12)$$

$$GS_e \% = \frac{100GS_e}{\bar{X}_0} \quad (4.13)$$

onde:

GS_e : ganho de seleção entre;

h_m^2 : herdabilidade em nível de médias de famílias;

DS : diferencial de seleção, que corresponde à diferença entre a média original e dos indivíduos selecionados, respectivamente;

\bar{X}_0 : média original.

Ganho de seleção direta dentro de famílias, equações (4.14) e (4.15):

$$GS_d = h_i^2 DS_m \quad (4.14)$$

$$GS_d \% = \frac{100GS_d}{\bar{X}_0} \quad (4.15)$$

onde:

GS_d : ganho de seleção dentro;

h_i^2 : herdabilidade em nível de parcela;

DS_m : diferencial de seleção médio dentro das várias parcelas das famílias selecionadas;

\bar{X}_0 : média original.

Ganho de seleção indireto entre e dentro de famílias, equação (4.16):

$$GS_{j(i)} = \hat{\beta}_{j(i)} DS_i \quad (4.16)$$

onde:

$GS_{j(i)}$: ganho de seleção indireto no caráter j, pela seleção praticada no caráter i;

$\hat{\beta}_{j(i)} = \frac{Cov_g(x_i, x_j)}{\hat{\sigma}_{gi}^2}$: coeficiente de regressão genético;

$Cov_g(x_i, x_j)$: covariância genética (entre ou dentro) entre os caracteres i e j; e

$\hat{\sigma}_{gi}^2$: variância genética (entre ou dentro) do caráter principal, sobre o qual se pratica a seleção.

4.2.3.2. Seleção entre e dentro – Índice Clássico (CRUZ, 2001) - IC

Neste caso, considera-se a seleção direta e indireta baseada no Índice Clássico de seleção para a obtenção das estimativas dos ganhos de seleção entre e dentro de famílias. É possível estimar os ganhos por seleção por meio dos seguintes índices:

Índice para seleção entre famílias, equação (4.17):

$$I = b_1 \bar{y}_1 + b_2 \bar{y}_2 + \dots + b_n \bar{y}_n = \sum_i b_i \bar{y}_i = y' b_e \quad (4.17)$$

onde:

I: índice de seleção entre médias de famílias, a ser estimado;

y' : vetor (1 x n) de médias das famílias; e

b_e : vetor (n x 1) dos coeficientes de ponderação do índice estimado por meio da equação (4.18):

$$P_e b_e = G_e a \quad (4.18)$$

em que:

P_d : matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre famílias;

G_d : matriz de variâncias e covariâncias genotípicas entre famílias;

a: vetor de valores econômicos.

Índice para seleção dentro de famílias, equação (4.19):

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_i b_i y_i = y' b_d \quad (4.19)$$

onde:

I : índice de seleção dentro de famílias, a ser estimado;

y' : vetor (1 x n) de valores individuais das plantas dentro de famílias; e

b_d: vetor (n x 1) dos coeficientes de ponderação do índice estimado por meio da equação (4.20):

$$P_d b_d = G_d a \quad (4.20)$$

em que:

P_d: matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre plantas dentro de famílias;

G_d: matriz de variâncias e covariâncias genotípicas entre plantas dentro de famílias;

a: vetor de valores econômicos.

A seleção dentro é feita entre todos os indivíduos das famílias selecionadas do experimento. O ganho esperado no caráter j é expresso pela equação (4.21):

$$\Delta g_{j(I)} = DS_{j(I)} h_j^2 \quad (4.21)$$

O peso econômico determinado como critério de seleção foi um para todas as características estudadas em todos os períodos.

4.2.3.3. Seleção Combinada Univariada (CRUZ, 2001; MARTINS, 1999)

A seleção combinada apresenta a possibilidade de trabalhar com dois índices. No primeiro, o valor do indivíduo é considerado em relação à média geral da parcela e no segundo, em relação a média do bloco. Para o seguinte estudo, foi utilizado o primeiro índice, equação (4.22):

$$G_{ijk} = \beta_i (Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + \beta_f (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) \quad (4.22)$$

sendo:

G_{ijk} : preditor do valor genético do indivíduo;

β_i : peso do valor fenotípico individual, no índice;

β_f : peso do valor fenotípico da família, no índice;

$(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) = D_1$: desvio do valor fenotípico individual em relação à média da parcela a que pertence;

$(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) = D_2$: desvio do valor fenotípico da família em relação à média geral.

As estimativas dos coeficientes β_i e β_f foram obtidas por meio do sistema Pb=Ga, sendo:

$$P = \begin{bmatrix} V(D_1) & Cov(D_1, D_2) \\ Cov(D_1, D_2) & V(D_2) \end{bmatrix} \quad b = \begin{bmatrix} \beta_i \\ \beta_f \end{bmatrix}$$

$$G = \begin{bmatrix} Cov(D_1, g_{ijk}) \\ Cov(D_2, g_{ijk}) \end{bmatrix} \quad a = [1]$$

Para todas as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES for Windows (CRUZ, 2001).

4.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O teste de normalidade de Lilliefors confirmou a distribuição normal dos dados, um dos pressupostos para a análise de variância, como teste paramétrico (SANTANA; RANAL, 2004).

4.3.1. Sobrevivência das mudas

A sobrevivência das mudas ao longo dos seis meses de experimento manteve-se praticamente a mesma, com uma insignificante diminuição na sua porcentagem. Isso se

deve ao fato de terem ocorrido poucas mortes de mudas. A Tabela 4.2 apresenta a análise de variância em relação à sobrevivência ao longo dos seis meses, em que é possível observar que praticamente não houve diferença entre elas no período do experimento.

Tabela 4.2: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos da sobrevivência (SOB) de progênies de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, no acompanhamento em viveiro.

F.V.	G.L.	Q.M.			
		SOB1	SOB2	SOB3	SOB4
Blocos	2	0,0531	0,0563	0,0566	0,0528
Genótipos	39	0,1186**	0,1179**	0,1183**	0,1198**
Resíduo	78	0,0129	0,0128	0,0128	0,0139
Média		0,7867	0,7825	0,7808	0,7725
CVexp(%)		14,45	14,47	14,50	15,24
h ² m(%)		89,11	89,12	89,16	88,43
CVge(%)		23,86	23,92	24,01	24,33
CVge/CVexp		1,65	1,65	1,66	1,60

** F significativo a 1% de probabilidade; SOB1: sobrevivência aos 60 dias; SOB2: sobrevivência aos 105 dias; SOB3: sobrevivência aos 150 dias; SOB4: sobrevivência aos 195 dias; Q.M: quadrado médio; CVexp: coeficiente de variação experimental; h²m: herdabilidade ao nível de médias de famílias; CVge: coeficiente de variação genotípica.

Observam-se diferenças significativas, pelo teste de F a 1% de significância, para a sobrevivência nas quatro medições, evidenciando variabilidade genética entre as progênies consideradas.

A média de 78% é inferior aos valores médios encontrados na análise de germinação em laboratório, de 92%. Isso já é esperado, pois em laboratório são fornecidas

condições ótimas para a germinação, mas em viveiro as sementes estão mais expostas a fatores bióticos, como ataque de microorganismos, e abióticos, como fatores climáticos, por exemplo. A diminuição maior da sobrevivência foi na quarta medição, que coincidiu com a época de seca e umidade baixa na região, com algumas mudas não resistindo, mesmo sendo regadas constantemente. Porém, essa diminuição não é considerada expressiva. Bomfim (2007) encontrou sobrevivências mais altas para a espécie aos três meses de idade, mas não considerou plantas mortas por ataque de formigas.

Os coeficientes de variação experimental são considerados médios, mas dentro dos padrões esperados para espécies florestais (GARCIA, 1989). A herdabilidade é considerada alta, sendo possível estimar ganhos genéticos de altas magnitudes para qualquer período de medição da sobrevivência em viveiro. A razão CV_g/CV_{exp} foi maior que um para as quatro medições, indicando possibilidades de ganhos genéticos significantes para SOB desde a primeira medição.

São apresentados na Tabela 4.3 os ganhos por seleção direta esperados para SOB nas quatro medições. É possível observar que a seleção com base na intensidade de seleção foi maior que a considerada com base no diferencial de seleção. Além disso, as diferenças entre os ganhos de seleção ao longo do tempo não são significantes.

Tabela 4.3: Respostas aos índices de seleção, quanto às características avaliadas, considerando a seleção de 16 matrizes.

Método de estimação	Resposta esperada em (%)			
	SOB1	SOB2	SOB3	SOB4
1	21,75	21,81	21,90	22,1
2	16,85	17,18	16,94	17,93

1: intensidade de seleção, 2: diferencial de seleção; SOB1: sobrevivência aos 60 dias; SOB2: sobrevivência aos 105 dias; SOB3: sobrevivência aos 150 dias; SOB4: sobrevivência aos 195 dias.

Conforme os valores obtidos na seleção, foram obtidos genótipos superiores, apresentados na Tabela 4.4. observa-se que para as quatro medições os genótipos

selecionados foram os mesmos, alguns diferindo apenas na sua posição em relação à ordem de seleção.

Tabela 4.4: Genótipos selecionados de acordo com a seleção direta para a sobrevivência das mudas de *Pterogyne nitens*, em viveiro.

Medição	Genótipos selecionados
SOB1	5, 7, 25, 31, 35, 9, 11, 19, 20, 24, 28, 34, 3, 8, 16, 17
SOB2	5, 7, 25, 31, 35, 9, 11, 19, 20, 28, 34, 3, 8, 16, 17, 24
SOB3	5, 7, 25, 31, 9, 11, 19, 20, 28, 34, 3, 8, 16, 17, 24, 35
SOB4	5, 7, 25, 31, 9, 11, 19, 20, 28, 34, 3, 8, 16, 17, 24, 35

SOB1: sobrevivência aos 60 dias; SOB2: sobrevivência aos 105 dias; SOB3: sobrevivência aos 150 dias; SOB4: sobrevivência aos 195 dias.

Os resultados obtidos para a sobrevivência indicam que a seleção com base nessa característica pode ser feita nos primeiros 60 dias, pois a mortalidade das mudas ou desenvolvimento de outras mudas no viveiro após esse período não influenciaram significativamente os resultados dos parâmetros genéticos avaliados ou na média de sobrevivência das mudas, visto que a média da sobrevivência foi igual ou superior a 90% para todos os genótipos selecionados para qualquer período de medição.

4.3.2. Análise dos aspectos morfológicos das mudas

A análise de variância e os parâmetros genéticos das características número de folíolos (NF), altura da muda (ALT) e diâmetro do coleto (DC) serão apresentados na Tabela 4.5, separados por data de medição.

Na análise de variância, apenas DC manteve-se com diferenças significativas entre as progênies, ao nível de 1%, para as quatro medições. Para NF, não houve diferenças significativas para a segunda medição, aos 105 dias, mas houve diferenças significativas a 5% pelo teste de F para os outros períodos de medição. Para ALT, houve diferenças significativas a 1% para a primeira e a quarta medição e a 5% para a segunda e a terceira medição.

Tabela 4.5: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos para as características número de folíolos (NF), (ALT) e diâmetro do coleto (DC), em famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, em diferentes períodos de medição.

	Q.M.: (60 dias)				Q.M.: (105 dias)				Q.M.: (150 dias)				Q.M.: (195 dias)			
	GL	NF	ALT	DC	GL	NF	ALT	DC	GL	NF	ALT	DC	GL	NF	ALT	DC
F.V.																
Blocos	2	112,93	38,81	4,24	2	13884,44	2809,69	5,94	2	717,34	223,80	2,01	2	170,09	189,60	4,52
Genótipos	39	49,15**	25,02**	0,47**	39	320,37 ^{ns}	114,27*	0,95**	39	282,60**	92,61*	1,04**	39	569,98**	66,60**	1,05**
E. parcelas	78	17,13	2,91	0,07	78	239,24	69,15	0,13	78	79,30	51,20	0,12	78	145,28	16,05	0,12
D. parcelas	797	13,97	3,01	0,04	817	52,17	6,67	0,09	816	75,15	9,19	0,11	808	126,72	10,47	0,15
Média		13,15	10,06	1,93		25,41	13,91	2,14		33,23	16,48	2,27		41,62	18,18	2,56
h²m(%)		65,16	88,36	84,42		25,32	39,49	86,02		71,94	44,71	88,48		74,51	75,90	88,38
h²d(%)		35,88	100	100		23,62	100	100		41,21	68,65	100		51,49	74,16	98,57
h²i(%)		40,48	100	100		12,04	31,67	100		46,64	45,83	100		57,46	71,00	100
CVexp(%)		5,34	#	3,90		20,98	22,15	3,58		2,39	16,95	2,00		4,06	5,09	#
CVge(%)		9,82	10,69	7,42		7,97	10,86	9,51		9,67	8,80	9,56		11,21	8,85	8,51
CVgd(%)		28,41	17,28	9,86		28,32	18,40	14,35		26,08	18,31	14,41		27,04	17,79	14,86
CVge/CVexp		1,84	#	1,90		0,38	0,49	2,66		4,04	0,57	4,78		2,76	1,74	#
CVgd/CVexp		5,32	#	2,53		1,35	0,83	4,01		10,89	1,19	7,21		6,66	3,49	#

Q.M.: quadrado médio; h²m: herdabilidade em nível de médias de famílias; h²d: herdabilidade em nível de indivíduos dentro de famílias; h²i: herdabilidade ao nível de indivíduos dentro do experimento; CVexp: coeficiente de variação experimental; CVge: coeficiente de variação genotípica entre; CVgd: coeficiente de variação genotípica dentro; *: F significativo a 5% de probabilidade; **: F significativo a 1% de probabilidade; # valor muito próximo a zero. E: entre; D: dentro.

As médias encontradas para as quatro características apresentaram um crescimento praticamente constante ao longo do tempo. Bomfim (2007) encontrou, para a mesma espécie, com seis meses de idade, o que equivale ao período da quarta medição, diâmetros do coleto de 3,18 mm para mudas produzidas em tubetes de 288cm³ e de 1,95 mm para mudas produzidas em tubetes de 50cm³, o que sugere que o tamanho do tubete influencia na espessura do diâmetro do coleto, visto que a média encontrada neste experimento, de 2,56 mm, corresponde a mudas produzidas em tubetes de 120cm³. Salgado et al. (2001) obtiveram para *Copaifera langsdorffii*, na idade de seis meses, média de 13,30cm para altura, com CVexp de 24,52% e média do diâmetro do coleto de 0,34 mm, com CVexp de 13,2%.

As herdabilidades com base nas médias das famílias só foram consideradas baixas para NF e ALT, na segunda medição, e para ALT na terceira medição, o que indica baixa possibilidade de ganhos genéticos na seleção destas características, mas possíveis ganhos satisfatórios pra as demais características. Filho et al. (2004) encontraram herdabilidades de 83% para altura de mudas de imbuia (*Ocotea porosa*), aos 12 meses de idade.

As herdabilidades dentro foram inferiores às herdabilidades com base nas médias de famílias, para NF em todas as medições, indicando que a seleção com base nas médias de famílias deverá ser mais eficiente que a seleção dentro de famílias, para esta característica. Para as outras características, as herdabilidades dentro foram consideradas altas em todas as épocas de medição, sendo superiores ou muito próximas aos valores de herdabilidade com base nas médias de famílias, evidenciando que a seleção entre famílias deverá ser superior à seleção com base nas médias entre famílias

O coeficiente de variação experimental foi considerado baixo para todos os períodos de medição para DC, sendo que a última medição apresentou o valor aproximadamente zero. O CVexp é dependente dos quadrados médios entre e dentro das parcelas e, nesse caso, o valor do quadrado médio dentro de parcelas foi maior que o quadrado médio entre parcelas, gerando um valor negativo, cuja raiz quadrada não pode ser obtida e não sendo possível o cálculo das razões contendo o CVexp como denominador. O mesmo ocorreu para a característica ALT na primeira medição. O CVexp aos 105 dias foi considerado alto para ALT e NF e médio para ALT aos 150 dias. No segundo período de medição as mudas mais desenvolvidas começavam a trocar seus folíolos, sendo esta a possível razão para o aumento do valor do CVexp, já que ele fornece

a idéia de precisão dos dados (GARCIA, 1989). Os valores obtidos estão dentro do padrão esperado para espécies florestais.

De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), a relação CV_g/CV_{exp} maior que uma unidade indica possibilidade de ganhos genéticos significativos no melhoramento. Como não foi possível obter as razões CV_{ge}/CV_{exp} e CV_{gd}/CV_{exp} para ALT, na primeira medição e DC na quarta medição, foi observado o valor do CV_{ge} que, segundo Martins (1999) expressa a dispersão genética em relação à média geral, que correspondeu a 10, 69% para ALT e a 8, 51% para DC, valores que indicam possibilidade de ganhos genéticos nestas características. NF apresentou valores de CV_{ge}/CV_{exp} superiores a um para a primeira, a terceira e a quarta medições e valores de CV_{gd}/CV_{exp} superiores para todas as medições. Com exceção à quarta medição, DC apresentou valores superiores a um nas duas razões. ALT apresentou valor maior que um somente na última medição para CV_{ge}/CV_{exp} e nas duas últimas medições para CV_{gd}/CV_{exp} . Esses resultados sugerem uma situação altamente favorável à seleção, principalmente dentro de famílias para DC nas três primeiras medições, e NF, em todas as medições, e a possibilidade de ganhos expressivos apenas para as duas últimas medições para ALT.

Em relação a NF e ALT, os parâmetros genéticos na segunda medição indicam baixa possibilidade de ganhos para essas características nesse período. Aos 60 dias, as mudas ainda estavam com os cotilédones, sem competição por luz, e com poucos folíolos, evidenciando pouca influência do ambiente na expressão fenotípica destas. Já aos 105 dias, as mudas estavam perdendo os cotilédones e estava ocorrendo o início da renovação dos folíolos, o que influencia nas características e pode ter influenciado nos valores das herdabilidades para ALT e NF. Após esse período, a troca de folíolos apresentou-se mais constante entre as mudas, diminuindo sua influência na expressão fenotípica das mesmas.

Com base nos resultados obtidos na análise de variância e nas estimativas dos parâmetros genéticos, espera-se que o DC tenha ganhos expressivos já na primeira medição.

A Tabela 4.6 apresenta a matriz de correlações genéticas entre as características NF, ALT e DC para as quatro medições realizadas. As correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, e consideradas em geral de altas magnitudes, sendo maiores que

50%, indicando possíveis ganhos genéticos indiretos significantes para todas as características em todos os períodos de medições.

Tabela 4.6: Matriz de correlações genótípicas entre número de folíolos (NF), altura (ALT) e diâmetro do coleto (DC) de famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, para as quatro medições realizadas.

	NF1	NF2	NF3	NF4	ALT1	ALT2	ALT3	ALT4	DC1	DC2	DC3	DC4
NF1	1,00											
NF2	0,90	1,00										
NF3	0,94	0,93	1,00									
NF4	1,00	0,92	1,00	1,00								
ALT1	0,78	0,70	0,53	0,62	1,00							
ALT2	0,79	0,71	0,61	0,64	1,00	1,00						
ALT3	0,76	0,75	0,77	0,83	0,82	0,87	1,00					
ALT4	0,85	0,72	0,73	0,76	0,87	0,90	1,00	1,00				
DC1	0,82	0,68	0,57	0,60	0,85	0,90	0,74	0,83	1,00			
DC2	0,72	0,60	0,56	0,59	0,84	0,87	0,77	0,90	1,00	1,00		
DC3	0,64	0,70	0,50	0,51	0,79	0,86	0,73	0,84	0,95	0,96	1,00	
DC4	0,75	0,70	0,68	0,66	0,75	0,83	0,84	0,91	0,91	0,96	0,97	1,00

NF1, NF2, NF3 e NF4: número de folíolos, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias; ALT1, ALT2, ALT3 e ALT4: altura, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias; DC1, DC2, DC3, DC4: diâmetro do coleto, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias.

Para NF, as correlações genéticas foram superiores a 90%, sugerindo que a primeira medição desta característica já foi suficiente para expressar a possibilidade de ganhos genéticos. Para ALT, a partir da primeira medição a correlação genética já é acima de 82%, e a partir da segunda medição, acima de 87%, indicando ser possível já na segunda medição obter ganhos expressivos para a seleção desta característica. Para DC, a primeira medição já expressa correlações genéticas entre as outras medições superiores a 91%, também sugerindo que a primeira medição já fornece a possibilidade de ganhos genéticos para a seleção.

Conforme os resultados obtidos para as correlações, a seleção de genótipos superiores poderia obter sucesso já na primeira medição, pois não deve diferenciar tanto dos resultados das outras medições, além da economia de tempo, dinheiro e espaço no viveiro, com a seleção das matrizes superiores geneticamente. Esses resultados estão

condizentes aos encontrados nas análises de variâncias e na obtenção dos valores genéticos para os diferentes períodos de medição.

A magnitude da resposta à seleção é em função da variedade genética, da herdabilidade e da intensidade de seleção, que é a única variável passível de manipulação pelo melhorista (ROMANELLI; SEBBENN, 2004).

Para os métodos de seleção testados, foram obtidos resultados de interesse para os métodos de seleção entre e dentro, combinada e utilizando-se o Índice Clássico, sendo que foi definida uma porcentagem de seleção de 40% para todas as análises, pelo diferencial de seleção. A quantidade de indivíduos selecionados em média para a seleção entre e dentro e a seleção combinada foi em torno dos 19%, para 40% das matrizes selecionadas. A Tabela 4.7 apresenta os resultados obtidos para a seleção.

Tabela 4.7: Ganhos de seleção entre (GSe), dentro (GSd), entre e dentro (GSed) e combinada (GSc) para famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, nas quatro medições realizadas.

Ganho de seleção (%)	60 dias			105 dias			150 dias			195 dias		
	NF	ALT	DC	NF	ALT	DC	NF	ALT	DC	NF	ALT	DC
GSe	7,49	10,17	7,64	3,94	6,18	8,64	8,12	5,02	9,14	10,62	7,17	8,04
GSd	5,63	11,75	6,27	5,33	14,12	8,97	7,05	8,20	8,57	8,75	9,70	9,13
GSed	13,12	21,92	13,91	9,27	20,30	17,61	15,17	13,22	17,71	19,37	16,87	17,17
GSc	18,28	29,64	24,43	11,43	27,50	31,41	19,20	17,83	30,21	24,25	21,32	23,81
GSc/GSed	1,39	1,35	1,76	1,23	1,35	1,78	1,27	1,35	1,71	1,25	1,26	1,39

GSc/GSed: eficiência da seleção combinada sobre a seleção entre e dentro.

Para as características estudadas foram obtidos ganhos superiores para seleção combinada, que teve uma eficiência entre 25 e 78% em relação à seleção entre e dentro. Pires (1996) e Paula (1997) encontraram ganhos superiores para a seleção combinada, em comparação com a seleção entre e dentro, para famílias de polinização livre de *Eucalyptus camaldulensis*. Martins (1999) afirma que normalmente, a seleção combinada, pela sua natureza de obtenção, alcança resultados mais satisfatórios que a seleção entre e dentro. Esta seleção também proporcionou ganhos superiores ao da seleção entre e dentro para as

características que apresentaram baixas herdabilidades, confirmando as recomendações de Cotterill e Dean (1990).

De modo geral, os ganhos genéticos esperados obtidos nas diferentes épocas de medição para a seleção combinada, nos dois métodos de estimação, foram semelhantes.

Para NF, os ganhos obtidos pela seleção combinada só foram pequenos para a segunda época de medição. Para ALT, foram encontrados ganhos expressivos já na primeira medição, mas essa porcentagem diminuiu nas outras medições. Para DC, os ganhos obtidos na seleção combinada foram superiores a 23% em todas as medições.

Os resultados obtidos na seleção combinada variaram de 11 a 30% em média. Então, testou-se o Índice clássico (IC), para verificar a possibilidade de ganhos de maiores magnitudes, definindo-se a seleção para 400 indivíduos. A Tabela 4.8 apresenta os resultados obtidos pelo IC.

Tabela 4.8: Respostas esperadas para a seleção do número de folíolos (NF), altura (ALT) e diâmetro do coleto (DC), baseadas no Índice Clássico (IC) para famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, em viveiro.

Resposta esperada em (%)			
IC	NF	ALT	DC
60 dias	46,10	56,27	40,12
105 dias	20,57	39,95	28,54
150 dias	11,65	19,00	18,90
195 dias	17,44	15,13	14,21

Os resultados da seleção pelo IC mostram maior ganho genético aos 60 dias. Esse resultado permite inferir que a competição entre as mudas ao longo do experimento influenciou na expressão genética destas.

Conforme esperado para NF, devido aos valores das herdabilidades com base nas médias de famílias maiores que as herdabilidades dentro de famílias, a seleção pelo IC foi mais eficiente que a seleção entre e dentro.

Existe uma variação dos genótipos selecionados em relação à ALT, DC e NF. Porém, deve ser dada maior atenção aos genótipos em comum a ALT e DC, visto que estas variáveis em conjunto possuem maior possibilidade de sucesso do estabelecimento da muda em campo.

Em relação aos métodos de seleção estudados, a seleção combinada, de modo geral, manteve os ganhos genéticos constantes ao longo do período de experimento, além de apresentar eficiência superior a 25% em relação à seleção entre e dentro, sendo considerada a mais promissora a ser utilizada na seleção.

O Apêndice C apresenta os genótipos, bem como a quantidade de indivíduos selecionados por matriz.

4.4. CONCLUSÕES

Conforme os resultados obtidos pelo teste de F, há variabilidade genética significativa entre as progênies em estudos, com exceção da variável NF, para o segundo período de medição.

A média de sobrevivência foi de 78%, inferior aos resultados encontrados no teste de germinação, com altas herdabilidades para todos os períodos de medição, evidenciando possibilidades de ganhos genéticos significantes para SOB desde a primeira medição.

A seleção direta sobre SOB ao longo do tempo ocorre sobre as mesmas matrizes, mudando apenas a ordem da seleção de algumas delas, indicando que a seleção com base nesta característica pode ser feita nos primeiros 60 dias.

Para as características morfológicas, as médias apresentaram um crescimento constante ao longo do tempo. As herdabilidades foram altas para a maioria das características, predominando uma alta herdabilidade dentro de famílias, sendo que a seleção entre e dentro famílias deverá ser superior à seleção com base nas médias entre famílias.

Para NF e ALT, os parâmetros genéticos na segunda medição indicam baixa possibilidade de ganhos para essas características nesse período. Já para DC, Espera-se que haja ganhos expressivos já na primeira medição.

As correlações genéticas foram maiores que as fenotípicas e consideradas de altas magnitudes, maiores que 50%, indicando ganhos genéticos indiretos significantes para todas as características já na primeira medição.

Os resultados dos genótipos selecionados com base na seleção entre e dentro confirmam o que foi obtido nas análises de variância, nas estimativas dos parâmetros genéticos e na seleção entre e dentro.

A seleção combinada manteve os ganhos genéticos constantes ao longo do período de experimento, com eficiência superior a 25% em relação à seleção entre e dentro, sendo considerada a mais promissora a ser utilizada na seleção.

5. VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Pterogyne nitens* TUL. PARA A PRODUÇÃO DE BIOMASSA

5.1. INTRODUÇÃO

A alocação da biomassa pela planta está diretamente relacionada com a maximização do ganho total de carbono por ela, dependendo da disponibilidade de luz, nutrientes, água e características intrínsecas à espécie (MARTINS, 2004).

Para estudos do desenvolvimento de mudas em viveiro, Mayer (1977) apud Carneiro (1995) afirma que a medição da altura da parte aérea da muda foi por muito tempo o único parâmetro para a avaliação da qualidade de mudas, recomendando o estudo desta característica com outros parâmetros, como o diâmetro do colo, peso, relação peso das raízes com o peso da parte aérea, entre outros.

O sistema radicular das plantas relaciona-se diretamente com a sua capacidade de absorção de nutrientes e água do solo, sendo que as plantas mais eficientes nessa absorção possuem maior capacidade de estabelecimento no campo e maior ganho em produção (OLIVEIRA et al., 2006). O comprimento radicular junto à quantidade de raízes finas é uma das melhores variáveis para estimação da absorção de água e nutrientes (BOHM, 1979; MELLO, 1997 apud OLIVEIRA et al., 2006), devendo ser atribuído maior valor de importância às raízes, tanto sob o aspecto fisiológico como sob o aspecto morfológico (CARNEIRO, 1995). O conhecimento da variação genética dos caracteres relacionados à qualidade da raiz é fundamental para a escolha do material genético que forneça um maior crescimento e desenvolvimento da planta (OLIVEIRA et al., 2006).

CARNEIRO (1995) cita estudos de vários autores a respeito do desenvolvimento de mudas, seus parâmetros morfológicos e fisiológicos, com predominância de espécies de *Eucalyptus* e *Pinus*, o que evidencia a escassez de dados sobre outras espécies florestais.

5.2. MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1. Análise de matéria seca

Para a análise de biomassa foi considerada uma repetição com 12 mudas por matriz, sendo selecionadas, então, por sorteio, quatro mudas para a análise destrutiva. Com isso evita-se a destruição de todas as mudas.

Ao final do experimento, após cerca de 210 dias, foram efetuadas as análises da matéria seca aérea (caule e folhas) e subterrânea de quatro plantas por matriz, totalizando 160 plantas. Em cada amostragem destrutiva, as raízes das plantas foram lavadas com água sobre uma mesa com cobertura de sombrite, para evitar perda das raízes finas. Em seguida, foi medido o comprimento total da muda (Figura 5.1). Logo após, as plantas foram divididas em folhas, caules e raízes e seguiu-se a medição separada da parte aérea e da raiz. As partes das mudas foram, então, colocadas em sacos de papel devidamente identificados, sendo um saco pra a raiz, outro para o caule e outro para as folhas. As partes das mudas foram pesadas com balança de precisão de 0,0001g e colocadas em estufa a 70°C, até que fosse obtido peso constante, o que correspondeu a cerca de 24 horas (FAGG, 2001 apud MARTINS, 2004). Após isso, as partes foram novamente pesadas com balança de precisão de 0,0001g e foi calculado o teor de umidade para cada parte das mudas, com base nas médias obtidas, conforme a seguinte fórmula apresentada na equação (5.1):

$$TU = \frac{M_{verde} - M_{seca}}{M_{verde}} * 100 \quad (5.1)$$

onde:

M_{verde} : matéria verde, neste caso, folhas, caule e raiz;

M_{seca} : matéria seca, neste caso, folhas, caule e raiz.



Figura 5.1: Mudanças de *Pterogyne nitens*. À esquerda uma muda considerada padrão. À direita, uma muda considerada defeituosa.

5.2.2. Análise estatística

As análises de variância e estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas conforme a metodologia descrita para o teste de germinação, em blocos ao acaso, com base nas médias das famílias (Tabela. 3.1, Tabela 3.2 e equações (3.1) a (3.13)).

Após isso foram estimados os ganhos genéticos esperados pelos métodos de seleção direta e indireta, de acordo com Silva (1982), Cruz e Regazzi (1994), Pires (1996), Martins (1999) e Martins et al. (1993), conforme as equações (3.14) a (3.25).

Para a seleção direta e indireta, foi considerado acréscimo para as características analisadas. Para o Índice Clássico, todas as características foram consideradas de peso econômico igual. Para o Índice Baseado nos Ganhos Desejados, estes ganhos foram definidos como um desvio padrão correspondente a cada característica, sendo todas as características consideradas principais. Para o Índice Livre de Pesos e Parâmetros, o critério de seleção foi considerado para valores acima da média das características.

Para todas as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES for Windows (CRUZ, 2001).

5.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A tabela 5.1 apresenta os resultados das análises de variância para as características comprimento de raiz (CR) em centímetros, comprimento da parte aérea (CPA) em centímetros, massa verde dos folíolos (FV) em gramas, massa verde do caule (CV) em gramas, massa verde da raiz (RV) em gramas, massa seca dos folíolos (FS) em gramas, massa seca do caule (CS) em gramas e massa seca da raiz (RS) em gramas.

Tabela 5.1: Resultados da análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos do comprimento de raiz (CR), comprimento de parte aérea (CPA), massa verde dos folíolos (FV), massa verde do caule (CV), massa verde das raízes (RV) e suas respectivas massas secas (FS, CS e RS) em famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, para análises destrutivas.

F.V.	G.L.	Q.M.							
		CR	CPA	FV	CV	RV	FS	CS	RS
Genótipos	39	1,98*	23,33**	1,11*	0,12**	7,87**	0,19*	0,02 ^{ns}	1,53**
Resíduo	120	1,32	9,08	0,74	0,07	3,14	0,12	0,02	0,55
Média		11,77	21,21	2,53	0,82	5,05	0,87	0,27	1,85
CV _{exp} (%)		9,75	14,20	34,04	31,26	35,07	39,63	56,08	39,97
h ² m(%)		33,48	61,10	33,46	45,80	60,08	38,89	3,85	64,03
CV _g (%)		3,46	8,90	12,07	14,37	21,51	15,80	5,61	26,66
CV _g /CV _{exp}		0,35	0,63	0,35	0,46	0,61	0,40	0,10	0,66

* significativo a 5% no teste de F; ** significativo a 1% no teste de F; ^{ns}: não significativo no teste de F. CV_{exp}: coeficiente de variação experimental; CV_g: coeficiente de variação genotípica; h²m: herdabilidade em nível de médias de famílias.

Das características estudadas na análise de variância da biomassa, CPA, CV, RV e RS apresentaram diferenças significativas pelo teste de F a 1%. As variáveis CR e FS apresentaram diferenças significativas pelo teste de F a 5%. Somente CS não apresentou diferenças significativas.

Quanto ao comprimento de raiz, a média de 11,7 cm deve-se principalmente ao fato do tubete ter servido como fator limitante no desenvolvimento em comprimento da raiz, que enovelou em alguns tubetes, mesmo sem barreiras visíveis para a poda natural da raiz, prejudicando a medição do real tamanho das raízes enoveladas. Isso pode ter influenciado na análise de variância, devido a limitação da variância do tamanho das raízes.

O comprimento médio de 21,21 cm da parte aérea é condizente ao encontrado na quarta medição das mudas aproximadamente da mesma idade. Bomfim (2007) encontrou resultados semelhantes, de 20,18 cm em média, para a medição da parte aérea da mesma espécie, no mesmo período de medição, para mudas em tubetes de 288cm³ e sacos plásticos de 165 cm³, mas resultados superiores para mudas em sacos plásticos de 382 cm³, sugerindo que essa diferença ocorreu devido à maior capacidade de retenção de água e absorção de nutrientes devido à maior quantidade de substrato no saco plástico.

Os pesos médios da matéria fresca, da parte aérea, somando-se FV e CV, de 3,35g, bem como da parte radicular, de 5,05g, estão acima do encontrado por Bomfim (2007) para tubetes de 288cm³ (respectivamente 2,23g e 3,43g), mas abaixo do encontrado na produção em sacos plásticos de 382cm³(respectivamente 4,63g e 6,55g), pelo mesmo autor.

Quanto à matéria seca, os pesos médios da parte aérea, somando-se FS e CS, de 1,14g, bem como da parte radicular, de 1,85g, também estão acima do encontrado por Bomfim (2007) para tubetes de 288cm³ (respectivamente 0,78g e 1,71g), mas abaixo do encontrado na produção em sacos plásticos de 382cm³ (respectivamente 2,27g e 2,79g), pelo mesmo autor.

O teor de umidade médio calculado foi de 65,61% para folha, de 67,07% para caule e de 172,97% para raiz. Analisando-se as diferenças entre as médias das folhas, caule e raiz, é possível observar que a raiz é a maior acumuladora de biomassa e de umidade, se comparada às outras variáveis. Esse alto valor do teor de umidade para raiz deve-se ao fato de as raízes, além da umidade natural, terem maior quantidade de água adsorvida em suas pilosidades quando colocada na pesagem que as outras variáveis. Já para o caule e folha, os teores de umidade foram próximos, mas o caule responde pela menor quantidade de biomassa adquirida pela planta.

O CVexp foi considerado baixo para CR, médio para CPA e alto para as demais características e a razão CVg/CVexp foi abaixo de uma unidade, indicando que os ganhos

genéticos para esta análise poderão não ser expressivos. Então, faz-se necessário analisar outros parâmetros para ver quais características terão maiores possibilidades de eficiência na seleção.

As características CPA, CV, RV e RS apresentaram herdabilidades acima de 45%, indicando a possibilidade de ganhos genéticos na seleção com base nestas características.

Segundo SCHIMIDT-VOGT(1966) apud CARNEIRO (1995), o peso da matéria seca da parte aérea, bem como o peso seco das raízes devem ser utilizados em conjunto com o comprimento da parte aérea para critérios de classificação, ressaltando a importância do CPA para analisar o desenvolvimento das mudas. Os mesmos autores afirmam que mudas com maior peso do sistema radicular têm maiores chances de sobrevivência no campo.

Enfim, com base nos resultados apresentados na análise de variância, decidiu-se que os métodos de seleção têm maiores chances de sucesso se forem baseados nas características CPA, CV, RV e RS.

A Tabela 5.2 apresenta a matriz de correlações de todas as características. Conforme expectativas, houve altas correlações fenotípicas e genéticas entre as características e suas respectivas massas verdes e secas, indicando altas possibilidades de ganhos genéticos indiretos sobre elas. As características excluídas dos métodos de seleção, com exceção de CR e FS, são altamente correlacionadas com pelo menos uma das características selecionadas para a seleção, como CV e CS, FV e CV, CV e FS, por exemplo. Para CR, houve correlações negativas baixas entre esta e as outras características, evidenciando não ser possível obter ganhos indiretos ao selecionar CR. Os resultados das correlações estão de acordo com os resultados obtidos na Tabela 5.3, para a seleção direta e indireta.

Tabela 5.2: Correlações fenotípicas (ρ_f) e genéticas (ρ_g) entre as características analisadas em famílias de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, para análises destrutivas.

Par de caracteres	ρ_f	ρ_g	Par de caracteres	ρ_f	ρ_g
CR e CPA	-0,216	-0,241	FV e RV	0,510	0,434
CR e FV	-0,090	-0,264	FV e FS	0,897	0,948
CR e CV	-0,190	-0,360	FV e CS	0,686	1,00
CR e RV	-0,009	-0,030	FV e RS	0,348	0,182
CR e FS	-0,051	-0,097	CV e RV	0,655	0,637
CR e CS	-0,132	-0,635	CV e FS	0,685	0,603
CR e RS	-0,039	-0,156	CV e CS	0,932	1,00
CPA e FV	0,583	0,685	CV e RS	0,535	0,532
CPA e CV	0,584	0,612	RV e FS	0,546	0,473
CPA e RV	0,511	0,517	RV e CS	0,643	1,00
CPA e FS	0,610	0,687	RV e RS	0,949	0,966
CPA e CS	0,637	0,235	FS e CS	0,717	1,00
CPA e RS	0,461	0,457	FS e RS	0,423	0,300
FV e CV	0,753	0,743	CS e RS	0,563	1,00

CR: comprimento de raiz; CPA: comprimento de parte aérea; FV: massa verde dos folíolos; CV: massa verde do caule; RV: massa verde das raízes; FS: massa seca dos folíolos; CS: massa seca do caule; RS: massa seca das raízes.

A tabela 5.3 apresenta os resultados da seleção direta e indireta para as características CPA, CV, RV e RS, com base na intensidade de seleção e no diferencial de seleção.

Conseguiram-se ganhos expressivos para a seleção direta e indireta, suficientes para a seleção de genótipos superiores. Porém, foram testados outros índices de seleção, conforme a Tabela 5.4, na tentativa de encontrar uma maximização da seleção.

Tabela 5.3: Respostas esperadas para a seleção direta e indireta em progênies de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, nas análises destrutivas.

Método de estimação	Seleção em	Resposta esperada em (%)				
		CPA	CV	RV	RS	Total
1	CPA	6,72	6,64	8,40	9,2	30,96
	CV	3,56	9,39	8,96	9,26	31,17
	RV	3,44	6,85	16,11	19,28	45,68
	RS	3,14	5,90	16,06	20,61	45,71
2	CPA	6,51	4,71	8,49	10,41	30,12
	CV	4,90	9,79	13,32	14,03	42,04
	RV	2,61	6,02	16,81	20,03	45,74
	RS	2,79	5,36	15,79	20,75	44,69

CPA: comprimento de parte aérea; CV: massa verde do caule; RV: massa verde das raízes; RS: massa seca das raízes.

Tabela 5.4: Respostas esperadas para a seleção com base nos índices de seleção, em progênies de meio-irmãos de *Pterogyne nitens*, nas análises destrutivas.

Método de estimação	Resposta esperada em (%)				
	CPA	CV	RV	RS	Total
IC	5,75	5,06	13,43	17,64	41,88
ISR	4,86	7,89	15,61	18,90	47,26
IBGD	4,95	6,29	15,52	20,40	47,16
ILPP	6,14	11,00	21,15	24,73	63,02

CPA: comprimento de parte aérea; CV: massa verde do caule; RV: massa verde das raízes; RS: massa seca das raízes; IC: Índice Clássico; ISR: Índice de Soma de Ranks; IBGD: Índice Baseado nos Ganhos Desejados; ILPP: Índice Livre de Pesos e Parâmetros.

Conforme é possível observar na Tabela 5.4, o ILPP foi o método de seleção mais eficiente para as características analisadas, com ganhos melhores distribuídos entre elas e um ganho total superior aos demais. Com isso, a Tabela 5.5 apresenta os genótipos selecionados com base no ILPP. Entretanto, como o critério de seleção para o ILPP foi de valores acima da média das famílias, esse índice só selecionou 11 genótipos, o que pode ter gerado esses resultados superiores aos outros métodos de seleção, já que a intensidade de seleção foi maior nesse índice.

Trabalhando com *Eucalyptus grandis*, MARTINS et al. (2006) encontraram as respostas esperadas mais equilibradas para a seleção pelo ILPP, apesar de a seleção direta e indireta e os índices de seleção utilizados não terem sido eficientes no experimento.

Tabela 5.5: genótipos selecionados com base no Índice Livre de Pesos e Parâmetros, para progênies de *Pterogyne nitens*, nas análises destrutivas.

Índice	Genótipos selecionados
ILPP	03, 05, 32, 39, 33, 25, 35, 24, 02, 31, 04

Todas as matrizes selecionadas na Tabela 5.5 apresentavam raízes saudáveis e bem desenvolvidas, caules retos e folhas sem a presença de ataque de insetos ou microorganismos, sendo esperado um bom desenvolvimento destas no campo.

5.4. CONCLUSÕES

Na análise de variância da biomassa, CPA, CV, RV e RS apresentaram diferenças significativas pelo teste de F a 1%. As variáveis CR e FS apresentaram diferenças significativas pelo teste de F a 5%. Somente CS não apresentou diferenças significativas. Isso significa não se possível afirmar que há variabilidade genética entre as progênies apenas quanto a característica CS.

A média do CR foi de 11,7 cm , o comprimento médio da parte aérea foi de 21,21 cm, o peso médio da matéria fresca da parte aérea foi de 3,35g e da parte radicular foi de 5,05g, O peso médio da matéria seca da parte aérea foi de 1,14g e da parte radicular foi de 1,85g.

O teor de umidade médio calculado foi de 65,61% para folha, de 67,07% para caule e de 172,97% para raiz.

As características CPA, CV, RV e RS apresentaram herdabilidades acima de 45%, indicando a possibilidade de ganhos genéticos na seleção com base nestas características.

O ILPP foi o método de seleção mais eficiente para as características analisadas, com ganhos melhores distribuídos entre elas e um ganho total superior aos demais. Entretanto, esse índice só selecionou 11 genótipos.

Todas as matrizes selecionadas pelo ILPP apresentavam raízes saudáveis e bem desenvolvidas, caules retos e folhas sem a presença de ataque de insetos ou microorganismos, sendo esperado um bom desenvolvimento destas no campo.

6. CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES

Para comparar as análises feitas neste trabalho é interessante observar diretamente as matrizes selecionadas.

Os genótipos selecionados para SOB são semelhantes aos valores encontrados para o teste de germinação, porém, diferem da maioria dos genótipos selecionados para as características morfológicas, significando que nem sempre as matrizes que apresentam alta porcentagem de sobrevivência serão as mesmas com os melhores desenvolvimentos.

Comparando os genótipos selecionados entre todas as análises de seleção eficientes, apresentadas no presente trabalho, é possível selecionar quais os melhores e os piores genótipos para as características estudadas, com base na sua frequência nas análises.

As melhores matrizes foram a 3, 5, 20 e 35, que foram selecionadas em praticamente todos os métodos de seleção eficientes e cujos indivíduos não apresentaram defeitos ou deformações em nenhuma das características medidas.

As matrizes 1, 6, 18, 19, 29, 30, 38 e 39 foram consideradas as piores, com as piores frequências nos métodos de seleção eficientes. Essas matrizes apresentaram algumas mudas defeituosas, como tortuosidade do caule ou raízes pouco desenvolvidas, mas em pequena quantidade por matriz. As outras matrizes foram selecionadas em diferentes ocasiões no experimento, devendo ser escolhidas conforme a sua presença nas análises de seleção.

Pretende-se levar a campo todas as mudas sobreviventes em viveiro, para posteriores estudos e acompanhamento das suas expressões genotípicas e fenotípicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBOSA, J. M. Germinação de sementes de sete essências nativas. **Silvicultura São Paulo**, São Paulo/SP, v. 16, p. 322-327, 1982.
- BOMFIM, A. A. **Qualidade de mudas de madeira-nova (*Pterogyne nitens* Tul.) produzidas em tubetes e sacolas plásticas e seu desempenho no campo**. Vitória da Conquista: UESB, 2007. 70p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) Universidade Federal do Sudoeste da Bahia.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 4ª edição. Viçosa: UFV, 2005. 525p.
- BRASIL. **Regras para análise de sementes**. Brasília, 1992. 365p.
- CARNEIRO, J. G. A. **Produção e controle da qualidade de mudas florestais**. Curitiba: UFPR/FUPEF; Campos: UENF, 1995. 451p.
- CARVALHO, F. I. F. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. Pelotas, UFPel. Ed. Universitária, 2003. 230p.
- CARVALHO, N. M.; FILHO, J. F. S.; GRAZIANO, T. T.; AGUIAR, I. B. Maturação fisiológica de sementes de amendoim-do-campo. **Rev. bras. Sementes**, v. 2, n. 2, p.23-28, 1980.
- CARVALHO, P.E.R. **Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidades e uso da madeira**. Colombo: EMBRAPA - CNPF, 1994. 640p.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D.V.; ARAUJO, A. J.; GONÇALES, P.S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v. 35, n. 2, p.381-388, fev., 2000.
- COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. Sidney: CSRO, Division of Forest and Forest Products, 1990. 80p.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES- versão Windows**. Editora UFV. Viçosa, MG. 2001 641p. (Versão 2006.4.1).
- CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. Viçosa, UFV, 2003. 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390p.

- CUNNINGHAM, E. P., MOEN, R. A.; GJEDREM, T. Restriction of selection indexes. **Biometrics**, v. 26, p. 67-74, 1970.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time, **Biometrics**, North Carolina, v.19, p85-97, 1963.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de SILVA, M.; SILVA J. C. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.
- FERREIRA, A. G.; BORGUETTI, F. (org). **Germinação: do básico ao aplicado**. Porto Alegre: Artmed, 2004. 324p.
- FERREIRA, P. V. **Melhoramento de plantas**. V.3: Estimacão dos parâmetros genéticos. Maceió: EDUFAL, 2006.
- FIGLIOLIA, M. B. et al. Análise de sementes. In: AGUIAR, T. B.; PIÑA-ROD, F. C. M.; FIGLIOLIA, M. B (Coord.). **Sementes florestais tropicais**. Brasília, ABRATES, 1993. 350p.
- FILHO, A. N. K.; HIRANO, E.; STURION, J. A.; SOUSA, V. A.; MARZOLLO, L. G.; NICOLOTTI, F.; UKAN, D. Componentes de variância e seleção de genitores a partir de progênies de imbuia – *Ocotea porosa* Nees. Et Martius ex Nees, Lauraceae. **Bol. Pesq. Floretal.**, Colombo, n. 49, p. 121-124, jul./dez, 2004.
- FONSECA, E. P. **Padrão de qualidade de mudas de *Tremma micrantha* (L.) Blume., *Cedrela fissilis* Vell. E *Aspidosperma polyneuron* Müll. Arg. produzidas sob diferentes períodos de sombreamento**. UNESP, 2000. 113 p. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Estadual Paulista.
- GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Brasília: IPEF, 1989. 11p. (Circular técnica, 171).
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, p476-490, 1943.
- IBAMA. **Sementes florestais: colheita, beneficiamento e armazenamento**. Programa florestal, Dezembro, 1998. 26p.
- IPEF. **Melhoramento e conservação genética**. Disponível em: www.ipef.br/mct/MCT_05.htm. Acesso em: 10 de outubro de 2007.
- JAMES, J. W. Index selection with restrictions. **Biometrics**, v. 24, p. 1015-1018, 1968.
- LADEIRA, H. P. **Quatro décadas de Engenharia Florestal no Brasil**. Viçosa: Sociedade de Investigações Florestais, 2002. 207p.
- LORENZI, H. **Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil**. Vol.2. 4ª Edição. Nova Odessa SP: Instituto Plantarum, 2002. 384p.

- MARTINS, E.N.; LOPES, P. S.; SILVA, M. A.; REGAZZI, A. J. **Modelo linear misto**. UFV: Imprensa Universitária, Viçosa, MG, 1993. 46p.
- MARTINS, I. S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis***. Viçosa, UFV, 1999. 94p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) Universidade Federal de Viçosa.
- MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Rev. Árvore**, Viçosa -MG, v.27, n.3, p.327-333, 2003.
- MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, Lavras, v. 12, n. 3, p. 287-291, jul/set. 2006.
- MARTINS, R. C. C. **Germinação e crescimento inicial de três espécies pioneiras do bioma cerrado no Distrito Federal, Brasil**. Viçosa, UFV, 2004. 141p. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) Universidade Federal de Viçosa.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, Alexandria, v.7, p40-51, 1978.
- NASSIF, S. M. L.; PEREZ, S. G. J. G. Efeitos da temperatura na germinação de amendoim-do-campo (*Pterogyne nitens* Tul.). **Rev. bras. Sementes**, v. 22, n. 1, p.1-6, 2000.
- NASSIF, S. M. L.; PEREZ, S. G. J. G. Germinação de sementes de amendoim-do-campo (*Pterogyne nitens* Tul.): influência dos tratamentos para superar a dormência e profundidade de semeadura. **Rev. bras. Sementes**, v. 19, n. 2, p.171-178, 1997.
- NOGUEIRA, J. C. B.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; MORAIS, E.; IWANE, M. S. S. Estudos de progênies e procedências do amendoim *Pterogyne nitens* Tul. **Bol. Téc. Inst. Flo.**, São Paulo, V. 40_A, especial Pt. 2, p.357-366, dez. 1986.
- OLIVEIRA, A. N.; SILVA, A. C.; ROSADO, S. C. S.; RODRIGUES, E. A. C. Variações genéticas para características do sistema radicular de mudas de baru (*Dipteryx alata* Vog.). **Rev. Árvore**, Viçosa-MG, v.30, n.6, p.905-909, 2006.
- PAULA, R. C. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. Viçosa: UFV, 1997. 74p. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- PAULA, R. C.; PIRES, I. E.; BORGES, R. C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.37, p. 159-165, fev. 2002.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Can. J. Plant. Sci.**, Ottawa, v.49, p803-804, 1969.

- PIRES, I. E. **Eficiência da Seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** Viçosa: UFV, 1996. 116p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) Universidade Federal de Viçosa.
- POPINIGIS, F. **Fisiologia das sementes.** Brasília: AGIPLAN, 1977. 289p.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Embrapa, Informação Tecnológica, Brasília, DF, 2002.
- ROMANELLI, R. C.; SEBBENN, A. M. Parâmetros genéticos e ganhos na seleção para produção de resina em *Pinus elliottii* var *elliotti*, no sul do Estado de São Paulo. **Rev. Inst. Flor.** São Paulo, v. 16, n. 1, p. 11-23, jun. 2004.
- SALGADO, M. A. S.; REZENDE, A. V.; FELFILI, J. M.; FRANCO, A. C.; SOUSA-SILVA, J. C. Crescimento e repartição de biomassa em plântulas de *Copaifera langsdorffii* Desf. submetidas a diferentes níveis de sombreamento em viveiro. **Brasil Florestal**, Nº 70, p 13- 21, junho de 2001.
- SAMPAIO, P. T. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAUJO, A. J. Estimativas de parâmetros genéticos e métodos de seleção para o melhoramento genético de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.35, n.11, p.2243-2253, nov. 2000.
- SILVA, L. M. M.; MATOS, V. P.; PEREIRA, D. D.; LIMA, A. A. Morfologia de frutos, sementes e plântulas de *Luetzelburgia auriculata* DUCK (Pau-serrote) e *Pterogyne nitens* Tul. (Madeira nova do brejo) – Leguminosae. **Rev. bras. Sementes**, v. 17, n. 2, p. 154-159, 1995.
- SILVA, M. A. **Melhoramento animal** (Métodos de seleção). Imprensa Universitária, Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 1982. 51p.
- SILVA, P. H. **Produção de Mudanças e Recomendações de Adubação no Viveiro.** IPEF, 2005. Disponível em: <http://www.ipef.br/silvicultura/producaomudas.asp>. Acesso em: 30 de outubro de 2007.
- SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Ann Eugen.**, v.7, p240-250, 1936.
- SOBRE BRASÍLIA: **História.** Disponível em: www.olacefs.gov.br/html/sobr_bsb_port. Acesso em: 26 de outubro de 2007.
- TAI, G. C. C. Index selection with desired gains. **Crop. Sci.**, v. 17, p. 182-183, 1977.
- TALLIS, G. M. A selection index for optimum genotype. **Biometrics**, v. 18, p. 120-122, 1962.
- VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética. 1992. 486p.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, North Carolina, v. 18,
p. 375-393, 1962.

APÊNDICES

A – GLOSSÁRIO

Alogamia: fertilização cruzada; tipo de reprodução sexual com mais de 40% de polinização cruzada (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Família: termo que define as matrizes e seus descendentes.

Ganho ou progresso de seleção: ganho obtido quando se melhora para a característica em seleção de uma geração para outra (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Germinação epígea: nesse tipo de germinação os cotilédones são elevados acima do nível do solo pelo alongamento do hipocótilo.

Germinação faneocotiledonar: os cotilédones saem por completo do tegumento.

Heterose: vigor híbrido. É a medida da superioridade do F1 em relação à média dos seus pais (CRUZ, 2005).

Parâmetro: é a quantidade numérica que especifica a população no que diz respeito a uma característica (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Pleiotropia: capacidade de um gene afetar duas ou mais características, sejam eles relacionados positivamente ou negativamente (FALCONER, 1987).

Progênies: descendentes, filhos.

**B - LOCALIZAÇÃO E COORDENADAS GEOGRÁFICAS DAS
MATRIZES ESTUDADAS NESTE TRABALHO (DATUM: WGS 84),
NO DISTRITO FEDERAL.**

Matriz	Coordenadas geográficas		Local
1	S 15° 46' 09,7"	W 47° 52' 03,7"	Faculdade de Saúde - UnB
2	S 15° 46' 08,3"	W 47° 52' 02,5"	Faculdade de Saúde – UnB
3	S 15° 46' 11,4"	W 47° 52' 00,4"	Faculdade de Saúde – UnB
4	S 15° 45' 59,6"	W 47° 52' 00,4"	Faculdade de Saúde – UnB
5	S 15° 46' 09,0"	W 47° 51' 57,5"	Faculdade de Saúde – UnB
6	S 15° 45' 24,3"	W 47° 52' 07,1"	Faculdade de Saúde – UnB
7	S 15° 48' 13,0"	W 47° 54' 20,0"	Parque da Cidade
8	S 15° 48' 11,2"	W 47° 54' 18,0"	Parque da Cidade
9	S 15° 48' 02,6"	W 47° 54' 28,8"	Parque da Cidade
10	S 15° 46' 52,7"	W 47° 52' 24,5"	Avenida L2 Norte – 602
11	S 15° 46' 52,3"	W 47° 52' 25,1"	Avenida L2 Norte – 602
12	S 15° 56' 53,2"	W 47° 52' 24,5"	Avenida L2 Norte – 602
13	S 15° 45' 31,9"	W 47° 52' 22,6"	Faculdade de Adm. – UnB
14	S 15° 48' 03,1"	W 47° 53' 13,9"	Hospital de Base – 301 Sul
15	S 15° 46' 16,8"	W 47° 52' 30,6"	Avenida L2 Norte - HUB
16	S 15° 50' 19,5"	W 47° 55' 14,3"	Avenida L2 Sul - 416
17	S 15° 50' 08,2"	W 47° 54' 56,9"	Avenida L2 Sul - 414
18	S 15° 50' 03,6"	W 47° 54' 54,4"	Avenida L2 Sul - 414
19	S 15° 50' 03,8"	W 47° 54' 49,9"	Avenida L2 Sul – 414/614
20	S 15° 50' 00"	W 47° 54' 44,4"	Avenida L2 Sul – 413/613
21	S 15° 49' 16,2"	W 47° 53' 43,9"	Avenida L2 Sul – 407/607
22	S 15° 48' 03,0"	W 47° 53' 13,3"	Hospital de Base – 301 Sul
23	S 15° 48' 27,8"	W 47° 52' 55,1"	Avenida L2 Sul – 402/602
24	S 15° 48' 13,2"	W 47° 52' 45,7"	Setor de Autarquias Sul
25	S 15° 48' 11,8"	W 47° 52' 45,1"	Setor de Autarquias Sul
26	S 15° 48' 11,1"	W 47° 52' 43,6"	Setor de Autarquias Sul
27	S 15° 48' 30,3"	W 47° 53' 12,3"	Asa Sul – 402/403

28	S 15° 48' 32,8"	W 47° 53' 15,1"	Asa Sul - 403
29	S 15° 48' 38,7"	W 47° 53' 20,2"	Asa Sul – 204/404
30	S 15° 48' 51,8"	W 47° 53' 57,4"	Eixo W Sul – 106/107
31	S 15° 48' 53,0"	W 47° 53' 57,3"	Eixo W Sul – 106/107
32	S 15° 49' 40,5"	W 47° 55' 18,8"	Avenida W1 Sul - 314
33	S 15° 49' 40,1"	W 47° 55' 19,9"	Avenida W1 Sul - 314
34	S 15° 49' 14,4"	W 47° 54' 43,5"	Avenida W1 Sul - 311
35	S 15° 49' 14,9"	W 47° 54' 40,1"	Avenida W1 Sul – 110/111
36	S 15° 48' 21,0"	W 47° 53' 37,4"	Avenida W1 Sul – 103
37	S 15° 48' 05,1"	W 47° 53' 23,0"	Hospital de Base – 301 Sul
38	S 15° 48' 05,9"	W 47° 53' 22,0"	Hospital de Base – 301 Sul
39	S 15° 48' 08,3"	W 47° 53' 18,6"	Hospital de Base – 301 Sul
40	S 15° 48' 07,6"	W 47° 53' 17,1"	Hospital de Base – 301 Sul

**C - MATRIZES SELECIONADAS PELA SELEÇÃO COMBINADA
NOS DIFERENTES PERÍODOS DE MEDIÇÃO**

Medições	Matriz (nº de mudas)
NF1	1 (5), 2 (4), 3 (14), 4 (14), 5 (17), 6 (1), 7 (3), 10 (5), 11 (8), 12 (4), 13 (4), 14 (3), 15 (6), 16 (4), 17 (1), 18 (1), 20 (10), 21 (1), 22 (1), 24 (3), 25 (4), 26 (6), 27 (7), 31 (7), 32 (14), 33 (2), 34 (7), 35 (14), 36 (1), 37 (2), 38 (5), 40 (3)
NF2	1 (7), 2 (8), 3 (21), 4 (13), 5 (8), 6 (3), 7 (9), 8 (3), 9 (1), 10 (10), 11 (13), 12 (2), 13 (9), 14 (8), 15 (10), 16 (11), 17 (6), 18 (5), 19 (2), 20 (12), 21 (2), 26 (4), 27 (1), 31 (3), 32 (3), 33 (1), 34 (2), 35 (3), 36 (3), 37 (1), 38 (2), 39 (1)
NF3	2 (7), 3 (18), 4 (9), 5 (12), 6 (4), 7 (2), 8 (1), 10 (7), 11 (7), 12 (2), 13 (4), 14 (2), 15 (1), 16 (1), 17 (1), 18 (1), 19 (1), 20 (7), 21 (3), 22 (6), 23 (1), 24 (1), 25 (2), 26 (6), 27 (9), 28 (2), 29 (2), 31 (10), 32 (16), 34 (8), 35 (12), 36 (6), 37 (3), 38 (2), 39 (1), 40 (4)
NF4	1 (2), 2 (13), 3 (18), 4 (11), 5 (7), 7 (3), 8 (2), 10 (8), 11 (7), 12 (1), 13 (4), 14 (4), 15 (5), 16 (6), 17 (2), 20 (9), 21 (2), 22 (8), 25 (1), 26 (5), 27 (8), 28 (1), 29 (2), 31 (10), 32 (17), 34 (5), 35 (13), 36 (3), 37 (2), 38 (1), 40 (3)
ALT1	1 (3), 2 (6), 3 (15), 4 (6), 5 (21), 6 (1), 7 (5), 9 (2), 10 (3), 13 (4), 14 (9), 15 (2), 16 (2), 17 (4), 19 (1), 20 (8), 21 (6), 22 (2), 23 (1), 24 (7), 25 (5), 26 (1), 27 (1), 29 (8), 31 (1), 32 (11), 33 (9), 34 (6), 35 (16), 36 (10), 37 (9), 40 (2)
ALT2	1 (4), 2 (4), 3 (15), 4 (8), 5 (16), 6 (1), 7 (12), 8 (6), 9 (4), 10 (4), 11 (6), 12 (1), 13 (7), 14 (7), 15 (11), 16 (9), 17 (5), 18 (1), 19 (7), 20 (9), 21 (3), 22 (2), 23 (2), 24 (2), 25 (5), 26 (1), 27 (1), 29 (1), 30 (1), 31 (2), 32 (3), 33 (12), 34 (3), 35 (4), 36 (4), 37 (7), 38 (3)
ALT3	1 (2), 2 (4), 3 (12), 4 (6), 5 (17), 6 (1), 7 (6), 8 (3), 9 (3), 10 (4), 11 (6), 12 (1), 13 (7), 14 (7), 15 (6), 16 (6), 17 (1), 19 (2), 20 (6), 21 (6), 22 (4), 23 (2), 24 (4), 25 (5), 26 (3), 27 (2), 28 (1), 29 (3), 31 (2), 32 (8), 33 (10), 34 (11), 35 (12), 36 (5), 37 (8), 38 (1)
ALT4	1 (1), 2 (3), 3 (16), 4 (4), 5 (20), 6 (2), 7 (5), 9 (2), 10 (5), 11 (10), 12 (2), 13 (4), 14 (8), 15 (7), 16 (8), 19 (2), 20 (7), 21 (8), 22 (8), 23 (1), 24 (3), 25 (2), 26 (2), 27 (1), 29 (3), 32 (10), 33 (2), 34 (10), 35 (15), 36 (6), 37 (8), 39 (10), 40 (1)
DC1	1 (4), 2 (6), 3 (12), 4 (7), 5 (15), 6 (2), 7 (5), 8 (1), 9 (3), 10 (6), 11 (8), 12 (3), 13 (8), 14 (10), 15 (2), 16 (3), 18 (7), 19 (3), 20 (8), 21 (8), 25 (8), 26 (2), 28 (3), 29 (3), 32 (11), 33 (5), 34 (4), 35 (12), 36 (5), 37 (6), 40 (2)
DC2	1 (5), 2 (5), 3 (16), 4 (9), 5 (16), 7 (5), 8 (3), 9 (3), 10 (4), 11 (14), 12 (4), 13 (6), 14 (6), 15 (6), 16 (5), 17 (2), 18 (2), 19 (3), 20 (17), 21 (6), 22 (2), 23 (1), 24 (1), 25 (3), 26 (1), 29 (5), 31 (1), 32 (5), 33 (6), 34 (3), 35 (7), 36 (4), 37 (5), 40 (1)
DC3	1 (3), 2 (5), 3 (15), 4 (5), 5 (16), 7 (4), 8 (1), 9 (3), 10 (5), 11 (11), 12 (4), 13 (4), 14 (7), 15 (3), 16 (5), 17 (3), 18 (1), 19 (2), 20 (15), 21 (5), 22 (7), 23 (2), 24 (3), 25 (3), 26 (2), 27 (1), 29 (6), 31 (3), 32 (4), 33 (8), 34 (4), 35 (8), 36 (5), 37 (5), 39 (1), 40 (2)

DC4	1 (2), 2 (5), 3 (15), 4 (6), 5 (16), 7 (4), 8 (3), 9 (3), 10 (2), 11 (14), 12 (4), 13 (5), 14 (9), 15 (7), 16 (3), 17 (2), 19 (1), 20 (16), 21 (7), 22 (7), 23 (1), 25 (1), 26 (3), 27 (1), 29 (5), 31 (3), 32 (6), 33 (6), 34 (3), 35 (8), 36 (7), 37 (7), 39 (2), 40 (1)
-----	--

NF1, NF2, NF3 e NF4: número de folíolos, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias; ALT1, ALT2, ALT3 e ALT4: altura, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias; DC1, DC2, DC3, DC4: diâmetro do coleto, respectivamente aos 60, 105, 150 e 195 dias.